

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Evaluación de Cruzas de Prueba en Maíz, a través de Diferentes Ambientes
en el Estado de Sinaloa

Por:

ROBERTO SÁNCHEZ TIRZO

Tesis

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Saltillo, Coahuila, México

Junio, 2013

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Evaluación de Cruzas de Prueba en Maíz, a través de Diferentes Ambientes
en el Estado de Sinaloa

Por:


ROBERTO SÁNCHEZ TIRZO

Tesis


Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN


Aprobada



Dr. Humberto De León Castillo
Asesor Principal



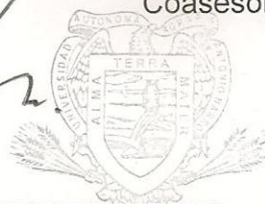
M.C. Cirilo Cahuare Ramos
Coasesor



Ing. Raúl Gándara Huitrón
Coasesor



Dr. Leobardo Bañuelos Herrera
Coordinador de la División de Agronomía



División de Agronomía

AGRADECIMIENTOS

A Dios nuestro señor por permitir la culminación de una meta mas en mi vida.

A mi Alma Mater la Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro” por abrirme sus puertas y brindarme una educación de calidad.

Mi más sincero agradecimiento al Dr. Humberto De León Castillo por su apoyo, consejos, paciencia y sus valiosas sugerencias para la formación de este trabajo.

Al MC. Cirilo Cahuare Ramos y al Ing. Raúl Gándara Huitrón por su colaboración, disposición y sugerencias para la revisión de este trabajo.

Al Dr. Santos Gonzalez Ledesma por brindarme la oportunidad de evaluar el germoplasma que maneja es su programa.

Al MC. Daniel Samano Garduño, por sus sabias opiniones y consejos.

A todos mis amigos y compañeros sinceramente gracias.

DEDICATORIA

A mi Madre:

Por Darme el regalo maspreciado que es la vida, y que día a día aboga por este, su hijo, implorando a dios que me cuide y proteja.

A mis Hermanos:

Con quienes he pasado momentos de alegría y tristeza; por todo su cariño, confianza y apoyo incondicional.

ÍNDICE DE CONTENIDO

Pág.

ÍNDICE DE CUADROS.....	viii
ÍNDICE DE FIGURAS.....	x
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivos.....	4
Hipótesis.....	5
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	6
Progenitores de Híbridos.....	6
Aptitud Combinatoria (AC).....	7
Probador.....	9
Línea x Probador.....	10
Interacción Genotipo – Ambiente (IGA).....	12
Análisis de Regresión en los Sitios (SREG).....	14
Índices de Selección (IS).....	16
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	18
Material genético.....	18
Formación de cruzas de prueba.....	19

Descripción de la parcela experimental.....	19
Descripción de las localidades de evaluación.....	20
Labores culturales.....	21
Preparación del terreno.....	21
Siembra.....	21
Fertilización.....	22
Riegos.....	22
Control de malezas.....	22
Control de plagas.....	23
Cosecha.....	23
Variables agronómicas de interés.....	23
Floración masculina y femenina (FM y FH) en GDU (growing degree units) o unidades de calor.....	23
Por ciento de humedad (%H).....	24
Peso en campo (PC).....	24
Rendimiento (REND).....	24
Análisis estadístico.....	25
Índice de Selección.....	26
Análisis de regresión en los sitios (SREG).....	29
Diseño Genético (Línea x Probador).....	31
Criterios de selección.....	33

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	34
Análisis de varianza general.....	34
Selección de híbridos para rendimiento de grano mediante el modelo SREG	40
Análisis de línea x probador.....	43
Discriminación de líneas en base a probadores mediante el modelo SREG	46
Selección de líneas en base a IS de valores genotípico.....	49
Selección de Probadores en base a IS de valores genotípicos...	50
Selección de Híbridos en base a IS de valores genotípicos.....	51
V. CONCLUSIONES.....	53
VI. RESUMEN.....	55
VII. LITERATURA CITADA.....	57

INDICE DE CUADROS

Cuadro	Descripción	Página
3.1	Líneas y Probadores utilizados en la formación de las cruzas de prueba y los testigos.	18
3.2	Ubicación geográfica y altitud de las localidades de evaluación.	20
3.3	Fechas de siembra en cada localidad.	21
3.4	Metas e intensidades para el cálculo de IS de ACG de líneas y probadores; y ACE para las cruzas de prueba.	29
4.1	Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para rendimiento.	35
4.2	Medias de rendimiento de genotipos y ambientes de prueba.	37
4.3	Rendimiento medio de 10 ambientes en una prueba de rango múltiple.	38
4.4	Rendimiento medio de 16 híbridos prometedores en 10 ambientes.	39
4.5	Cuadrados medios del análisis de varianza de línea x probador para cuatro variables.	44
4.6	Valores de ACG de cuatro variables y valores de IS de 12 genotipos (líneas).	49

4.7	Valores de ACG de cuatro variables y valores de IS de 12 Probadores.	50
4.8	Aptitud combinatoria específica (ACE) de cuatro variables y valor de índice.	51

INDICE DE FIGURAS

Figura	Descripción	Página
4.1	<p>Biplot GGE. Patrón de respuesta de la IGA de los 148 híbridos en 10 localidades; CP1 y CP2= Primero y segundo componente; A1= El Carrizo; A2= Ahome; A3= Guasave; A4= Santa Blanca; A5= San Rafael; A6= Angostura; A7= Villa Juárez; A8= Culiacancito; A9= Costa Rica; A10= Quila.</p>	41
4.1A	<p>Proyección del recuadro de la figura 4.1 donde se aprecia el comportamiento de los híbridos y los testigos evaluados; T1= P3030W; T2= P2837W; T3= ASGGarañón; T4= ASGCebú; numero corresponde a la clave del híbrido experimental.</p>	42
4.2	<p>Biplot GGE. Patrón de respuesta interacción L x P de las 12 líneas y los 12 probadores ; CP1 y CP2= Primero y segundo componente; L1= SSSG6; L2= SSSG7; L3= SSSG8; L4=SSSG9; L5= SSSGA; L6= SSSGB; L7= SSSGC; L8= SSSGD; L9= SSSGE; L10= SSSGF; L11= SSSGG; L12= SSSJ4; P1= NSS0E; P2= NSSGD; P3= NSSGZ; P4= NSSJV; P5= NSSJZ; P6= NSSK2; P7= NSSK4; P8= NSSKZ; P9= NSSM5; P10= NSSM9; P11= NSSRV; P12= NSSVJ.</p>	47

I. INTRODUCCIÓN

El maíz es la especie cultivada más importante en México debido al impacto social que tiene, así como por su superficie sembrada. En el 2009 se sembraron 7.7 millones de hectáreas de maíz para grano, de las cuales solo se cosecharon 6.2 con un rendimiento medio de 3.24 t ha^{-1} y una producción total de 20.1 millones de toneladas (SAGARPA, 2009). Pero aún así no somos autosuficientes, razón por la cual se requiere tener mayor producción.

La posibilidad de incrementar la superficie dedicada a este cultivo es casi nula, así que la mejor opción es aumentar la productividad mediante el uso eficiente de los recursos disponibles; entre ellos el material genético mejorado ofrece una de las mejores opciones para lograr este propósito (García *et al.*, 2002).

Actualmente el aumento del rendimiento en maíz es gracias al uso de semilla mejorada, por esta razón los productores optan por sembrar semilla híbrida principalmente para satisfacer la gran demanda de grano en el mercado. Debido al debilitamiento de los programas nacionales de investigación para satisfacer la demanda de semilla mejorada, crecen las empresas privadas transnacionales como lo es *PIONEER*, que busca generar híbridos que reúnan las características deseables.

En la presente década el enfoque principal del mejoramiento genético de maíz en el sector oficial ha sido hacia la producción de híbridos simples, buscando el aprovechamiento de la máxima expresión de heterosis en los mismos para tratar de compensar con mayor rendimiento el diferencial de precios entre el maíz nacional y el importado (Alfaro y Segovia, 2007).

Bejarano (2003) indicó que el rendimiento de maíz se podría incrementar utilizando híbridos simples mediante el desarrollo de líneas endogámicas más vigorosas y productivas. No obstante, se debe tener en cuenta que la producción de semilla híbrida es más costosa que la multiplicación de la línea pura o de cultivares de polinización abierta. Por lo tanto, el comportamiento de un híbrido debe ser lo suficientemente superior al de otros tipos de cultivares disponibles del cultivo, para que justifique el costo de producción de la semilla híbrida (Ferh, 1993). En consecuencia, el objetivo principal del programa es desarrollar híbridos simples de maíz con características agronómicas superiores seleccionando el híbrido simple más rendidor y estable a través de los ambientes evaluados.

El comportamiento de cruzamientos de prueba depende de la habilidad combinatoria general asociada a efectos aditivos y de la habilidad combinatoria específica que depende de diferencias en frecuencias génicas para alelos con dominancia parcial a completa entre el material probado y los probadores (Nestares *et al.*, 1999).

Es necesario tener varios tipos de probadores bien definidos para poder separar nuevas líneas en diferentes grupos heteróticos y tener una buena manipulación en formación de híbridos más eficientes (Vasal *et al.*, 1994).

La empresa *PIONEER* en su programa de mejoramiento de maíz para el noroeste del país, particularmente para el estado de Sinaloa, cuenta con un grupo importante de líneas que pueden ser usadas en la formación de nuevos híbridos.

El presente estudio tiene la finalidad de evaluar una serie de híbridos simples de la empresa *PIONEER* producto de las cruzas de líneas de reciente identificación con probadores complementarios (del grupo heterótico opuesto), para estimar su potencial de rendimiento y el valor genético de los progenitores que participan, persiguiendo los siguientes objetivos.

OBJETIVO GENERAL

Determinar las cruzas de prueba con mayor potencial agronómico, así como el ambiente y el probador con mayor poder de discriminación entre líneas.

OBJETIVOS ESPECIFICOS

- 1) Evaluación de 144 cruzas de prueba de maíz en 10 ambientes de interés en Sinaloa, para seleccionar los de mayor potencial agronómico y estables apoyándonos con el modelo SREG.
- 2) Clasificar los ambientes de evaluación por su capacidad de discriminar genotipos y descubrir que ambientes son los más representativos en Sinaloa.
- 3) Estimar el valor genético de las líneas en base a su ACG e identificar probadores con mayor poder de discriminación.

HIPÓTESIS

- a) La evaluación de los híbridos en varios ambientes, proporcionara información que permita la identificación de los híbridos y progenitores potenciales y estables.

- b) El efecto de los probadores permitirá la identificación de líneas que servirán para formar híbridos.

- c) Algún ambiente de prueba tendrá más poder de discriminación con respecto a los demás, incluso pudiera haber ambientes que no pertenezcan al mismo mega-ambiente.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Progenitores de Híbridos

Un objetivo importante de los programas de mejoramiento de maíz es el desarrollo y el uso de líneas puras (Dhliwayo *et al.*, 2009). Su formación, no es únicamente para crear híbridos sino que también para implantar nuevas fuentes de germoplasma que tengan una mayor utilidad. Hay algunos aspectos que deben poseer estas fuentes de germoplasma tales como tolerancia a endocría, buena aptitud combinatoria (AC), valioso comportamiento en cruzamientos con materiales de grupo heterótico opuesto y características agronómicas deseables (Vasal *et al.*, 1994).

Generalmente la formación de este germoplasma por medio de la autofecundación es un proceso fácil de realizar; sin embargo, cuando su número es grande, su evaluación es un problema crítico (Vergara *et al.*, 2005).

El mejoramiento de líneas es un proceso sistemático en el que se involucran diferentes y nuevas metodologías de selección, mediante las cuales se descartan algunas líneas en las primeras etapas de selección con base a su apariencia fenotípica, y más tarde por su aptitud combinatoria como resultado de pruebas tempranas (Vergara *et al.*, 2003).

García *et al.*, (2002) sugiere de que las evaluaciones de líneas *per se* y las pruebas de mestizos se hagan simultáneamente para seleccionar con mayor precisión las líneas prometedoras.

Aptitud Combinatoria (AC)

El valor de cualquier población depende de su potencial por sí mismo y su capacidad de combinar en los cruzamientos. El análisis de aptitud combinatoria permite la elección de los padres en la población, así como para su inclusión en los programas de mejoramiento, ya que pueden contribuir con alelos superior en las nuevas poblaciones (Vacaro *et al.*, 2002).

El concepto de aptitud combinatoria es importante en el diseño de los programas de fitomejoramiento. Es especialmente útil en los procedimientos de prueba, donde se desea estudiar y comparar el rendimiento de las líneas en combinaciones híbridas (Panhwar *et al.*, 2008).

La aptitud combinatoria o la productividad en los cruzamientos se define como la capacidad de los padres o cultivares de combinar entre sí durante el proceso de hibridación por lo que los genes favorables/caracteres se transmiten a sus descendientes (Panhwar *et al.*, 2008).

Hay dos tipos de aptitud combinatoria, general (ACG) y específica (ACE), han sido reconocidos en la genética cuantitativa. La primera se define como el rendimiento promedio de una línea en una serie de cruzas, mientras que la segunda se define como la desviación en el desempeño de los híbridos de la productividad esperada basada en la rentabilidad media de las líneas afectadas en la combinación híbrida (Panhwar *et al.*, 2008)

La ACE indica los efectos de genes de tipo no-aditivo (dominancia y/o epistasis). La variación genética no aditiva puede ser explotada con éxito para el desarrollo de híbridos (Okoh *et al.*, 2007). Cuando la ACG es más importante que la ACE indica alta varianza aditiva, lo que sugiere el proceso genético por selección. (Imran *et al.*, 2004).

Viana y Matta (2003) mencionan que los efectos de ACG permiten la identificación de los padres superiores, que se utilizarán dentro del programa de mejoramiento.

Sierra *et al.*, (2000) y Welcker *et al.*, (2005) señalan que es necesario discriminar líneas en base a su buena ACG y ACE y a su comportamiento *per se* desde el punto de vista de su rendimiento, adaptación y producción de semilla.

Probador

La definición de un buen probador depende del objetivo del programa de mejoramiento. En programas de desarrollo de líneas es la que clasifica correctamente y discrimina el potencial relativo de las líneas en las cruzas (Rissi y Hallauer 1991).

La elección de probadores apropiados es un tema complejo en el mejoramiento genético de cultivos debido al tipo de herencia de los caracteres en estudio y a las interacciones entre genotipos y ambientes (De la Cruz *et al.*, 2008).

Allison y Curnow (1966) mencionan que el mejor probador es el que contiene todos los genes recesivos para el carácter de interés. Mientras que Rissi y Hallauer (1991) clasifican y comparan de la siguiente manera: probadores de estrecha o amplia base genética, probadores que están relacionados o no a las líneas que se evalúan, los probadores que tienen una alta o una baja frecuencia de alelos favorables, y probadores que tienen ya sea alto o bajo rendimiento *per se*.

Mendoza *et al.*, (2000), menciona que con el uso de diferentes probadores se obtiene la máxima información, logrando seleccionar el germoplasma deseado y cultivares comerciales a corto plazo (híbridos).

El desarrollo de estos materiales es importante en las diferentes etapas de formación de líneas, ya que el propósito principal es identificar con éxito las líneas no relacionadas con el (Vasal *et al.*, 1994).

El uso de probadores y la evaluación *per se* de líneas representa una estrategia metodológica alternativa en la selección de líneas para formar híbridos, ya que permite dirigir de manera eficiente los cruzamientos de las líneas y así lograr las mejores combinaciones híbridas (Vasal *et al.*, 1994; Sierra *et al.*, 2004).

Los mejoradores necesitan más información sobre la selección de probadores para identificar líneas y de métodos más fáciles de usar para estudiar la aptitud combinatoria general y específica de los genotipos (Narro *et al.*, 2003).

Línea x Probador

Griffing (1956) estableció cuatro métodos de diseños dialelicos para estimar la aptitud combinatoria general y específica de las líneas, los cuales son adecuados cuando el número de progenitores es reducido, pero cuando este se incrementa el procedimiento es más difícil. Para solucionar lo anterior, se propuso el método de mestizos, el cual utiliza una amplia base de genotipos usando un probador para determinar la aptitud combinatoria general de las

líneas. Mientras que, el análisis líneas x probador, es una extensión del método anterior, en el cual varios probadores son utilizados, proporcionando información de ACG y ACE, y además estima varios tipos de efectos génicos (Singh y Chaudhary 1985).

El diseño de apareamiento línea x probador, sugerido por Kempthorne (1957) ha sido ampliamente utilizado para aparear plantas de polinización cruzada y autogamas, el método permite identificar a los mejores padres y las mejores cruzas, también estima la aptitud combinatoria de los genotipos. (Ahmed *et al.*, 2003, Kempthorne, 1957).

Vergara *et al.*, (2005) utilizó el análisis Línea x Probador para examinar la aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) entre veinte líneas de maíz del CIMMYT y seis líneas del IMM usadas como probadores, de las cuales se observaron importantes combinaciones heteróticas entre las cruzas, determinando su uso en un programa de hibridación.

Owolade (2006) incluyó en su estudio cuatro variedades del Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA) utilizados como líneas y siete variedades criollas utilizadas como probadores con varios niveles de resistencia a *Colletotrichum gloeosporioides f. sp. Manihotis*, se cruzaron en un diseño de apareamiento Línea x Probador para determinar la ACG, ACE y seleccionar los mejores padres y sus capacidades relativas de herencia para la resistencia a antracnosis.

Interacción Genotipo – Ambiente (IGA)

En programas de mejoramiento genético, la búsqueda de genotipos con alto rendimiento de grano adaptado en los ambientes más variados es uno de los objetivos más importantes para los mejoradores. Para ello, la elección de las poblaciones que muestran la homeostasis genética es fundamental para el aumento de los rendimientos (Balestre *et al.*, 2009).

Los factores tanto bióticos y abióticos, se dice que son los principales contribuyentes de IGA y la inestabilidad del rendimiento en los cultivos. Sin embargo, estos factores no son totalmente conocidos pero en parte puede explicarse la mayoría de la interacción en los ensayos multiambientales (Ferreira *et al.*, 2006).

La IGA es cada vez más importante, porque la orientación de los programas de mejoramiento tienden a ser más internacionales (Alwawi *et al.*, 2010). Por ello para tener una vasta aceptación, un genotipo debe mostrar un buen rendimiento en una amplia gama de entornos. (Acikgoz *et al.*, 2009). Es por eso que se realizan unas rigurosas evaluaciones del desempeño de los genotipos a través de localidades y años, sobre todo en la fase final del proceso de desarrollo de híbridos (Asfaw *et al.*, 2009).

Si no hay interacción del genotipo x ambiente, la selección de los genotipos superiores se basará en el rendimiento medio. Sin embargo, si existe interacción genotipo x ambiente, la selección del genotipo sería más difícil porque su comportamiento a través de ambientes puede variar (Sholihin 2009).

Yan *et al.*, (2000) menciona que este fenómeno es comúnmente observada como una clasificación diferencial de rendimientos entre el genotipo, localidades y años. Aunque el rendimiento es el resultado de los efectos del genotipo (G), del ambiente (A) y de la interacción genotipo-ambiente, solamente el efecto principal de G y la interacción GA son de relevancia en la evaluación. El objetivo principal es por lo general, identificar cultivares superiores para la región de destino. Un secundario, pero importante, es el conocimiento de la región de destino y, en particular, determinar si la región de destino puede ser subdividida en diferentes mega-ambientes.

La clasificación de ambientes deberá basarse inicialmente en la discriminación por medio del rendimiento unitario y posteriormente en la interacción genotipo x ambiente. En el primer caso es posible aplicar un análisis de varianza o de agrupamiento sin transformación de datos. En el estudio de la interacción el método con mayores ventajas es el Análisis de Regresión en los Sitios (Rodríguez *et al.*, 2005).

Análisis de Regresión en los Sitios (SREG)

Nuevos genotipos generalmente necesitan ser probados en muchos lugares y por varios años antes de ser recomendados para la producción en una zona determinada. Para lograr este objetivo, los ensayos de varios ambientales se llevan a cabo cada año para todos los cultivos más importantes del mundo con el fin de identificar genotipos superiores de los lugares de destino. En la mayoría de los casos, la IGA se observa y debe ser modelado e interpretado (Sabaghnia *et al.*, 2008).

Diferentes metodologías se han desarrollado y/o mejorados para evaluar la adaptabilidad y estabilidad. La mayoría de los mejoradores de plantas han hecho uso de regresión lineal método propuesto por Eberhart y Russell (1966) para interpretar la interacción genotipo y ambiente.

Entre los métodos de análisis multivariante los investigadores han dado un gran impulso a las aplicaciones de los Biplot en diversos campos de la ciencia, se basa principalmente en la posibilidad de poder visualizar con alta confiabilidad, en gráficos bidimensionales, las relaciones existentes entre grandes conjuntos de datos (Cárdenas *et al.* 2006).

El modelo SREG se utiliza para al análisis de datos provenientes de ensayos de rendimientos multi-ambientales, en especial cuando el ambiente es la fuente de variación mas importante en relación con la contribución del

genotipo y la interacción genotipo-ambiente (IGA). Este modelo, que incluye en el termino bilineal GGE grafico que permite identificar el genotipo de mayor potencial en cada ambiente, agrupar genotipos y ambientes con patrones similares de respuesta (Ibáñez *et al.*, 2006).

El biplot GGE se constituye a partir de los primeros dos componentes principales (CP) del modelo SREG. El primer componente, cuando se encuentra altamente correlacionado con el efecto principal de genotipo, representa la proporción del rendimiento que se debe solo a las características del genotipo. El segundo componente representa la parte del rendimiento debida a la interacción genotipo-ambiente. Los genotipos cercanos entre sí en el biplot GGE presentan patrones similares de respuesta a través de los ambientes. Los ambientes cercanos entre sí, dado por el ángulo agudo entre sus vectores, indican asociación ambiental positiva, es decir, patrones similares de respuesta en el comportamiento relativo de un conjunto de genotipos. La ausencia de asociación entre ambientes es dada por el ángulo recto entre sus vectores y la asociación negativa por el ángulo obtuso (Yan *et al.*, 2000)

Sabaghnia *et al.* (2008) realizó un estudio en 11 genotipos de lenteja (*Lens culinaris M.*) a través de 20 entornos en Irán, para seleccionar cultivares con amplia adaptabilidad a través de diversos ambientes. Se analizó la estabilidad usando el modelo de regresión en los sitios (SREG). La técnica Biplot facilita una evaluación visual de los genotipos superiores, lo cual es útil

para la recomendación del cultivar e identificación de mega-ambientes. El mejor genotipo en un lugar no siempre fue así en los otros lugares de prueba. De acuerdo con el Biplot el genotipo G5, resulto ser el mejor que todos los otros genotipos; el G5 exhibido tanto el rendimiento promedio más alto y la más alta estabilidad de rendimiento en los entornos.

Índices de Selección (IS)

Las metodologías de selección empleadas en maíz por los fitomejoradores se basan principalmente en el rendimiento y no siempre conducen al éxito deseado, la selección podría ser más efectiva si se tomaran simultáneamente otros caracteres (Celis et al., 1986).

Hoy en día existen varios métodos de selección simultánea de varios caracteres, y los tres de mayor importancia son: selección en tándem, selección simultánea de caracteres independientes e índices de selección (IS) cada método tiene una eficiencia diferente y el que proporcione la ganancia genética por unidad de tiempo y esfuerzo es el mejor (Hazel y Lush, 1942; Baker, 1996; Henning y Teuber, 1996).

El índice de selección es una función lineal del valor genético de dos o más caracteres, cada una con un peso acorde con el valor económico preasignado (Becker, 1985). La superioridad de la selección efectuada por IS

aumenta conforme lo hace el número de caracteres que se desea mejorar. Para establecer un IS se considera la heredabilidad de las características involucradas, la importancia económica de estos caracteres y sus correlaciones genéticas y fenotípicas (Rúales *et al.*, 2007).

El uso de software para realizar selección en la evaluación de genotipos en base a varias características simultáneamente es una opción eficaz y confiable para la identificación de los genotipos superiores. El programa de índices de selección desarrollado en CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo) y publicado por Berreto *et al.*, (1991) produce un parámetro denominado índice que integra de forma numérica distintas características cuantitativas según diferentes metas e intensidades estandarizados en función del promedio y desviación estándar del grupo total.

Este valor representa la suma de las distancias euclidianas de las variables con respecto a la meta deseada para cada genotipo. Aquellos genotipos con el menor índice son las que minimizan dicha distancia y representan aquellos más cercanos a los criterios expresados en la meta asignada a cada variable, y por lo tanto, se consideran como superiores (Peña, 2008).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

El estudio incluyó 12 líneas de maíz con un nivel de endogamia S_5 derivadas del grupo heterótico "A", que fueron cruzadas con 12 líneas elite del grupo heterótico "B" considerados como probadores, todas estas líneas pertenecen al programa de mejoramiento de la empresa *PIONEER* es necesario remarcar que los probadores son progenitoras de híbridos propiedad de la misma empresa.

La cruce de líneas con probadores origino 144 cruza de prueba que fueron comparados con 4 híbridos comerciales, de los cuales 2 pertenecen a la empresa y los otros dos a una diferente. En el Cuadro 3.1 se presenta la nomenclatura del material utilizado y los testigos.

Cuadro 3.1. Líneas y Probadores utilizados en la formación de las cruza de prueba y los testigos.

Núm.	Línea	Núm.	Probador	Núm.	Testigo
L1	SSSG6	P1	NSS0E	T1	P3030W
L2	SSSG7	P2	NSSGD	T2	P2837W
L3	SSSG8	P3	NSSGZ	T3	ASGGarañón
L4	SSSG9	P4	NSSJV	T4	ASGCebú

L5	SSSGA	P5	NSSJZ
L6	SSSGB	P6	NSSK2
L7	SSSGC	P7	NSSK4
L8	SSSGD	P8	NSSKZ
L9	SSSGE	P9	NSSM5
L10	SSSGF	P10	NSSM9
L11	SSSGG	P11	NSSRV
L12	SSSJ4	P12	NSSVJ

Fuente: Pioneer; L= línea; P= probador; T= testigo

Formación de cruzas de prueba

Los cruzamientos entre las líneas y probadores se realizaron en los viveros de *PIONEER* ubicados en Tlajomulco de Zuñiga, Jalisco, generando 144 cruzas de prueba, se usó como hembras a las líneas y como machos a los probadores. La evaluación de los genotipos se llevo a cabo en 10 localidades representativas de la llanura costera del estado de Sinaloa, durante el ciclo 2009-2010.

Descripción de la parcela experimental

La siembra se realizó bajo el diseño de bloques completos al azar, cada parcela experimental consistió en 2 surcos, con una longitud de 4.20 metros,

separados a 0.75 m con 40 plantas para cada surco y una densidad de población de 126, 600 plantas por hectárea.

Es preciso señalar que en el experimento no hubo repeticiones, por tal razón se tomo cada localidad como repetición.

Descripción de las localidades de evaluación

Las especificaciones particulares de cada localidad se presentan en el Cuadro 3.2

Cuadro 3.2. Ubicación geográfica y altitud de las localidades de evaluación

Núm.	Localidad	Latitud	Longitud	Altitud
		Norte	Oeste	(msnm)*
1	El Carrizo	26°10'18''	108°58'29''	21
2	Ahome	25°90'76''	109°14'86''	38
3	Guasave	25°29'53''	108°21'42''	19
4	Santa Blanca	25°55'02''	108°54'37''	21
5	San Rafael	25°47'55''	108°31'38''	11
6	Angostura	25°12'14''	108°06'11''	13
7	Villa Juárez	24°50'22''	107°40'22''	14
8	Culiacancito	24°48'57''	107°30'15''	24
9	Costa Rica	24°29'11''	107°26'22''	5
10	Quila	27°44'42''	107°30'45''	37

* Metros Sobre el Nivel del Mar

Labores culturales

Preparación del terreno

Las labores en todas las localidades iniciaron con un subsoleo, posteriormente con 2 pasos de rastra.

Siembra

Se realizó con una sembradora de semipresición. Las fechas de siembra fueron diferentes para cada localidad, mismas que se presentan en el Cuadro 3.3.

Cuadro 3.3. Fechas de siembra en cada localidad.

Núm.	Localidad	Fecha de Siembra	Núm.	Localidad	Fecha de Siembra
1	El Carrizo	28-Oct-09	6	Angostura	08-Dic-09
2	Ahome	12-Nov-09	7	Villa Juárez	19-Nov-09
3	Guasave	23-Nov-09	8	Culiacancito	21-Nov-09
4	Santa Blanca	17-Nov-09	9	Costa Rica	22-Nov-09
5	San Rafael	05-Dic-09	10	Quila	22-Nov-09

Fuente: Pioneer.

Fertilización

La dosis aplicada en cada localidad fue de 400-100-50/ha. La aplicación se hizo en dos momentos: la aplicación del 50 por ciento de N y el 100 por ciento de P y K fue al realizarse el surcado, el resto de nitrógeno se aplicó cuando el cultivo se encontraba en V5.

Riegos

Se aplicó un riego de pre-siembra para mantener la humedad en el suelo esperando el momento más oportuno para la siembra y asegurar la germinación. Los próximos riegos fueron a los 55, 85, 115, y 140 días después de la siembra para todas las localidades.

Control de malezas

El control se hizo mediante las aplicaciones de Gesaprim Calibre 90 cuyo ingrediente activo es la atrazina, se aplicó al momento de la emergencia de la maleza para evitar una infestación.

Control de plagas

Para combatir las plagas de suelo se aplicó clorpirifos (Lorsban 3G) al momento de la siembra; para el gusano trozador se aplicó cipermetrina (Arrivo 200 CE) y permetrina (Ambush 50) para plagas foliares, todas las aplicaciones se hicieron de manera preventiva.

Cosecha

La cosecha fue de manera mecánica con una cosechadora combinada con báscula integrada y determinador de humedad.

Variables agronómicas de interés

Floración masculina y femenina (FM y FH) en GDU (*growing degree units*) o unidades de calor. Son las unidades calor acumuladas en grados °F, desde la fecha de siembra hasta que el cincuenta por ciento de las plantas de la parcela experimental presentaron anteras dehiscentes (floración masculina) y estigmas receptivos (floración femenina). Calculada mediante la siguiente fórmula.

Base: 86°F máxima
50°F mínima

Equivalencia: 86°F = 30°C
50°F = 10°C

$$GDU = \left(\frac{T. MAX. + T. MIN.}{2} \right) - 50$$

Donde: GDU= Unidades Calor, T. MAX= Temperatura Máxima, T. MIN= Temperatura mínima.

Dos reglas:

1.- Si la temperatura máxima del día es mayor que 86°F, se usa 86° para calcular el promedio.

2.- Si la temperatura mínima del día es menor de 50°F, se usa 50° para calcular el promedio.

Por ciento de humedad (%H): Fue tomada al momento de la cosecha con la cosechadora combinada.

Peso en campo (PC): Esta variable también fue tomada por la cosechadora al momento de la cosecha.

Rendimiento (REND): Es la producción estimada en toneladas por hectárea de grano al 15.5 por ciento de humedad. Este dato se obtuvo al multiplicar el peso seco (PS) por un factor de conversión (FC), cuyas formulas se describen a continuación.

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

Donde: %H = Porcentaje de humedad del grano a la cosecha por parcela y PC = Peso de campo en Kg.

$$FC = \frac{10000}{APU \times 0.845 \times 1000}$$

Donde: APU = Área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre plantas por el número de plantas por parcela; 0.845 = Constante para transformar el rendimiento de peso seco al 15.5 por ciento de humedad; 1000 = Constante para obtener el rendimiento en ton ha⁻¹; 10000 = Valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m².

Análisis estadístico

Los híbridos experimentales y los testigos se analizaron bajo un diseño de bloques completos al azar a través de localidades, con la finalidad de observar diferencias estadísticas entre los híbridos y testigos. El modelo estadístico empleado para el análisis de varianza combinado fue el siguiente.

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + \lambda_k + \lambda\alpha_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

y_{ijk} = Variable de respuesta; μ = efecto de la media general; α_i = efecto del i -ésimo ambiente; $\beta_{j(i)}$ = efecto del j -ésimo bloque dentro del i -ésimo ambiente; λ_k = efecto del k -ésimo híbrido; $\lambda\alpha_{ik}$ = efecto de la interacción del k -ésimo híbrido en el i -ésimo ambiente; ε_{ijk} = efecto del error experimental.

Índice de Selección

Con el propósito de lograr una identificación más precisa de los genotipos superiores para varias características en forma simultánea y potenciar la respuesta a la selección se empleo el índice de selección (IS) descrito por Barreto *et al.* (1991). En este trabajo se integraron 4 caracteres en un solo individuo, la elección de los mejores se realizó tomando en cuenta el valor del índice para cada genotipo.

Los IS se calcularon por dos vías, para las líneas y probadores se utilizaron los valores de ACG como criterio de selección, mientras que para las cruzas de prueba se emplearon los valores de ACE. En ambos casos se considero el peso económico de las 4 variables registradas para cada genotipo, las cuales son rendimiento (rend), por ciento de humedad hm, floración hembra (fh) y macho (fm) respectivamente. La estimación del índice fue como sigue:

$$IS = \left\{ [(Z_1 - M_1)^2 * I_1] + [(Z_j - M_j)^2 * I_j] + \dots + [(Z_n - M_n)^2 * I_n] \right\}^{1/2}$$

Donde:

IS = Índice de selección

$Z_{j...n}$ = variable estandarizada

$M_{j...n}$ = meta de selección

$I_{j...n}$ = intensidad de selección

Debido a que las variables son de parámetros de distinta naturaleza (toneladas, porcentajes, GDU) fue necesario estandarizar todos los valores para que las distintas características pudieran combinarse con ayuda de la siguiente fórmula:

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

Donde:

Z= valor estandarizado

Y_j = valor observado para la variable j

\bar{Y} = promedio de la variable

S= desviación estándar del grupo de variables

La meta de selección está dada en unidades de desviación estándar del promedio, de tal forma que los valores positivos seleccionan aquellos genotipos que se encuentran por arriba del promedio, valores negativos optan por los genotipos que se encuentran por debajo del promedio. Estos valores van de -3.0 a 3.0, puesto que en la distribución normal el 99 por ciento de las observaciones se encuentran en ese rango.

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

Donde:

MD = meta deseada; *Max* = es el valor deseado de la variable del genotipo, que puede ser arriba o debajo de la media; \bar{y} = media de la variable; *DV* = desviación estándar.

La intensidad de la selección refleja la importancia relativa de las diferentes variables a utilizarse en la selección, misma que es definida por el investigador y toma valores de 0 a 10. Mientras más grande sea el valor de la intensidad mayor peso económico se le da a la variable y viceversa.

El valor estandarizado de cada una de las variables mientras más cerca se encuentre de la meta deseada, más pequeño es el valor del IS calculado y se acerca más al genotipo con los criterios deseados siendo este IS entonces superior, por otro lado, mientras más grande sea el valor del IS más alejado esta del genotipo deseado y el IS es por tanto inferior. El mejor genotipo es aquel que posee el valor del IS más pequeño.

En el Cuadro 3.4 se muestran las metas e intensidades utilizadas para la selección de líneas, probadores e híbridos.

Cuadro 3.4. Metas e intensidades para el cálculo de IS de ACG de líneas y probadores; y ACE para las cruizas de prueba.

Variable	Meta para Líneas	Meta para Probadores	Meta para Híbridos	Intensidad
HM %	-2.02	-1.34	-3.008	10
REND	1.63	1.68	2.60	9
FH	-1.42	-1.39	-2.55	9
FM	-1.02	-1.32	-2.77	9

HM= humedad; REND= rendimiento; FH= floración hembra; FM= floración macho

Análisis de regresión en los sitios (SREG)

A diferencia del ANOVA y de la comparación de medias que solo permiten seleccionar genotipos que superan un determinado nivel de rendimiento, el modelo SREG, que se recomienda cuando los efectos ambientales son la fuente de variación más importante, tiene otras ventajas adicionales. El modelo, incluye al genotipo mas el genotipo-ambiente (G+GA) en el termino bilineal, proporciona un análisis grafico de fácil interpretación del comportamiento de los genotipos mas el efecto de la interacción genotipo-ambiente, denominado biplot GGE (Yan *et al.*, 2000; 2001).

Así como el análisis mediante métodos tradicionales es posible identificar genotipos de mayor producción en cada ambiente, con el biplot, además, es posible caracterizar aquellos genotipos que exhiben mayor estabilidad. Por otra parte, el gráfico permite visualizar el agrupamiento de genotipos y ambientes (megambientes) con patrones similares de respuesta, así como identificar los ambientes más representativos y los más discriminatorios (Yan. 2002).

Para explorar la variabilidad G+GA en el rendimiento de grano, %H, FM y FH, se utilizó el modelo lineal-bilineal SREG dado por:

$$Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^c \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + R_{ij}$$

Y_{ij} = Rendimiento del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente; μ_j = Media en la localidad j ; c = número de componentes principales; λ_k = valor singular (autovalor) del eje n del ACP de la interacción; α_{ik} = vector propio unitario (eigenvector) del genotipo i para el eje n -ésimo; γ_{jk} = vector propio unitario (eigenvector) del ambiente j para el eje n -ésimo; R_{ij} = residual del modelo.

Diseño Genético (Línea x Probador)

Asimismo las cruzas de prueba, fueron analizados a través del diseño línea x probador, siguiendo la metodología propuesta por Singh y Chaudhary (1985), permitiendo particionar las cruzas en: línea, probador y línea x probador, esto con la finalidad de estimar la aptitud combinatoria general y específica, utilizando el paquete estadístico SAS de Bartolomé y Gregorio (2000).

El modelo lineal del diseño empleado fue el siguiente:

$$Y_{ijkl} = \mu + A_i + \beta_{j(i)} + L_k + P_l + LP_{kl} + AL_{ik} + AP_{il} + ALP_{jkl} + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijkl} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; A_i = efecto de la i -ésima localidad; $\beta_{j(i)}$ = efecto de j -ésimo bloque dentro de la i -ésima localidad; L_k = efecto de la k -ésima línea; P_l = efecto del l -ésimo probador; LP_{kl} = efecto de la k -ésima línea por el l -ésimo probador; AL_{ik} = efecto de la k -ésima línea por la i -ésima localidad; AP_{il} = efecto del l -ésimo probador por la i -ésima localidad; ALP_{jkl} = efecto de la k -ésima línea por el l -ésimo probador por la i -ésima localidad; ε_{ijkl} = error experimental.

La estimación de los efectos genéticos de ACG para las cruzas se realizó mediante las formulas siguientes:

Estimación de efectos de ACG para líneas:

$$L_i = \frac{Xi...}{pra} - \frac{X...}{lpra}$$

Estimación de efectos de ACG para probadores:

$$P_j = \frac{X.j..}{lra} - \frac{X...}{lpra}$$

Estimación de los efectos de ACE de los híbridos:

$$H_{ij} = \frac{Xij..}{ra} - \frac{Xi...}{pra} - \frac{X.j..}{lra} + \frac{X...}{lpra}$$

Donde:

L_i = aptitud combinatoria general de líneas; P_j = aptitud combinatoria general de probadores; H_{ij} = aptitud combinatoria especifica de híbridos; l = número de líneas; p = número de probadores; r = repeticiones; a = número de ambientes; $Xi...$ = sumatoria de la i -ésima línea; $X.j..$ = sumatoria del j -ésimo probador; $Xij..$ = comportamiento especifico de la crusa de la i -esima línea con el j -esimo probador a través de repeticiones y localidades; $X....$ = sumatoria total.

Criterios de selección

Para la selección de los genotipos con mejores atributos agronómicos a través de ambientes se utilizó como apoyo el modelo SREG de acuerdo con Yan et al (2001) infiriendo que los genotipos y ambientes ideales son aquellos que tienen el vector más largo con relación al primer componente principal (alto rendimiento) y que estén más cercanos al origen del segundo componente principal por su asociación directa con la estabilidad.

Otro principio para la identificación de las mejores líneas, probadores y cruzas de prueba se realizó mediante un ordenamiento de manera ascendente del valor de IS estimado a través de las localidades, considerando que un valor pequeño de IS descubre un genotipo superior.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de varianza general

Para realizar una selección eficiente de las cruzas de prueba, conocer el grado de variación de los ambientes, los testigos y las interacciones, se realizó un análisis de varianza en él que fueron considerados 144 genotipos vs 4 testigos en 10 ambientes, los resultados se presentan en el Cuadro 4.1.

Se detectaron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) para la fuente de variación ambiente, reflejando así condiciones diferentes para cada sitio de evaluación, deduciendo que es debido a las condiciones climáticas y edáficas de cada localidad, por tal razón se considera que los ambientes de evaluación son diferentes, coincidiendo con Zobel et al., (1988) quienes mencionan a los ambientes como una de las tres fuentes significantes y agrónomicamente importantes en los ensayos de rendimiento.

La fuente híbridos presentó diferencias estadísticamente significativas ($P \leq 0.01$), lo que significa que al menos un genotipo es diferente al resto, situación ocasionada por los tratamientos, donde se involucraron cruzas experimentales y testigos comerciales, como por el diferente fondo genético de

donde se formaron las cruzas de prueba cuyos progenitores provienen de dos grupos heteróticos contrastantes misma que favorecerá la selección de los padres.

Cuadro 4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para rendimiento.

FV	GL	SC	CM	
Ambientes	9	4783.175	531.4639	**
Híbridos (Hib)	147	816.93927	5.55741	**
Experimentales (TC1)	143	805.61801	5.633692	**
Test Pioneer (TC2)	1	1.7026698	1.70267	
Test Competencia (TC3)	1	1.9687536	1.968754	
Exp vs Test	1	4.8514417	4.851442	
Test Pioneer vs Test Competencia	1	2.7983977	2.798398	
EE		3102.4018	2.344975	
CV		12.35098	-	

** significativas ($P \leq 0.01$)

Debido a la diferencia estadística presentada en la fuente híbrido se procedió en particionar la suma de cuadrados en híbridos experimentales, testigos *Pioneer* y Competencia siendo Tipo de Cruza 1, 2 y 3 respectivamente y un contraste entre ellos, para conocer la contribución de cada uno a la variación total.

La fuente híbridos experimentales presentaron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) esto es atribuido al número y a la diversidad genética de los

progenitores involucrados en las cruzas, otro motivo pueden ser los probadores ya que tienen diferentes fondos genéticos. Esto permitirá seleccionar genotipos más sobresalientes con las características agronómicas deseadas.

Por otro lado, los testigos no mostraron diferencias significativas, expresando un patrón de respuesta similar entre ellos, esto debido a que las testigos ya han sido evaluadas a través de años, mismos que se han venido seleccionando por su alto rendimiento y estabilidad en los ambientes.

La comparación entre los híbridos experimentales y testigos no presenta significancia, es decir, que los híbridos en promedio tienen el mismo rendimiento, aun que en forma individual existen híbridos de pruebas con mejores rendimientos y con mejores características.

El contraste testigo Pioneer vs Competencia estadísticamente no mostraron diferencias significativas, esto pudiera deberse a que la diferencia entre los rendimientos son mínimos y el único factor que pudiese alterar este resultado es el ambiente, es decir, un buen manejo agronómico en general (fertilización, riegos a tiempo, etc.)

A manera de apreciar mejor las contribuciones a la variación de los cuadrados medios de híbridos, los que tuvieron mayor contribución a la variación con 98.6 por ciento fueron los experimentales, en segundo lugar los testigos vs experimentales con 0.59 por ciento, con 0.34 por ciento los testigos

Pioneer vs Competencia, con 0.24 y 0.21 por ciento testigos Competencia y Pioneer respectivamente.

En el Cuadro 4.2 se presentan las medias de rendimiento de los genotipos, en la cual se puede apreciar que los testigos Competencia fueron superiores, aun así de acuerdo al análisis de varianza (Cuadro 4.1) se observan diferencias significativas ($P \leq 0.01$) en las fuentes de variación experimentales es decir, que dentro los híbridos de prueba existen cruza que muestran rendimientos por arriba de la media, consiguiendo así un rango para la selección de genotipos competentes.

Cuadro 4.2. Medias de rendimiento de genotipos y ambientes de prueba.

	tn/ha
General	12.398
Experimentales (TC1)	12.389
Test Pioneer (TC2)	12.477
Test Competencia (TC3)	13.006
El carrizo	11.022
Ahome	12.185
Guasave	13.834
Santa Blanca	13.150
San Rafael	12.821
Angostura	7.549
Villa Juárez	13.671
Culiacancito	13.295
Costa Rica	12.870
Quila	13.586

TC= tipo de cruza.

En el Cuadro 4.3 se presentan los grupos formados al analizar las medias de rendimiento de los diez ambientes con la prueba de rango múltiple de Tukey. Misma que muestra para los ambientes que la media de mayor rendimiento alcanzado es el ambiente 3 correspondiente a la localidad de Guasave, ya que este perteneciente al agrupamiento A es el único que no cuenta con subgrupos afiliados. En contraste el ambiente 6 (Angostura) fue el más bajo y el único correspondiente al último agrupamiento F.

Cuadro 4.3. Rendimiento medio de 10 ambientes en una prueba de rango múltiple.

	Tukey	Agrupamiento	Media	Ambiente
		A	13.83790	3
B		A	13.67350	7
B		A	13.57810	10
B		A C	13.27780	8
B		C	13.12280	4
		C	12.86400	9
		C	12.81540	5
		D	12.16320	2
		E	11.02340	1
		F	7.53310	6

Medias con la misma letra no son significativamente diferentes (Tukey al 95 %). Diferencia significativa mínima 0.5768

En el Cuadro 4.4 se presentan los mejores 16 híbridos experimentales en base a rendimiento de grano con sus respectivas diferencias de medias. Misma que muestra que el híbrido 22 y 48 alcanzaron un rendimiento medio de 14.362 y 14.235 tn/ha como las más altas registradas en el experimento, seguidos por los genotipos 46 con 13.992 tn/ha y el 92 con un rendimiento de 13.957 tn/ha superando a los testigos.

Cuadro 4.4. Rendimiento medio de 16 híbridos prometedores en 10 ambientes.

Híbridos	Media						
22	14.362	A					
48	14.235	A	B				
46	13.992	A	B	C			
92	13.957	A	B	C			
88	13.896	A	B	C	D		
140	13.722	A	B	C	D	E	
144	13.651	A	B	C	D	E	
143	13.601	A	B	C	D	E	
118	13.577	A	B	C	D	E	
139	13.425	A	B	C	D	E	F
119	13.397	A	B	C	D	E	F
106	13.389	A	B	C	D	E	F
147*	13.320	A	B	C	D	E	F
72	13.269	A	B	C	D	E	F
102	13.250	A	B	C	D	E	F
135	13.144	A	B	C	D	E	F

Medias con letras iguales son estadísticamente iguales (Tukey al 95 %). Diferencia significativa mínima 3.07;

*T3 ASGGarañón

Selección de híbridos para rendimiento de grano mediante el modelo SREG

Para la exploración del comportamiento de los híbridos y el ambiente se modeló dicha interacción mediante el SREG propuesto por Yan *et al.* (2001) ya que es un método que se puede considerar adecuado para agrupar ambientes y para describir el comportamiento de los genotipos en estos (Yan *et al.*, 2000).

En la Figura 4.1 se presentan el comportamiento de los ambientes, híbridos y su interacción a través de la grafica biplot GGE. En este gráfico se encontró que los diez ambientes de evaluación representan nueve diferentes megambientes, los cuales están dados por el mismo número de sectores representados en el grafico, dado que, los híbridos están distribuidos a lo largo de estos.

También fue posible apreciar que aquellos genotipos y ambientes que se ubiquen dentro de un mismo sector están asociados y que el genotipo que se encuentre en el vértice del polígono de ese sector, tiende a ser el que más se asocie a ese ambiente, esto concuerda con los resultados obtenidos como se pueden apreciar en la Figura 4.1, donde se establece que los genotipos 22, 92, 106 y 21 tuvieron buen comportamiento en los ambientes 2 y 4., el 46, 48, 118 y 72 para los ambientes 5, 7, 8, 6, 1, 9, y 10., mientras que los híbridos 65 y 36 lo fueron para el ambiente de 3.

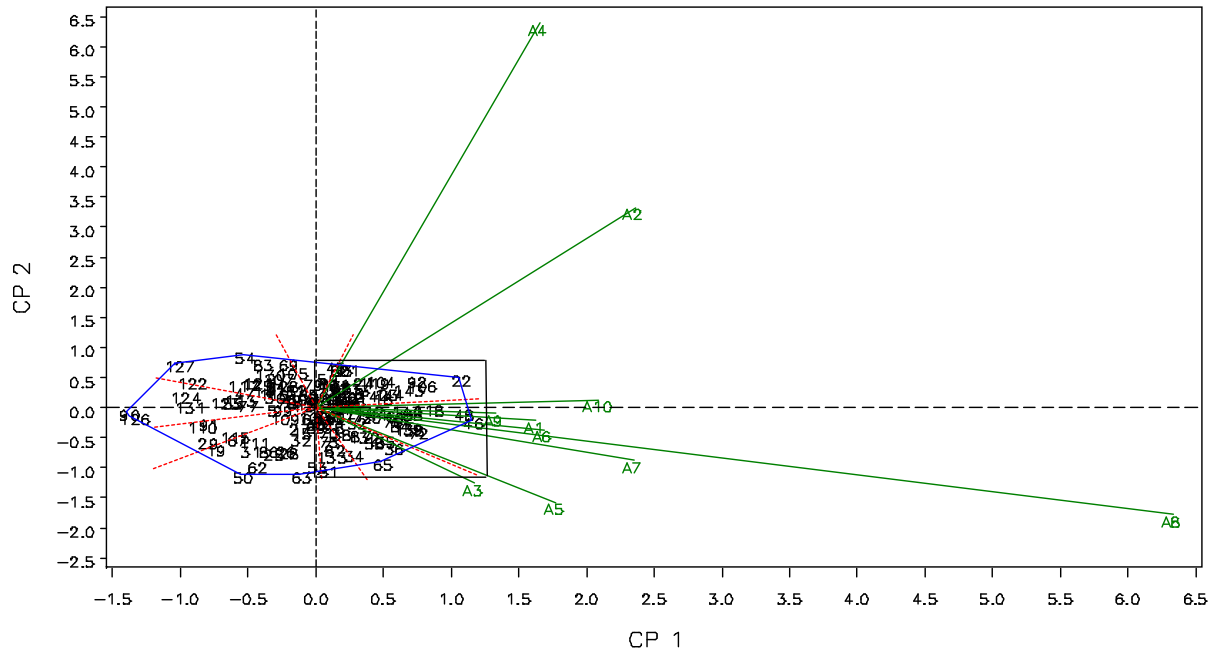


Figura 4.1. Biplot GGE. Patrón de respuesta de la IGA de los 148 híbridos en 10 localidades; CP1 y CP2= Primero y segundo componente; A1= El Carrizo; A2= Ahome; A3= Guasave; A4= Santa Blanca; A5= San Rafael; A6= Angostura; A7= Villa Juárez; A8= Culiacancito; A9= Costa Rica; A10= Quila.

Los genotipos ideales deben tener alto rendimiento PC1 (componente principal 1) y una puntuación PC2 (componente principal 2) cercana a cero (mas estabilidad). Caso similar es para los ambientes de prueba deben tener gran puntuación PC1 (mas discriminativas) y una puntuación PC2 cercana a cero (más representativas de un promedio de ambientes) (Yan *et al.* 2001).

De acuerdo a lo propuesto por Yan *et al.*, (2001) los ambientes que presentaron una mayor discriminación en los diferentes sectores fueron el 8, 4 y 2., por presentar los vector más largos, el ambiente que resultó ser más representativo de todos fue el 10.

En los restantes sectores si bien quedan incluidos los restantes genotipos, lo que no ocurrió con las localidades, por lo que puede decirse que ninguno de estos genotipos tienen potencial dentro de las localidades, como señalan Yan *et al.*, (2001) genotipos que se encuentran en el vértice sin ningún sitio en sus sectores no son genotipos de alto rendimiento en ningún sitio, además, estos son los más pobres en todos o en algunos sitios.

En la Figura 4.1A se tiene una proyección del recuadro de la Figura 4.1, en la que se tiene una mayor apreciación para identificar a los híbridos de mejor comportamiento, siendo dichos híbridos el 22, 48, 46 y 118, sin embargo se encontró que los híbridos 48, y el 46 se ubicaron entre el germoplasma más estable por estar más cerca a la línea del CP2, otro híbridos que fue el más estables aunque con un rendimiento menor a los anteriores fue el genotipo 118.

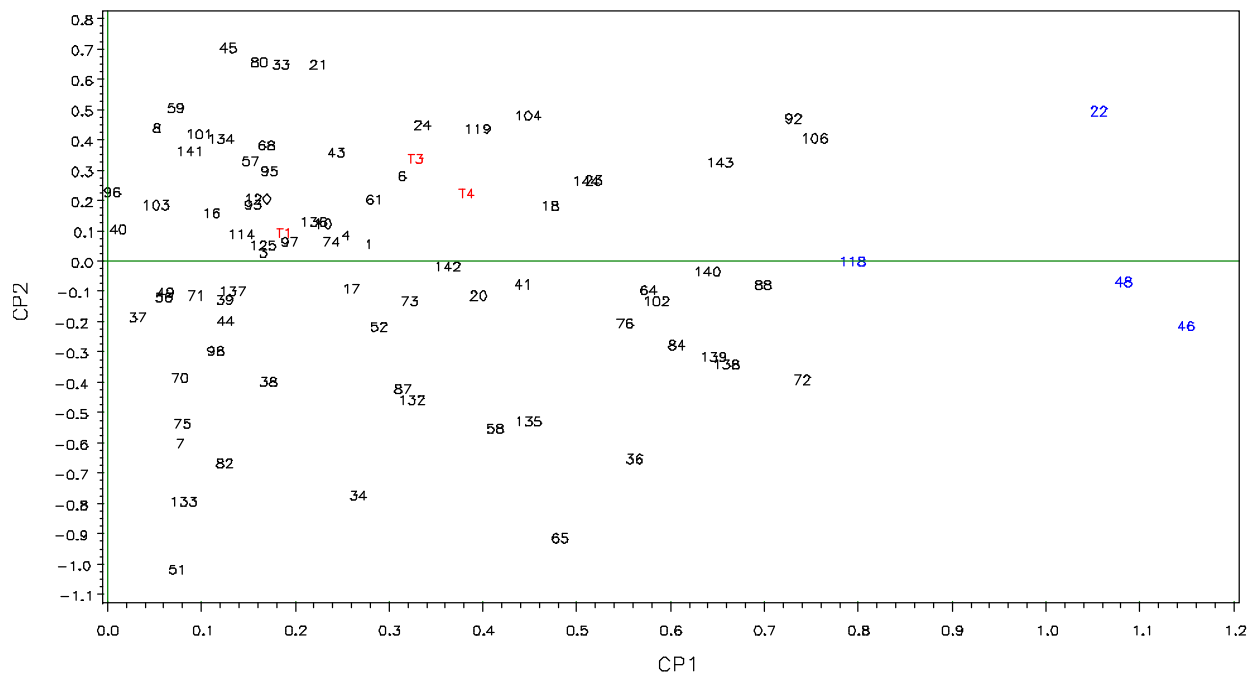


Figura 4.1A. Proyección del recuadro de la figura 4.1 donde se aprecia el comportamiento de los híbridos y los testigos evaluados; T1= P3030W; T2= P2837W; T3= ASGGarañón; T4= ASGCebú; numero corresponde a la clave del híbrido experimental.

En esta proyección se puede observar que el 18.7 por ciento de los híbridos experimentales superó a los cuatro testigos, por rendimiento y estabilidad.

Considerando exclusivamente a los testigos (Figura 4.1A) se puede observar que el T3 y T4 tienen un comportamiento similar en cuanto a rendimiento y estabilidad, mientras que el T1 solo muestra buena estabilidad, sin embargo, el T2 ni siquiera aparece en la figura, es decir, el rendimiento que presenta está por debajo de la media de la población.

Es fundamental que además de la selección de híbridos superiores también nos enfoquemos a progenitores, por tal razón se recurre a utilizar el diseño de apareamiento línea x probador, sugerido por Kempthorne (1957) el método permite identificar a los mejores padres.

Análisis de línea x probador

Debido a que se detectaron diferencias significativas en las fuentes de híbridos experimentales, se llevo a cabo un análisis de línea x probador, con la finalidad de observar si existía variación en líneas, probadores y en la

interacción línea x probador, permitiendo así estimar la aptitud combinatoria de líneas y probadores. En el Cuadro 4.5 se presentan los resultados del análisis de varianza línea x probador.

Cuadro 4.5 Cuadrados medios del análisis de varianza de línea x probador para cuatro variables.

FV	GL	REND	%H	GL	FM	FH
Ambiente	9	518.3119 **	337.0152 **	2	40192.36 **	41891.55 **
Línea	11	24.05031 **	27.39772 **	11	30.78199 **	43.63889 **
Probador	11	16.15207 **	65.5919 **	11	99.16077 **	119.9672 **
Línea*Probador	121	3.003238 **	1.143907 **	121	14.61302	15.31887
Amb*Línea	99	5.254994 **	2.985052 **	22	34.68413 **	40.21023 **
Amb*Probador	99	6.406562 **	2.751035 **	22	14.36595	18.25063
EE		1.758619	0.530027		13.36985	12.72492
CV		10.70416	3.815056		2.608064	2.535674
Media		12.38892	19.08306		140.1991	140.6806

** = significativas al ($P \leq 0.01$)

En fuente líneas es altamente significativas ($P \leq 0.01$) para todas las variables registradas, afirmando que existe variación entre ellas, lo cual se atribuye al origen cada línea, es decir, cada una de ellas gozan de características genéticas diferentes, misma que permite hacer una selección de los mejores individuos con los atributos sobresalientes y que son de interés dentro de un programa de hibridación.

Por otro lado, en la fuente probador las significancias estadísticas fueron del ($P \leq 0.01$), esto puede atribuirse al tipo de herencia de los caracteres que manifiestan cada uno de los probadores mostrando así diferencias entre ellos,

lo cual es bueno porque se obtiene la máxima información posible para clasificar y discriminar el potencial relativo de las líneas en las cruzas descubriendo materiales comerciales a corto plazo (Rissi y Hallauer 1991).

La interacción línea x probador mostro diferencias significativas ($P \leq 0.01$) en la variables de rendimiento y humedad únicamente, esto debido a que las líneas presentan un comportamiento diferente cuando se cruzan con diversos probadores, es decir, es una falta de consistencia, cambio de orden o valor relativo de una línea ante diversos cruzamientos. Creando una ventana de posibilidades de identificar individuos que muestren una buena combinación (ACE). Caso contrario es lo que se logra apreciar con las variables FM y FH donde no existió deferencia alguna, deduciendo que el comportamiento de las líneas con los probadores fue estable para las variables antes mencionadas.

En la interacción ambiente por línea se observan diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) para todas las variables, revelando que las líneas se comportaron de distinta manera en cada ambiente, es decir carecieron de estabilidad a través de los entornos de prueba.

De manera semejante la interacción ambiente por probador se observaron diferencias estadísticas del ($P \leq 0.01$), mostrando un cambio en el ordenamiento de los probadores al cambiar de un ambiente a otro, lo que indica la presencia de inestabilidad para los caracteres en cuestión (Márquez 1991).

En el Figura 4.2 se presenta la interacción línea x probador mediante el modelo SREG, con el fin de dar una mejor idea del por qué las diferencias altamente significativas para la variable rendimiento.

Discriminación de líneas en base a probadores mediante el modelo SREG

Para la explorar el comportamiento de las líneas y su interacción con los probadores se modeló mediante el SREG propuesto por Yan *et al.* (2001)

Siguiendo el protocolo anterior, en la Figura 4.2 perteneciente al grafico biplot GGE podemos visualizar el comportamiento de los probadores, líneas y la interacción de ambos.

En el gráfico se encontró que los 12 probadores presentan la cualidad de discriminar las líneas de manera semejante debido a que los ángulos que se formaron entre los vectores de los probadores fueron menores a 90°.

En la Figura 4.2 se pudo valorar un polígono dividido en 5 sectores, en el sector donde se ubican los probadores 9, 12, 3, 11, 2, 7, 5, 6 y 10 expresaron buenas combinaciones con las líneas 5, 4, 2 y 12, siendo esta última la más eficiente y estable con los probadores antes mencionados, resultado que concuerda con Yan *et al.*, (2001) que indica que el cultivar que se encuentra en

el vértice de cada sector es el mejor intérprete en los sitios incluidos en ese sector, en este caso los probadores toman el papel de los ambientes.

De acuerdo a lo anterior, podemos continuar con el sector donde se localizan los probadores 4, 1 y 8 donde la mejor línea fue la 8.

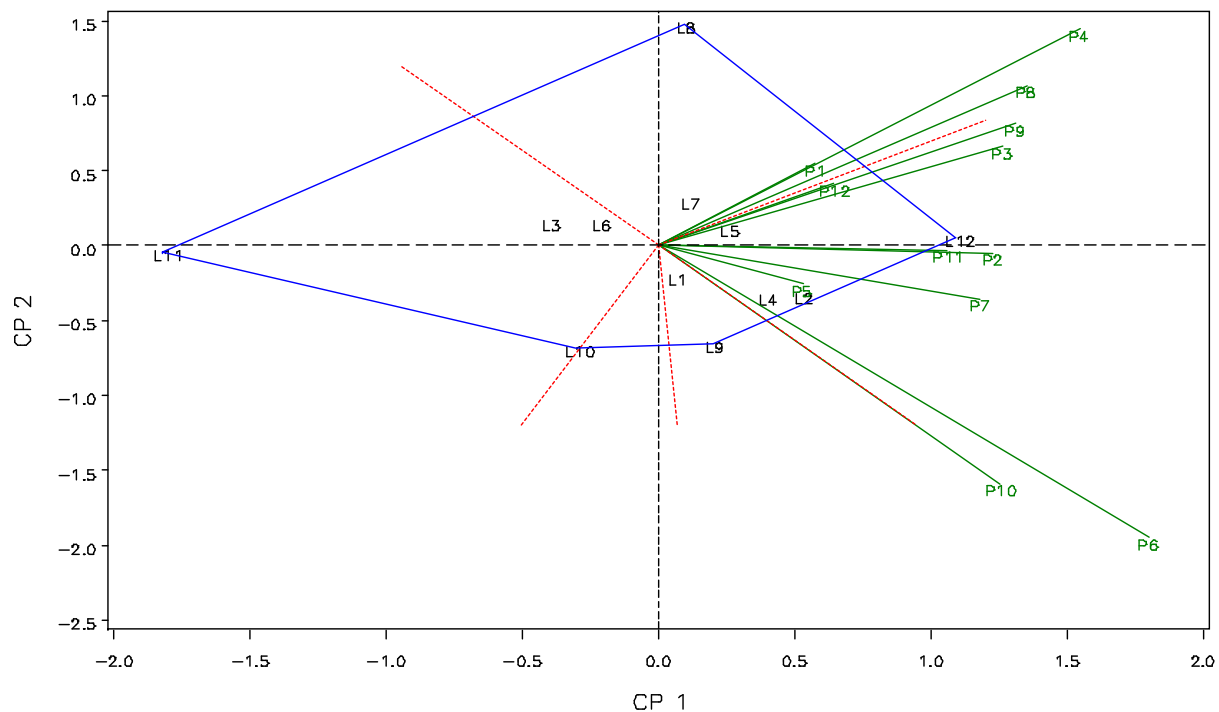


Figura 4.2. Biplot GGE. Patrón de respuesta interacción L x P de las 12 líneas y los 12 probadores ; CP1 y CP2= Primero y segundo componente; L1= SSSG6; L2= SSSG7; L3= SSSG8; L4=SSSG9; L5= SSSGA; L6= SSSGB; L7= SSSGC; L8= SSSGD; L9= SSSGE; L10= SSSGF; L11= SSSGG; L12= SSSJ4; P1= NSS0E; P2= NSSGD; P3= NSSGZ; P4= NSSJV; P5= NSSJZ; P6= NSSK2; P7= NSSK4; P8= NSSKZ; P9= NSSM5; P10= NSSM9; P11= NSSRV; P12= NSSVJ.

Los probadores que presentaron mayor poder de discriminación fueron el P6, P10 y el P4, por presentar los vectores más largos, sin embargo los probadores que resultaron ser más representativos fueron el P11 y P2. Ahora estos probadores (P11 y P2) muestran un patrón de respuesta muy similar para discriminar las líneas con las que se crucen, entonces, si existe la posibilidad de prescindir de alguno de estos dos probadores se rescata el P2 por tener el vector ligeramente más largo que el P11, caso similar es para los probadores P12 y P9, en la cual se puede desplazar el P12, un tercer caso es el P1 y P4 donde el vector más largo lo posee este último, esto es, si se excluye el P1 en los ensayos no habrá problema pues el P4 muestra la misma información pero con más poder para clasificar o discriminar líneas.

En los sectores restantes se alcanzan a apreciar las líneas en los vértices del polígono sin ningún probador en sus sectores, esto solo refleja que estas líneas no presentan un buen rendimiento con los probadores (Yan *et al.*, 2001) ya que muestran un comportamiento por debajo de la media de rendimiento de toda la población.

Sin duda, existe dificultad en la identificación de los mejores genotipos debido a que se evalúan varios caracteres, por tal motivo se decidió trabajar con los índices de selección, metodología que permite separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres.

Selección de líneas en base a IS de valores genotípicos

En el Cuadro 4.6 se presentan las 12 líneas con los valores de ACG para 4 características y su respectivo valor de IS considerado aquellos que muestren un índice menor, serán los genotipos que más cerca se encuentran a nuestro ideo tipo considerándolos como superiores.

De acuerdo a la tabla las mejores líneas son 1, 3 y 4 ya que muestran los valores más bajos de IS, de acuerdo con Peña (2008) estos genotipos se consideran como superiores ya que sus valores son los más cercanos a los criterios expresados en la meta asignada a cada variable.

Cuadro 4.6 Valores de ACG de cuatro variables y valores de IS de 12 genotipos (líneas).

Metas		-2.02	1.63	-1.42	-1.02	
No.	Línea	%H	Rend	FH	FM	IS
1	SSSG6	-0.582	-0.043	-0.486	-0.421	6.685
3	SSSG8	-0.966	-0.301	-0.847	-0.894	7.178
4	SSSG9	-0.201	0.316	0.208	-0.116	7.989
9	SSSGE	0.085	0.096	-1.125	-0.810	8.245
6	SSSGB	-0.057	-0.108	-0.736	-0.532	8.630
5	SSSGA	0.256	0.187	-1.569	-0.949	8.862
10	SSSGF	-0.334	-0.253	0.042	-0.032	9.417
7	SSSGC	0.348	0.075	-0.486	-0.866	10.169
12	SSSJ4	0.390	0.732	1.014	1.051	13.101
2	SSSG7	0.789	0.316	0.375	0.690	14.084
8	SSSGD	0.336	0.096	2.069	1.662	16.176
11	SSSGG	-0.065	-1.114	1.542	1.218	17.577

%H= % de humedad; Rend= rendimiento; FH= floración hembra; FM= floración macho; IS= índice de selección; No= Numero de línea

Caso similar es para la selección de probadores pues también tomaremos sus valores de ACG para cada variable y someterlo a un índice de selección, del cual nos guiaremos para descubrir los genotipos que tengan las características con los valores más cercanos a la meta deseada.

Selección de Probadores en base a IS de valores genotípicos

En el caso de los probadores los valores más bajos de IS lo manifestaron los genotipos 8 (NSSKZ), 1 (NSS0E) y 4 (NSSJV), caso contrario con lo que sucede con los probadores 9 y 10 que son los que muestran los más altos índices, provocando que se alejen mas de la meta deseada, clasificándolos como inferiores.

Cuadro 4.7 Valores de ACG de cuatro variables y valores de IS de 12 Probadores.

Metas		-1.34	1.68	-1.39	-1.32	
No.	Probador	%H	Rend	FH	FM	IS
8	NSSKZ	-0.562	0.382	-0.403	-0.116	5.781
1	NSS0E	-0.994	-0.067	-0.708	-1.338	6.533
4	NSSJV	0.020	0.097	-1.125	-1.227	6.723
3	NSSGZ	-0.527	-0.241	-2.542	-1.005	7.598
5	NSSJZ	0.179	-0.173	-1.403	-2.199	8.376
12	NSSVJ	-0.351	0.620	1.486	1.245	9.475
6	NSSK2	0.481	-0.187	-0.847	-1.532	9.587
2	NSSGD	-0.342	-0.467	-1.458	0.162	10.362
11	NSSRV	-0.656	0.023	2.014	1.523	11.251
7	NSSK4	1.275	-0.508	-0.764	-0.838	13.893
9	NSSM5	0.114	-0.055	2.681	2.551	14.123
10	NSSM9	1.363	0.578	3.069	2.773	16.335

No= número de Probador

Selección de Híbridos en base a IS de valores genotípicos

Con el fin de conocer la acción de los efectos de las líneas con los probadores se estimó el efecto de aptitud combinatoria específica (ACE) de las cruzas, estos valores fueron sometidos a un IS como en los casos pasados, se presentan en el Cuadro 4.8 con una representación de solamente 16 valores de índices de los 144 valores calculados.

Cuadro 4.8 Aptitud combinatoria específica (ACE) de cuatro variables y valor de índice.

	Metas	-3.008	2.6	-2.55	-2.77	
No.	Pedigree	%H	Rend	FH	FM	IS
118	SSSGF/NSSM9	-0.352	0.863	-4.125	-3.606	7.354
73	SSSGC/NSS0E	-0.497	0.303	-2.153	-0.995	11.105
76	SSSGC/NSSJV	-0.541	0.386	-0.736	-1.106	11.589
61	SSSGB/NSS0E	-0.542	0.850	-0.903	0.338	11.892
7	SSSG6/NSSK4	0.024	0.291	-3.431	-3.273	12.301
74	SSSGC/NSSGD	-0.349	0.527	-0.069	-1.495	12.313
91	SSSGD/NSSK4	-0.524	-0.641	-5.319	-5.356	12.348
95	SSSGD/NSSRV	-0.114	0.128	-2.431	-2.718	12.448
41	SSSG9/NSSJZ	-0.361	0.191	-1.153	-1.218	12.519
4	SSSG6/NSSJV	-0.241	0.469	-1.736	-0.218	12.855
92	SSSGD/NSSKZ	-0.017	1.091	-1.681	-0.745	12.969
88	SSSGD/NSSJV	-0.069	1.315	-0.625	-0.968	13.055
128	SSSGG/NSSKZ	-0.936	-0.157	-0.153	-1.301	13.127
139	SSSJ4/NSSK4	-0.409	0.813	0.403	-0.079	13.130
132	SSSGG/NSSVJ	-0.277	0.661	-0.708	0.005	13.148
62	SSSGB/NSSGD	-0.184	-0.227	-3.486	-1.829	13.433

No= clave del híbrido

El valor de índice más bajo representa el híbrido que más se asemeja al ideal tipo, pues los valores de ACE de las variables son los que se acercan a las metas planteadas para seleccionar al individuo superior. En este caso el genotipo considerado como superior es el híbrido 118 (SSSGF/NSSM9) perteneciente a la cruce entre la línea 10 y el probador 10.

V. CONCLUSIONES

De los 148 híbridos evaluados, el modelo SREG permitió la identificación de los individuos superiores, siendo el híbrido 22(SSSG7/NSSM9), 48(SSSG9/NSSVJ), 46(SSSG9/NSSM9) y 118 (SSSGF/NSSM9), todos estos experimentales, mostraron un rendimiento y estabilidad superior al resto incluyendo a los testigos. Cabe mencionar que de estos cuatro genotipos el híbrido 48 mostró muy buen rendimiento (14.234 tn/ha) y estabilidad, mientras que el híbrido 118 tubo menos rendimiento (13.577 tn/ha) pero con mucho mayor estabilidad a través de los 10 ambientes.

Sin embargo, los valores de los índices calculados a partir de la ACE de todas las cruzas para cuatro variables (rendimiento, %h, floración macho y hembra) manifestaron que el híbrido 118 resultó tener el valor de índice más pequeño siendo el genotipo que más se acerca a los criterios deseados (precoz y rendidor), es por tanto considerado superior.

En los ambientes de prueba, hubo localidades que tuvieron mayor poder para discriminar a los genotipos tal es el caso de la localidad de Culiacancito, Santa Blanca y Ahome, sin embargo la más representativa fue Quila.

Para la selección de líneas, el modelo SREG evidenció las líneas 2(SSSG7), 4(SSSG9), 8(SSSGD) y 12(SSSJ4) con una buena interacción con los probadores, además mostraron estabilidad y rendimiento, siendo la línea 12 el mejor intérprete de los probadores por su ubicación en el vértice del sector donde se encuentran el 84 por ciento de los probadores. Mientras que el valor de IS muestra que las líneas 1(SSSG6), 3(SSSG8) y 4(SSSG9) son las mejores por haber sido seleccionadas por varias características de manera simultánea.

En el caso de los probadores, los que presentaron mayor potencial para diferenciar líneas fueron los genotipos 4(NSSJV), 6(NSSK2), 8(NSSKZ) y 10(NSSM9).

No obstante, de acuerdo a los IS el probador que se sugiere utilizar para seleccionar líneas y generar simultáneamente buenos híbridos por tener mayor contribución para las variables evaluadas es el probador 8 (NSSKZ).

VI. RESUMEN

En este trabajo se persiguen los objetivos siguientes i) Evaluación de 144 cruzas de prueba de maíz en 10 ambientes de interés en Sinaloa, para seleccionar los de mayor potencial agronómico y estables utilizando como apoyo el modelo SREG; ii) Clasificar los ambientes de evaluación por su capacidad de discriminar genotipos y descubrir que ambientes son los más representativos en Sinaloa; iii) Estimar el valor genético de las líneas en base a su ACG e identificar probadores con mayor poder de discriminación; iv) Identificar las mejores líneas, probadores y cruzas superiores a partir de los valores de índices de selección. El material genético utilizado, propiedad de la empresa *Pioneer*, consto de 12 líneas S₅ y 12 líneas elites usadas como probadores, mismos que fueron apareados generando 144 híbridos. La evaluación de estos genotipos se realizó en diez ambientes del estado de Sinaloa durante el 2009-2010 del ciclo O-I, en la cual se incluyeron cuatro testigos comerciales dos pertenecientes a la misma empresa y las dos más a otra empresa diferente. Las variables evaluadas fueron rendimiento, humedad, floración macho y hembra, estas dos últimas en solo tres ambientes (Ahome, Guasave y Villa Juárez). Para la variable rendimiento fue analizado bajo un diseño de bloques al azar, se estimaron los efectos de aptitud combinatoria mediante el diseño un análisis línea x probador para cada variable. También se exploró la interacción genotipo ambiente y la interacción línea x probador para

conocer la respuesta de los híbridos en los ambientes, la respuesta de las líneas ante los probadores, y su estabilidad mediante el modelo SREG auxiliándose a graficas biplot GGE. La estimación del índice de selección (IS) se realizó para cada híbrido en él se integró los valores de ACE de rendimiento de grano, por ciento de humedad y floración macho y hembra y valores de ACG para líneas y probadores. El modelo SREG y los valores de IS mostraron que el híbrido 118 (SSSGF/NSSM9) fue uno de los mas rendidores y estables a través de ambientes y por tener el valor de índice más pequeño más cerca se encuentra el genotipo de los criterios deseados, es decir precoz y con buen rendimiento. Respecto a los progenitores, la línea 4 (SSSG9) manifestó una buena ACG y el probador 8 (NSSKZ) un mayor potencial para diferenciar líneas, mismos que tuvieron el IS más bajo, catalogándolos como los mejores. Finalmente los ambientes que expresaron mayor poder para discriminar a los genotipos fueron Culiacancito, Santa Blanca y Ahome, sin embargo, Quila resultó ser el más representativo.

VII. LITERATURA CITADA

- Acikgoz E., A. Ustun., I. Gul., E. Anlarsal., A. S. Tekeli., I. Nizam., R. Avcioglu., H. Geren., S. Cakmakci., B. Aydinoglu., C. Yucel., M. Avci., Z. Acar., I. Ayan., A. Uzun., U. Bilgili., M. Sincik y M. Yavuz. 2009. Genotype x environment interaction and stability analysis for dry matter and seed yield in field pea (*Pisum sativum* L.). In: Spanish Journal of Agricultural Research. 7(1), 96-106.
- Ahmed E.A.; H.S. Ibn Oaf.; A.E. El Jack. 2003. Combining Ability and Heterosis in Line x Tester Crosses of Summer Squash (*Cucurbita pepo* L.) Cucurbit Genetics Cooperative Report 26:54-56
- Alfaro, Y. y V. Segovia. 2007. Mejoramiento de maíces amarillos. In: ASOPORTUGUESA (Ed.). Memorias del XIII Curso de Producción de Maíz. Araure, estado Portuguesa. Venezuela.
- Allison, J. C. S., and R. N. Curnow. 1966. On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). Crop Sci. Vol. 6, pp. 541-544.
- Alwawi H.; M. Moulla; W. Choumane; 2010. Genotype-Environment Interaction and Genetic Parameters in Chickpea (*Cicer arietinum* L.) Landraces. *Journal of Agricultural Science*. Vol. 2, No.1, pp. 154-161.
- Asfaw A.; F. Alemayehu; F. Gurum and M. Atnaf. 2009. AMMI and SREG GGE biplot analysis for matching varieties onto soybean production

- environments in Ethiopia. In: Scientific Research and Essay Vol. 4 (11) pp. 1322-1330.
- Baker, R. J. 1996. Selection Indices in Plant Breeding. CRC Press Boca Raton, Florida, Versity, USA. 218 p.
- Balestre M.; R.G. Von Pinho; J.C. Souza and R.L. Oliveira. 2009. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. In: Genetics and Molecular Research 8 (4).pp. 1311-1322.
- Barreto, H. J., J. A. Bolaños, y H. S. Córdova. 1991. Índice de Selección. Guía para la Operación del Software. Manual de Capacitación Regional. CIMMYT. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Guatemala, Guatemala.
- Bartolome V. and G. Gregorio. 2000. An interactive macro program for line x tester analysis. International Rice Research Institute (IRRI). Los Baños, Philippines.
- Becker, W. A. 1985. Manual of Quantitative Genetics. 4th Edition. Academic Enterprises. Pullman, Washington, USA. 188 p.
- Bejarano, A. 2003. Descripción y prueba del híbrido simple de maíz amarillo FONAIAP 1. Agronomía Trop. 53 (4): 501-506.
- Brancourt, H. M. 1999. Crop diagnosis and probe genotypes for interpreting genotype environment interaction in winter wheat trials. *In: Theor. Appl. Genet.*, 1999: 1018-1030.
- Cárdenas O.; Noguera C.; Galindo P.; Villardon J. L. 2006. Alternativa a la regresión con componentes principales basada en biplot de regresión. In:

- Revista de Ciencia y Tecnología de América, (interciencia). Vol. 31, núm. 003, pp. 160-167.
- Celis A. H; J. D. Molina. G. y A. Martínez G. 1986. Estimación de parámetros genéticos e índices de selección de la variedad de maíz (*Zea mays* L.) Zac 58. Agrociencia. Vol. 63:134-136.
- Ceyhan E.; Mehmet A. A.; S. Karada. (2008). Line X tester analysis in pea (*Pisum sativum* L.): Identification of superior parents for seed yield and its components. In: African Journal of Biotechnology Vol. 7 (16), pp. 2810-2817.
- De la Cruz L. L.; Sánchez G. J.; Ron P. J.; Santacruz R. F.; Rodríguez G. E.; Ruiz C. J.; Morales R. M. 2008. Probadores de maíz para factores de incompatibilidad gametofítica. In: Rev. Fitotec. Mex. Vol. 31, núm. 4, pp. 341-349.
- Dhliwayo T.; Pixley K.; Menkir A. and Warburton M. (2009). Combining Ability, Genetic Distances, and Heterosis among Elite CIMMYT and IITA Tropical Maize Inbred Lines. In: Crop Sci. 49:1201–1210
- Eberhart, S.A. and W.A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Sci. 6: 36-40.
- Ferh, W. R. 1993. Principles of cultivar development. Theory and technique. Ames. Iowa 50.011 USA. p. 115-119.
- Ferreira D. F.; Borges D. C.; Frederick J. B.; De Almeida M. A.; Vencovsky R. 2006. Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating

- phenotypic stability in plant breeding. In: Cerne, Lavras. Vol. 12, num. 4, pp. 373-388.
- García Z. J; Molina G. J; López R. J. 2002. La Selección Masal como Método para Obtener Líneas de Alta Aptitud Combinatoria Específica en Maíz. In: Rev. Fitotec. Mex. Vol. 25, núm. 3, pp. 299-304.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. Aust. J. Biol. Sci. 9:463-493.
- Hazel, L. N. and J. L. Lush. 1942. The efficiency of three methods of selection. Jour.
- Henning, J. A. and L. R. Teuber. 1996. Modified convergent improvement: A breeding method for multiple trait selection. Review and interpretation. Crop. Sci. 33: 393-399. Hered. 33:393-399.
- Ibañez, M. A.; Cavanagh, M. M.; Bonamico, N. C.; Di Renzo, M.A. 2006. Análisis grafico mediante biplot del comportamiento de híbridos de maíz. In: RIA. Revista de Investigaciones Agropecuarias. Vol. 35, núm. 003, pp. 83-93.
- Imran. S; H. Nawaz; N. Mahmood; M. Munir. 2004. General and specific combining ability studies in maize diallel crosses. In: International Journal of Agriculture Biology. Vol. 6, No. 5. pp. 856–859.
- Kempthorne, O. (1957). An Introduction to genetic statistics. John Wiley and Sons, Inc. New York, USA pp 468-473.
- Lobato-Ortiz R.; Molina-Galán J. D.; López-Reynoso J. de J.; Mejía-Contreras J. A; D. Reyes-López. 2010. Criterios para elegir el mejor probador de la

- aptitud combinatoria general para rendimiento de grano de líneas autofecundadas de maíz. In: *Agrociencia* Vol. 44, núm. 1, pp. 17-30.
- Márquez F. 1991. *Genotecnia Vegetal; Métodos teoría y resultados*. Tomo III. Ed. AGT. México D.F. 408p.
- Mendoza E. M.; A. Oyervides; S. A. Rodríguez. 2000. Efecto de dos probadores en la selección de líneas de maíz tropical. In: *Revista Fitotecnia Mexicana*, vol.23 Núm.001., pp.79-86.
- Meseka S.K.; A. Menkir and A.E.S. Ibrahim. 2008. Yield potential and yield stability of maize hybrids selected for drought tolerance. In: *Journal of Applied Biosciences*. Vol. 3: 82 - 90.
- Mohammed M. I.2009. Line x tester analysis across locations and years in Sudanese x exotic lines of forage sorghum. *Journal of Plant Breeding and Crop Science* Vol. 1(9). pp. 311-319.
- Morata, M. M., Presello, D. A., Gonzalez, M. P. & Frutos, E. 2003. Aptitud combinatoria entre líneas de maíz resistentes a Mal de Río Cuarto. *Fitopatología Brasileira* Vol. 28, num. 3, pp. 236-244.
- Narro L.; Pandey S.; Crossa J.; De Leon C. and Salazar F. 2003. Using Line x Tester Interaction for the Formation of Yellow Maize Synthetics Tolerant to Acid Soils. In: *Crop Sci.* vol. 43, pp. 1718–1728.
- Nestares G.; Frutos E. y Eyhérbide G. 1999. Evaluación de líneas de maíz flint colorado por aptitud combinatoria. In: *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, Vol.34, num.8, pp.1399-1406

- Okoh, J.O, Ojo, A.A. and Vange, T. 2007. Combining Ability and Heterosis of Oil Content in Six Accessions of Castor at Makurdi. In: Nature and Science. Vol. 5(4), pp. 18-23.
- Owolade O. F. 2006. Line x Tester Analysis for Resistance to Cassava Anthracnose Disease. In: World Journal of Agricultural Sciences 2 (1): 109-114.
- Panhwar S. A.; M. J. Baloch; W. A. Jatoi; N.F. Veesar and M.S. Majeedano. 2008. Combining ability estimates from line x tester mating design in upland cotton. In: Proc. Pakistan Acad. Sci. Vol. 45. (2), pp. 69-74.
- Peña, D. A. Z. 2008. Identificación de germoplasma con atributos para desarrollar híbridos de maíz. Tesis de maestría. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista Saltillo Coahuila, México.
- Putto W.; A. Patanothai; S. Jogloy, and G. Hoogenboom. 2008. Determination of Mega-Environments for Peanut Breeding Using the CSM-CROPGRO-Peanut Model. In: CROP SCIENCE, VOL. 48, pp. 973–982.
- Rissi R. and Hallauer A.R. 1991. Elaluation of four testers for evaluating maize (Zea mays L.) lines in a hybrid development program. In: Rev. Brasil. Genet. Vol. 14, num. 2, pp. 467-481.
- Rodríguez J.E.; Sahagún J.; Villaseñor H. E.; Molina J. D.; Martínez A. 2005. Interaction genotype x environmentin the characterization of rainfed areas for wheat. In: Agrocienca. Vol. 39, num. 001. pp. 51-64.

- Ruales, E. F. R; C. Manrique, P. 2007. Use of Principal Component Analysis for building up a production-type index for Romosinuano (*Bos taurus*) cattle. *Rev. Col Cienc Pec* 20: 124-128.
- Sabaghnia N.; H. Dehghani and Hossain S. S. 2008. Graphic Analysis of Genotype by Environment Interaction for Lentil Yield in Iran. In: *Agronomy Journal*. Vol. 100, num. 3, pp. 760-764.
- Secretaria de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA) 2009. Servicio de información y estadísticas Agroalimentaria y Pesquera. Subsistema de Información Agrícola. México D.F.
- Sholihin. 2009. The genotypes x environment interaction for starch yield in nine-month old cassava promising clones. In: *Indonesian Journal of Agricultural Science* 10(1), 2009: 12-18.
- Sierra M., F. Márquez; R. Valdivia; H. Córdova; R. Lezama; A. Pescador. 2004. Use of testers in selecting inbred lines to develop maize (*Zea mays* L.) hybrids. In: *Agricultura Técnica en México*, Vol.30 Núm. 2., pp. 169-181.
- Sierra M.; F. Márquez; R. Valdivia; O. Cano; F. A. Rodríguez. 2000. Aptitud combinatoria general y específica de líneas tropicales de maíz usando probadores. In: *Agronomía Mesoamericana*. Vol. 11, núm. 001. pp.103-112.
- Singh, R. K. and B. D. Chaudary. 1985. *Biometrical methods in Quantitative Genetic Analysis*. Kalyani Publishers. New Delhi, India. 319 pp.
- Vacaro, E.; J. Fernandes, B. Neto; D.G. Pegoraro; C.N. Nuss and L. H. Conceicao, 2002. Combining ability of twelve maize populations. *Pesq. Agropec. Bras., Brasília*, Vol. 37, núm. 1, pp. 67–72.

- Vasal, S. K.; Vergara, N.; McLean. 1994. Estrategias en el desarrollo de híbridos tropicales de maíz. In: AGRONOMÍA MESOAMERICANA Vol. 5, pp. 184-189.
- Vergara A. N.; S. Rodríguez; H. Córdova. 2003. Potential of maize inbred lines to improve hybrids. In: Revista Fitotecnia Mexicana, vol. 26 (4): 291-299.
- Vergara A. N.; S. Rodríguez; H. Córdova. 2005. Aptitud combinatoria general y específica de líneas de maíz (*Zea mays*) tropical y subtropical. In: Agronomía Mesoamericana. Vol. 16 núm. 002. pp. 137-143.
- Vergara, A. N; Rodríguez H. S; Córdova, O. H. 2005. Evaluación de líneas tropicales de maíz (*Zea mays*) como fuente de alelos favorables para mejorar híbridos simples elites. In: Agronomía Mesoamericana Vol. 16, núm. 2, pp. 127-136.
- Viana S. J. M. and Matta F. P. 2003. Analysis of general and specific combining abilities of popcorn populations, including selfed parents. In: Genetics and Molecular Biology, Vol. 26, núm. 4, pp. 465-471.
- Welcker C.; C. The´ ; B. Andreau; C. De Leon; S. N. Parentoni; J. Bernal; J. Felicite; C. Zonkeng; F. Salazar; L. Narro; A. Charcosset and W. J. Horst. 2005. Heterosis and Combining Ability for Maize Adaptation to Tropical Acid Soils: Implications for Future Breeding Strategies. In: Crop Sci. Vol. 45, pp. 2405–2413
- Xia X. C., J.C. Reif, A. E. Melchinger; M. Frisch; D. A. Hoisington; D. Beck; K. Pixley, and M. L. Warburton. 2005. Genetic Diversity among CIMMYT Maize Inbred Lines Investigated with SSR Markers: II. Subtropical,

- Tropical Midaltitude, and Highland Maize Inbred Lines and their Relationships with Elite U.S. and European Maize. In: *Crop Sci.* Vol. 45, pp. 2573–2582.
- Yan, W y I. Rajcan. 2002. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42: 11-20.
- Yan, W y L.A. Hunt. 2001. Interpretation of genotype x environment interaction for winter wheat yield in Ontario. *Crop Sci.* 41: 19-25.
- Yan, W. 2002. Singular-value partitioning in biplot analysis of multienvironment trial data. *Agron. J.* 94: 990-996.
- Yan, W., L.A. Hunt., Q. Sheng and Z. Szlavnic. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. In: *Crop Science.* Vol. 40, núm. 3, pp. 597-605.
- Yan, W., P.L. Cornelius, J. Crossa y L.A. Hunt. 2001. Two types of GGE biplots for analyzing multi-environmental trial data. *Crop Sci.* 41:656-663.
- Zombel R. W., M. J. Wright, and H.G. Gauch. 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388-393.

VIII. APÉNDICE

Cuadro 8.1 Agrupación estadística de 10 ambientes en base a la prueba de Tukey.

Ambiente	Media				
3	13.834	A			
7	13.671	A	B		
10	13.586	A	B		
8	13.295	A	B	C	
4	13.15		B	C	
9	12.87			C	
5	12.821			C	
2	12.185				D
1	11.022				E
6	7.549				F

Diferencias de media por la prueba tukey al 95 %

Cuadro 8.2 Valores de ACG de líneas y probadores en base a rendimiento

LINEA	ACG	PROBADOR	ACG
12	0.732	12	0.620
2	0.316	10	0.578
4	0.316	8	0.382
5	0.187	4	0.097
9	0.096	11	0.023
8	0.096	9	-0.055
7	0.075	1	-0.067
1	-0.043	5	-0.173
6	-0.108	6	-0.187
10	-0.253	3	-0.241
3	-0.301	2	-0.467
11	-1.114	7	-0.508

Cuadro 8.3 Claves y Pedigree de híbridos experimentales.

No. Híbrido	Pedigree	No. Híbrido	Pedigree	No. Híbrido	Pedigree
1	SSSG6/NSS0E	49	SSSGA/NSS0E	97	SSSGE/NSS0E
2	SSSG6/NSSGD	50	SSSGA/NSSGD	98	SSSGE/NSSGD
3	SSSG6/NSSGZ	51	SSSGA/NSSGZ	99	SSSGE/NSSGZ
4	SSSG6/NSSJV	52	SSSGA/NSSJV	100	SSSGE/NSSJV
5	SSSG6/NSSJZ	53	SSSGA/NSSJZ	101	SSSGE/NSSJZ
6	SSSG6/NSSK2	54	SSSGA/NSSK2	102	SSSGE/NSSK2
7	SSSG6/NSSK4	55	SSSGA/NSSK4	103	SSSGE/NSSK4
8	SSSG6/NSSKZ	56	SSSGA/NSSKZ	104	SSSGE/NSSKZ
9	SSSG6/NSSM5	57	SSSGA/NSSM5	105	SSSGE/NSSM5
10	SSSG6/NSSM9	58	SSSGA/NSSM9	106	SSSGE/NSSM9
11	SSSG6/NSSRV	59	SSSGA/NSSRV	107	SSSGE/NSSRV
12	SSSG6/NSSVJ	60	SSSGA/NSSVJ	108	SSSGE/NSSVJ
13	SSSG7/NSS0E	61	SSSGB/NSS0E	109	SSSGF/NSS0E
14	SSSG7/NSSGD	62	SSSGB/NSSGD	110	SSSGF/NSSGD
15	SSSG7/NSSGZ	63	SSSGB/NSSGZ	111	SSSGF/NSSGZ
16	SSSG7/NSSJV	64	SSSGB/NSSJV	112	SSSGF/NSSJV
17	SSSG7/NSSJZ	65	SSSGB/NSSJZ	113	SSSGF/NSSJZ
18	SSSG7/NSSK2	66	SSSGB/NSSK2	114	SSSGF/NSSK2
19	SSSG7/NSSK4	67	SSSGB/NSSK4	115	SSSGF/NSSK4
20	SSSG7/NSSKZ	68	SSSGB/NSSKZ	116	SSSGF/NSSKZ
21	SSSG7/NSSM5	69	SSSGB/NSSM5	117	SSSGF/NSSM5
22	SSSG7/NSSM9	70	SSSGB/NSSM9	118	SSSGF/NSSM9
23	SSSG7/NSSRV	71	SSSGB/NSSRV	119	SSSGF/NSSRV
24	SSSG7/NSSVJ	72	SSSGB/NSSVJ	120	SSSGF/NSSVJ
25	SSSG8/NSS0E	73	SSSGC/NSS0E	121	SSSGG/NSS0E
26	SSSG8/NSSGD	74	SSSGC/NSSGD	122	SSSGG/NSSGD
27	SSSG8/NSSGZ	75	SSSGC/NSSGZ	123	SSSGG/NSSGZ
28	SSSG8/NSSJV	76	SSSGC/NSSJV	124	SSSGG/NSSJV
29	SSSG8/NSSJZ	77	SSSGC/NSSJZ	125	SSSGG/NSSJZ
30	SSSG8/NSSK2	78	SSSGC/NSSK2	126	SSSGG/NSSK2
31	SSSG8/NSSK4	79	SSSGC/NSSK4	127	SSSGG/NSSK4
32	SSSG8/NSSKZ	80	SSSGC/NSSKZ	128	SSSGG/NSSKZ
33	SSSG8/NSSM5	81	SSSGC/NSSM5	129	SSSGG/NSSM5
34	SSSG8/NSSM9	82	SSSGC/NSSM9	130	SSSGG/NSSM9
35	SSSG8/NSSRV	83	SSSGC/NSSRV	131	SSSGG/NSSRV

36	SSSG8/NSSVJ	84	SSSGC/NSSVJ	132	SSSGG/NSSVJ
37	SSSG9/NSS0E	85	SSSGD/NSS0E	133	SSSJ4/NSS0E
38	SSSG9/NSSGD	86	SSSGD/NSSGD	134	SSSJ4/NSSGD
39	SSSG9/NSSGZ	87	SSSGD/NSSGZ	135	SSSJ4/NSSGZ
40	SSSG9/NSSJV	88	SSSGD/NSSJV	136	SSSJ4/NSSJV
41	SSSG9/NSSJZ	89	SSSGD/NSSJZ	137	SSSJ4/NSSJZ
42	SSSG9/NSSK2	90	SSSGD/NSSK2	138	SSSJ4/NSSK2
43	SSSG9/NSSK4	91	SSSGD/NSSK4	139	SSSJ4/NSSK4
44	SSSG9/NSSKZ	92	SSSGD/NSSKZ	140	SSSJ4/NSSKZ
45	SSSG9/NSSM5	93	SSSGD/NSSM5	141	SSSJ4/NSSM5
46	SSSG9/NSSM9	94	SSSGD/NSSM9	142	SSSJ4/NSSM9
47	SSSG9/NSSRV	95	SSSGD/NSSRV	143	SSSJ4/NSSRV
48	SSSG9/NSSVJ	96	SSSGD/NSSVJ	144	SSSJ4/NSSVJ
