

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Selección de Híbridos en Maíz Precomercial con Base a Comportamiento
Agronómico y Estabilidad para el Sureste de México

Por:

EDUARDO HERNÁNDEZ ALONSO

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Saltillo, Coahuila, México

Marzo 2015

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Selección de Híbridos en Maíz Precomercial con Base a Comportamiento
Agronómico y Estabilidad para el Sureste de México

Por:


EDUARDO HERNÁNDEZ ALONSO


TESIS


Presentada como requisito parcial para obtener el título de:


INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Aprobada:


Dr. Humberto De León Castillo
Asesor Principal


Dr. Valentín Robledo Torres
Coasesor


Ing. Alexander López Hernández
Coasesor


Dr. Leobardo Bañuelos Herrera
Coordinador de la División de Agronomía
Coordinación
División de Agronomía

Saltillo, Coahuila, México
Marzo 2015

AGRADECIMIENTOS

A **DIOS** por haberme prestado la vida y salud gracias a esto permitido culminar una etapa más en mi vida, por guiarme en el camino correcto y concluir mi carrera profesional.

A mi **ALMA TERRA MATER** por haber permitido ser parte de ella y ser mi segundo hogar durante mi formación profesional

Al **Dr. Humberto de León Castillo** por la amistad, los sabios consejos, la paciencia y sobre todo por la confianza puesta en mí para la realización de esta tesis, así como su gran disposición y aportaciones sugeridas.

Al **Dr. Valentín Robledo Torres** por estar en la mejor disposición en todo momento, gracias por su colaboración y disposición como jurado examinador de este trabajo de tesis.

Al **Ing. Alexander López Hernández** por la amistad y el apoyo brindado durante mi estadía en la empresa en la que laboramos y por estar en la mejor disposición para participar como jurado examinador de este trabajo de tesis.

Al **M.C. Rosendo Hernández Martínez** por la confianza y apoyo que me brindo, por la disposición y tiempo que te tomaste para la revisión y corrección del presente trabajo.

A **Claudia Irais Lucas Ruiz** por el cariño, amor, amistad y apoyo incondicional, así como todo aquello que aprendí a tu lado, hiciste que el tiempo se me hiciera más ameno, por estar con migo en esos momentos buenos y malos que compartimos juntos aunque no serán los últimos vendrán más por delante.

A mis amigos que me dieron apoyo incondicional desde que inicie esta nueva etapa de mi vida, **Urbano Domínguez**, y **Victoria Casiano**, muchas gracias por todos estos años de amistad.

A mis compañeros y amigos de la generación CXVIII, **Ismael Nieblas, Jaime Gutiérrez, Adolfo Hernández, María de Jesús Jáuregui, Dulce Corazón, Irma Leticia, Sara Guadalupe, Verónica Robles, Ícela Hernández, Juan Gerardo Santizo, Manuel Torres, Antonio vela, Emir roblero, Eduardo Pineda, Juan Bonilla, Jorge Garza, Teodoro Jacobo, Gregorio Ramírez, Jesús Adame, Andrés Hernández, Arturo Ponciano, Alonso Constantino, Lizbeth Díaz, Rafael Novoa, Rodolfo Rodríguez, Víctor Bañuelos**, gracias por los momentos inolvidables que compartimos y sobre todo por su amistad.

A mis amigos de otras carreras; **Miguelina Silvaran, Norma Ángel, Mónica Alik, Estefany Huerta, Su Ying Loo, Gaby Colín, Itandehui Esparza, Lizbeth García, Leticia Armas, Ricardo Alcázar, Miguel ángel Gómez, Leo Medina**, Gracias por su amistad por los momentos compartidos y el apoyo que me brindaron.

DEDICATORIAS

A mis padres:

Ernesto Hernández Hernández y Eleuteria Alonso García. Los amo.

A mi padre, por el cariño y apoyo que me has dado y por todos aquellos sacrificios que has hecho por mí y por mis hermanos, por ser un ejemplo a seguir y enseñarnos a nunca rendirnos.

A mi madre, gracias por darme la vida, por tu amor y cariño, por ser mi consejera, comprender y respetar mis decisiones, nunca podre pagar todos los sacrificios que has hecho por mí.

A mis hermanos, **Gabriel Hernández Alonso, Esmeralda Hernández Alonso y Héctor Hernández Alonso**, por todas las alegrías y tristezas que hemos compartido por que más que mis hermanos son mis amigos que me han apoyado y que siempre han estado conmigo acompañándome, gracias por ser los mejores hermanos, nunca olviden que los quiero y que a pesar de los obstáculos siempre saldremos adelante.

Nuevamente a ti mi princesa, **Claudia Irais Lucas Ruiz** por estar hay para apoyarme en todo momento, Muchas gracias.

A mis tíos, **Dionisio Alonso García, Anselma López Aquino**, personas a quienes respeto y admiro, por el apoyo moral y los consejos, muchas gracias.

A toda mi familia que sin su apoyo no hubiera alcanzado mi meta, en especial a mis abuelos **Juan Alonso Nava Cortes** (†), por haber compartido parte su vida, se te extraña abuelo, **María Magdalena García, Odilón Hernández Vicencio y Alicia Hernández** (†), no puede estar el día de tu partida pero siempre te recordare, por que fuiste como mi segunda madre siempre se te extrañara. Gracias por todo su apoyo, los amo.

ÍNDICE DE CONTENIDO

| | |
|---|------|
| ÍNDICE DE CUADROS | viii |
| ÍNDICE DE FIGURAS | x |
| I. INTRODUCCIÓN | 1 |
| Objetivos:..... | 4 |
| Hipótesis:..... | 4 |
| II. REVISIÓN DE LITERATURA | 5 |
| Importancia de los híbridos en regiones del trópico húmedo..... | 5 |
| Importancia de los ambientes en los ensayos de rendimiento..... | 8 |
| Interacción genotipo-ambiente..... | 11 |
| Índices de selección | 20 |
| III. MATERIALES Y MÉTODOS | 22 |
| Material genético | 22 |
| Localidades de evaluación..... | 22 |
| Parcela experimental | 22 |
| Labores culturales | 23 |
| Variables agronómicas de interés..... | 24 |
| Manejo estadístico de los datos agronómico | 27 |
| Análisis de varianza de 13 variables agronómicas | 27 |
| Índices de selección | 29 |

| | |
|---|-----------|
| Análisis de regresión en los sitios SREG..... | 32 |
| Criterios de selección | 33 |
| IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN..... | 34 |
| Análisis de Varianza Combinado | 34 |
| Análisis de varianza por entidad federativa..... | 39 |
| Selección de híbridos en base a su Índice de Selección | 46 |
| Análisis de estabilidad y selección de híbridos por IS mediante el modelo de SREG. | 49 |
| V. CONCLUSIONES..... | 51 |
| VI. RESUMEN..... | 52 |
| VII. LITERATURA CITADA | 54 |

ÍNDICE DE CUADROS

| | |
|--|----|
| Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de 12 híbridos experimentales y 8 testigos, evaluados en 15 localidades en los estados de Campeche, Chiapas y Veracruz. Considerando 13 variables agronómicas. | 35 |
| Cuadro 4.2. prueba de desviación mínima significativa de los Tipos de Híbrido (Experimentales y Comerciales). | 38 |
| Cuadro 4.3. Cuadrados medios del análisis de varianza de 5 localidades en el estado de Campeche. Considerando 12 variables agronómicas. | 40 |
| Cuadro 4.4. Cuadrados medios del análisis de varianza de 6 localidades en el estado de Chiapas. Considerando 10 variables agronómicas. | 41 |
| Cuadro 4.5. Cuadrados de la media del análisis de varianza de 4 localidades del estado de Veracruz. Considerando variables agronómicas | 42 |
| Cuadro 4.6. Agrupamiento estadístico de 15 Localidades en base a la media de TUKEY para la variable de rendimiento de 20 híbridos. | 46 |

Cuadro 4.7. Cuadrados medios del análisis de varianza con base a los valores de índices de selección (integrado por rendimiento, humedad y calificación de planta) de 20 híbridos a través de 15 localidades.....47

ÍNDICE DE FIGURAS

| | |
|--|----|
| Figura 1. Grafico biplot del modelo SREG para observar los patrones de respuesta de los 20 híbridos y las 15 localidades..... | 51 |
|--|----|

I. INTRODUCCIÓN

En el trópico húmedo, el maíz es un cultivo de gran relevancia para los productores, sin embargo, la producción por hectárea de este cereal es significativamente pobre, principalmente por el bajo uso de semillas mejoradas, siendo la utilización de híbridos una de las principales alternativas para obtener los máximos rendimientos por unidad de superficie, y al mismo tiempo mejorar la economía del agricultor.

Hasta el año 2012, el total de la superficie sembrada de maíz a nivel nacional con semillas mejoradas era de 46% y el resto de semilla criolla. En particular para los tres estados más representativos del trópico húmedo y considerados en este trabajo, la información es la siguiente: en el estado de Campeche se siembran 168,028 ha, de la cual el 57% se sembró con semilla mejorada y 43% con semilla criolla, Chiapas siembra 705,242 ha, del cual el 33% se sembró con semilla mejorada y 67% con semilla criolla, en el estado de Veracruz se siembran 573,904 ha, del cual es 51% se sembró con semilla mejorada y 49% con semilla criolla (SIAP-2012).

Esto sugiere emprender programas de mejoramiento genético específicos, para estas regiones lo cual es, altamente difícil dado la tremenda

variabilidad ambiental y étnica que se encuentra en esas regiones húmedas de la república; de la misma forma, si dichos programas partieran de variedades criollas regionales, su mejoramiento tomaría bastante tiempo, dado que incrementar la frecuencia génica de los caracteres que se desean mejorar, significa un proceso de selección a largo plazo y que no garantizaría ganancias substanciales que justificarían la inversión (Márquez *et al.*, 2000).

Para esto se requiere la participación de programas de mejoramiento que tengan como objetivo principal, el desarrollo rápido de híbridos que posean características agronómicas, fisiológicas y morfológicas, superiores a los materiales originales, además de responder a las necesidades de los agricultores. Para lo cual es deseable determinar buenos ambientes predictores del comportamiento de los genotipos, generalmente enmascarados por la interacción genotipo-ambiente y por lo tanto complica la selección.

La identificación de un ambiente de prueba ideal en base a la habilidad de discriminación y la representatividad, implica hacer selección sobre los sitios que podrían tener la más alta probabilidad de representar realmente genotipos superiores que se desempeñen bien en todas las localidades de la región. Mayores beneficios para los mejoradores podrían incluir el incremento de la eficiencia de selección en localidades discriminantes y suspender el uso de localidades de pobre discriminación (Blanche y Myers, 2006)

Un ambiente representativo permite evaluar el comportamiento de los genotipos en condiciones agroecológicas particulares del cultivo en una región. Mientras que un ambiente con representatividad genera información para una adaptación más amplia del genotipo en ambientes similares. La utilidad práctica es para priorizar la investigación en aquellas localidades más apropiadas para identificar genotipos superiores.

La estrategia de un programa de desarrollo de híbridos, debe estar orientada y evolucionar a través del tiempo para lograr objetivos a corto plazo, satisfaciendo la necesidad de identificar y liberar híbridos superiores, tal es el caso del programa de mejoramiento de la empresa Pioneer en el trópico húmedo, que está comprometida a desarrollar genotipos que poseen características agronómicas deseables en cuanto a rendimiento, calidad, sanidad, resistencia a factores bióticos y abióticos en los diferentes ambientes de producción, del cual se desprende el presente trabajo de investigación con la finalidad de evaluar nuevos genotipos en diferentes ambientes e identificar cuál es el genotipo más sobresaliente para las entidades federativas de Veracruz, Campeche y Chiapas donde se desea impactar.

Objetivos:

- Explorar la variabilidad que hay en los componentes del modelo de evaluación empleado.
- Seleccionar los mejores materiales, con base en un índice de selección fenotípico y estabilidad, que logren superar a los testigos y pueden ser utilizados comercialmente.
- Determinar la localidad más representativa y de mayor poder de discriminación.

Hipótesis:

- De los genotipos experimentales evaluados al menos uno será superior a los testigos comerciales, en cuanto a su potencial y las características agronómicas.
- De los ambientes de evaluación al menos uno permitirá la expresión máxima de los genotipos experimentales.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Importancia de los híbridos en regiones del trópico húmedo.

En México, una parte considerable de la población se encuentra concentrada en zonas rurales. El cultivo del maíz es particularmente importante para ellos, pues es el principal alimento en su dieta y el grano más cultivado. Por tanto, el maíz es un elemento importante en el modo de vida de gran parte de los campesinos (Muños, 2005).

En zonas marginadas de México la mayor parte de los agricultores que cultivan maíz lo destinan al autoconsumo. Estos agricultores utilizan todavía variedades locales y generalmente ellos mismos se encargan de producir su semilla. En países en desarrollo el uso de semillas mejoradas permitirá alcanzar niveles competitivos en la producción. Sin embargo, en México el uso de semilla mejorada de maíz es escaso, pues se estima que solo es de 26 a 33% (Espinosa *et al.*, 2003).

La ineficiencia de las cadenas de semillas explica en parte la no adopción del maíz mejorado, pero también es cierto que los productores toman

la decisión deliberada de seguir sembrando las variedades criollas (Hellin *et al.*, 2013). Existen evidencia de que esto se debe en parte a la existencia de mercados especializados de maíz, que aceptan y a veces exigen características que solo los maíces criollos poseen (Keleman y Hellin, 2009).

Copeland y McDonald (2001), mencionan que las semillas de variedades mejoradas e híbridos son el medio para incrementar el rendimiento y calidad de las cosechas, al servir como puente entre el mejoramiento genético (la investigación) y el productor.

La adopción de semilla mejorada e híbridos es un proceso de cambio, por lo que conviene que los asesores técnicos e investigadores agrícolas se familiaricen con los factores agroecológicos y sociales que intervienen en el proceso, para apoyar y orientar con eficiencia a los productores (González *et al.*, 2008).

En la región tropical del sureste de México se cultivan con maíz 2.5 millones de hectáreas, con un rendimiento medio de 2.0 t ha⁻¹. Este bajo nivel de producción es debido principalmente al limitado uso de semilla mejorada, a la incidencia de enfermedades foliares como el “Achaparramiento” causado por *Spiroplasma kunkelli* y pudriciones de mazorca ocasionadas por los hongos

Diplodia maydis y *Fusarium moniliforme* y al acame provocado por los vientos violentos.

Un estudio realizado en 2007 por la PROMAF, menciona que algunos estados en zonas rurales apostaron al uso de semilla mejorada como estrategia de mejoramiento de los niveles de producción, como es el caso de Guerrero, Campeche, Chiapas, Colima, Jalisco, Guanajuato, entre otros. Sin embargo, también conviene resaltar el bajo porcentaje de parcelas con semilla mejorada en los estados de México, Puebla, Veracruz entre otros.

Los rendimientos de maíz alcanzados en promedio utilizando semillas mejoradas fue de 3.26 t/ha en comparación con semillas criollas, lo que indica que la estrategia de cambio tecnológico con el uso de semillas mejoradas tuvo y tendrá efecto dependiendo de las condiciones climáticas de la zona de producción. Las semillas mejoradas, reportaron mejor comportamiento productivo, alcanzando incrementos de rendimientos superiores al 120.7% comparada con los criollos, pero, dependiendo de las características de los estados productores, el incremento puede ser mayor a 300%.

En términos de rendimiento, las variedades mejoradas han demostrado ser notablemente superiores a las nativas, pero los pequeños productores

suelen preferir sus variedades locales. Esto se debe a ciertas ventajas que se han identificado en las razas nativas, que en su mayoría se siembran en los terrenos edafo-climáticamente más limitativos (Turrent *et al.*, 2012). De hecho se han reportado razas que pueden sobrevivir donde las variedades mejoradas no tiene oportunidad (Vázquez *et al.*, 2012 y Bellon *et al.*, 2011).

Importancia de los ambientes en los ensayos de rendimiento

Ibáñez *et al.*, (2006) menciona que los ensayos comparativos de rendimiento multiambientales permiten identificar los genotipos de mejor rendimiento y los más estables, es decir, aquellos que mantienen su alto potencial productivo a través de un amplio rango de condiciones ambientales. La comparación y recomendación de los híbridos se dificulta cuando el comportamiento relativo entre los genotipos difiere de una condición ambiental a otra.

Acevedo *et al.*, (2010) mencionan que en la fase final de todo programa de mejoramiento genético los genotipos con alto potencial de rendimiento de grano y buenas características agronómicas deben ser evaluados en un conjunto de ambientes (localidades y años) en las principales zonas de producción del cultivo.

Lieutier (2006), destacó la necesidad de elegir los híbridos “por los niveles de productividad, pero directamente asociados al concepto de adaptabilidad o estabilidad en función del medio ambiente.”

Ramírez *et al.*, (2010) menciona que los genotipos responden diferencialmente a los factores del ambiente (principalmente plagas, enfermedades y temperaturas) que se manifiesta en diversos grados a lo largo de la estación del crecimiento y que impacta al rendimiento y la calidad del producto.

La caracterización ambiental juega un rol preponderante para definir estrategias de selección en los programas de mejoramiento genético. Es importante para efectuar la evaluación de nuevos cultivares en diferentes condiciones para estimar apropiadamente el potencial genético, productivo y la estabilidad fenotípica de los híbridos; además de proveer una estrategia confiable para seleccionar los mejores genotipos disponibles, para las nuevas localidades (Rodríguez *et al.*, 2005, Glaz y Kang, 2008).

La liberación de híbridos modernos de maíz, tolerantes a factores adversos, bióticos y abióticos, contribuirá a reducir las pérdidas poscosecha. Un adecuado entendimiento de los aspectos fisiológicos correlacionados con el

rendimiento y la incorporación de índices de selección más eficientes en las metodologías de mejoramiento para ambientes adversos, han mejorado las técnicas de selección (Córdova *et al.*, 2002).

Camargo *et al.*, (2003) menciona que la situación de cultivares en ensayos regionales repetidos anualmente en ambientes contrastantes, resulta en una serie de datos desbalanceados que requiere análisis especial para aprovechar la información generada a través de varios años y utilizando metodologías estadísticas que permiten identificar genotipos superiores utilizando datos balanceados. (Rodríguez *et al.*, 2002) argumenta que es importante conocer el modelo que mejor se ajuste a un determinado conjunto de datos, para elegir la variedad más estable y con mejor expresión en determinados ambientes

Según Beck (2002), para producir semilla de maíz es esencial seleccionar un ambiente de producción con abundante luminosidad durante la estación de crecimiento y con suficiente lluvia pero no excesiva, y bien distribuida, particularmente durante el periodo de floración.

Para lograr una agrupación adecuada de los ambientes en base a la identificación de problemas comunes, se deben considerar las relaciones del rendimiento de grano y otras características cuantitativas; tanto, los factores

abióticos (precipitación, altitud, tipo suelo etc.), como los bióticos (presión de plagas y enfermedades), los cuales pueden afectar la capacidad discriminatoria de las localidades (Blanche y Myers 2006).

Cruz (2005), indica que al evaluar un conjunto de genotipos en varios ambientes, se debe considerar un efecto adicional en la expresión del fenotipo que viene dado por la IGA. Así mismo, Ramalho *et al.*, (2000) explican que el efecto ambiental siempre se presenta como un factor de incertidumbre en las estimaciones de los parámetros genéticos.

Alejos *et al.*, (2006) para evaluar el comportamiento agronómico de los cultivares, generados de los programas de mejoramiento genético de cualquier rubro agrícola, es necesario medir la estabilidad relativa de los genotipos sometidos a la totalidad de los ambientes predominantes en una región potencial de adaptación. Las etapas finales de estos programas incluyen experimentos de evaluación en diferentes localidades durante varios años.

Interacción genotipo-ambiente

La IGA, es entendida como un cambio del comportamiento relativo de los genotipos a través de ambientes cambiantes, causa confusión en la estimación de parámetros genéticos, reduce la respuesta a la selección y dificultan la

identificación de genotipos superiores; su análisis e interpretación permite: identificar mega-ambientes al detectar genotipos en un grupo de ambientes diferentes o con el mayor rendimiento en uno de éstos, proponer estrategias de mejoramiento genético y generar tecnologías que permitan a los agricultores elegir la mejor variedad de una región o para sus condiciones ambientales (Yan y Kang, 2003).

Yan *et al.*, (2001) menciona que la respuesta diferencial de un genotipo o cultivar a través de diferentes ambientes es definida como interacción genotipo-ambiente (IGA). Los principales propósitos de los estudios de IGA son: Identificar cultivares con altos rendimientos para una región dada, determinar las localidades que mejor la representen, así como estimar la estabilidad de los genotipos a través de los ambientes antes de ser liberados a la producción comercial.

La mayoría de los programas de mejoramiento genético intentan producir variedades estables en su rendimiento, el carácter más importante para los agricultores cuando adoptan cultivares nuevos. La interacción genotipo ambiente, es una de las principales dificultades en los procesos de selección; la (IGA) ocasiona que los mejores genotipos varíen con el ambiente, y dificulten el proceso de selección de cultivares para la región particular (Yan y Holland., 2010).

La IGA no es directamente observable en ensayos multiambientales, sino que es un concepto usado para contemplar la inconsistencia de diferencias entre los desempeños de los genotipos a través de los ambientes. Los estudios de interacción permiten clarificar el entendimiento de adaptaciones en sentido amplio y en sentido estricto (o específicas de ambiente) (Kang *et al.*, 2004).

Lavoranti (2003), reporta que una baja eficiencia en el análisis de la IGA representa un problema para los mejoradores, al reducir la presión de selección de los ambientes.

Suwarto *et al.*, (2011) menciona que muchos Investigadores agrícolas han sido conscientes durante mucho tiempo en las diversas implicaciones de IGA en programa de mejoramiento. La IGA tiene un impacto negativo sobre la heredabilidad. La comprensión de la estructura y naturaleza de IGA es importante en el programa de mejoramiento de plantas debido a que una significativa IGA puede perjudicar seriamente los esfuerzos de selección superior de genotipos en relación con la introducción de nuevos cultivos para todos los entornos de interés o si deben desarrollar cultivares específicos para el entorno de un destino específico.

En las últimas fases del proceso de mejoramiento es necesario valorar las líneas candidatas a nuevas variedades en una amplia gama de condiciones ambientales para identificar las de alta productividad y estabilidad, de características agronómicas superiores. Sin embargo, las causas primarias de las diferencias entre genotipos en relación a la estabilidad de su producción se deben a la interacción genotipo x ambiente (IGA), de tal forma que la respuesta de los genotipos dependerá de las condiciones ambientales específicas donde se produzcan (Ferreira *et al.*, 2006).

La magnitud de la IGA se incrementa cuando las diferencias entre genotipos es amplia en los caracteres que les confieren resistencia a uno o más factores ambientales adversos o bien debido a una amplia variación entre ambientes en la magnitud de la incidencia de dichos factores (Chataika *et al.*, 2010).

Gauch *et al.*, (2008) argumentan que con metodologías estadísticas y de mejoramiento apropiadas es posible entender las causas de la IGA. Así mismo, la efectividad de los análisis estadísticos aplicados a estos estudios puede ayudar a los genetistas a alcanzar mejores y más rápidos resultados.

Los modelos multivariados AMMI y SREG han sido ampliamente utilizados en análisis de estabilidad de híbridos y líneas de maíz (Fan *et al.*, 2007; Arulsevi y Selvi., 2010). El modelo de interacción multiplicativa y de efectos principales aditivos (AMMI) combina un análisis estándar de varianza con un análisis de componentes principales, mientras que el modelo de sitios de regresión (SREG) elimina el efecto de localidades y expresa únicamente la respuesta en función del efecto de genotipos y la interacción Genotipo x Ambiente (Kandus *et al.*, 2010)

Kandus *et al.*, (2010) Indican que ambos modelos pueden visualizarse gráficamente por medios de Biplots, las diferencias entre uno y otro radica en que en el análisis (AMMI) el Biplot únicamente muestra efectos de la interacción G x A, en cambio, el Biplot del modelo (SREG) muestra dichos efectos, pero también es posible identificar los genotipos superiores en cada ambiente.

Los modelos multivariados se propusieron como una herramienta de exploración que permite visualizar de una manera práctica los patrones de respuesta de las variables de clasificación y sus tendencias al agrupamiento. Por su parte los modelos aditivos permiten obtener información donde se puede medir la confiabilidad de la misma. Un empleo simultáneo de estos dos modelos permite mayor claridad en la interpretación de algunos datos, sobre todo de aquéllos que implican efectos aditivos y multiplicativos de forma conjunta.

Estos modelos combinan el análisis de varianza regular para los efectos principales aditivos con el ACP para la estructura multiplicativa de la interacción, y que no solo permiten estimar estabilidad, sino también evaluar localidades y, como consecuencia, clasificar ambientes con una salida gráfica bidimensional (biplot) de genotipos y ambientes (Gauch *et al.*, 2008).

Gauch *et al.*, (2008) consideran que la razón principal por la cual el modelo AMMI se considere apropiada para la investigación agrícola es que la parte del ANOVA de este modelo permite separar los efectos principales de genotipos y ambientes, de los efectos de la interacción con relativa facilidad y adicionalmente la parte relativa a los componentes principales permite separar la mayor proporción de la variación debida a la IGA en los primeros CPs, mientras descarta la proporción de la variación debida al error en los últimos CPs.

De León *et al.*, (2005) menciona que el procedimiento AMMI combina las técnicas del análisis de varianza (ANOVA) y el análisis de CPs en un solo modelo, donde el ANOVA permite estudiar los efectos principales de genotipos y ambientes, mientras que la interacción es tratada de forma multivariada a través de análisis de los CPs.

González *et al.*, (2010) mencionan que en la región del sureste de México los métodos multivariados, como el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (Modelo AMMI) y los análisis de componentes principales y de conglomerados han sido utilizados para estudiar las interrelaciones entre cultivares con ambientes (localidades, años o su interacción), con variables cuantitativas y con índices de estabilidad fenotípica; también se han empleado para hacer inferencias sobre el tipo de raza a la que pertenecen un grupo de cultivares, para estudiar los fenómenos de interacción genotipo x ambiente, o para generar tecnología agropecuaria y forestal, entre otros.

El modelo SREG se basa en un modelo similar al Modelo AMMI, pero los términos lineales de genotipos no se consideran individualmente y se adicionan al término multiplicativo de la interacción genotipo x ambiente. En este método se realiza una estandarización usando el error estándar de la media de cada genotipo dentro de ambientes, además, permite la representación simultánea de la variabilidad de genotipos y ambientes, basada en el análisis de componentes principales (Yan *et al.*, 2000).

El modelo de regresión de sitios (SREG) se utiliza para el análisis de los datos provenientes de ensayos comparativos de rendimiento multiambientales, en especial cuando el ambiente es la fuente de variación más importante en

relación con la contribución del genotipo y la IGA, proporciona un análisis gráfico del comportamiento (rendimiento y estabilidad) de los genotipos (Ibáñez *et al.*, 2006). Este gráfico permite identificar el genotipo de mayor potencial en cada ambiente y agrupar genotipos y ambientes con patrones similares de respuesta (Berti *et al.*, 2010).

Yan *et al.*, (2007) indican que los gráficos biplot GGE generados por el modelo SREG, son útiles en la exploración del comportamiento de la interacción genotipo ambiente; en la identificación del mejor genotipo por ambiente; para estimar el potencial de rendimiento y estabilidad de los genotipos evaluados; y para clasificar la habilidad de discriminar y conocer la representatividad de los ambientes de una región de interés.

La regresión en los sitios (SREG) es un caso donde se manejan algunos efectos aditivos de la forma tradicional y como componentes principales otros efectos. Éste fue originalmente propuesto por Yan *et al.*, (2000) para explorar la respuesta de los genotipos a ambientes específicos. Después de varias modificaciones, actualmente es conocido como “biplot” GGE, dado que enfatiza en mostrar en forma conjunta y simultánea los patrones de respuestas generados por los efectos del componente principal de los genotipos y los de la interacción genotipo ambiente en la evaluación de ensayos. Un mérito del modelo SREG es que permite agrupar ambientes y genotipos con similar

desempeño e identificar gráficamente cuál es el genotipo con mayor potencial dentro de cada subgrupo de ambientes.

A pesar de que originalmente la metodología SREG o “biplot” GGE fue desarrollada para el análisis y la interpretación de datos de ensayos evaluados en varios ambientes, puede ser aplicable a cualquier estructura de datos que muestre un arreglo matricial tipo línea por probador o genotipos por ambientes. En los análisis a través de ambientes, los genotipos son entradas y los ambientes probadores, en datos de dialélicos los genotipos son a la vez entradas y probadores para generar la figura “biplot” que permitirá discutir los resultados del dialélico (Yan y Hunt, 2002).

Yan y Rajcan (2002), mencionan que con el GGE Biplot se pueden identificar los genotipos de mayor producción en cada ambiente y a demás caracterizar los genotipos que tiene mayor estabilidad. Por otra parte el grafico permite visualizar el agrupamiento de genotipos y ambientes (mega-ambientes) con patrones similares de respuesta, así como identificar los ambientes más representativos y los más discriminatorios.

Índices de selección

Cerón y Sahagún (2005), mencionan que la selección de genotipos basada en la evaluación simultánea de dos o más caracteres se ha hecho, principalmente, de acuerdo con el índice de selección desarrollado por Smith, no obstante que sus requerimientos incluyen estimaciones de las varianzas y covarianzas de los valores genotípicos y la asignación, frecuentemente subjetiva, de los pesos económicos de los valores genotípicos de los caracteres involucrados en la selección.

Soares *et al.*, (2011) mencionan que un Índice de Selección (IS), concentra toda la información genética de un reproductor en un solo valor comparativo, seleccionando de manera simultánea varias características y tomando en consideración además los aspectos genéticos, dada la importancia económica de cada una de las características involucradas en dicho IS.

Según Modarresi *et al.*, (2004) el uso índices de selección en maíz ha sido un criterio de selección efectiva para aumentar el rendimiento de grano. No obstante con los índices de selección también se obtienen ganancias en calidad y producción (Vilarinho *et al.*, 2003; Santos *et al.*, 2004).

Restrepo *et al.*, (2008) Argumentan que un índice de selección es un método de puntaje total en el cual se desarrolla una ecuación de regresión

múltiple que da valores óptimos a la importancia económica de cada característica, la heredabilidad de cada rasgo y a las correlaciones genéticas y fenotípicas entre las características, de manera que permite separar y ordenar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres basándose en el valor obtenido.

Tucuch *et al.*, (2011) mencionan que los índices recomendados, en ciertos casos, no son los más eficientes, esto se debe a que es necesario aplicar la lógica y el sentido común, y que en general, la eficiencia se incrementa cuando aumenta el número de caracteres en el índice, esto se atribuye a que al aumentar en el índice, el número de caracteres correlacionados con el carácter por mejorar, se obtendría mayor avance genético.

Ruales *et al.*, (2007) señalan al índice de selección como una función lineal de valor genético de dos o más características, cada una con un peso acorde con un valor económico preasignado. Por ello la utilización de índices relacionados con atributos deseables en los materiales genéticos constituye una alternativa para la identificación de variedades sobresalientes con mayor potencial agronómico.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

El material genético utilizado en esta investigación es perteneciente a la empresa Pioneer, estuvo integrada por 20 híbridos, de los cuales 12 fueron híbridos experimentales y 8 testigos comerciales.

Localidades de evaluación

La evaluación de los híbridos se llevó a cabo en 15 ambientes representativos, de los cuales 5 localidades se ubican en el estado de Campeche, 6 en el estado de Chiapas y 4 en el estado de Veracruz.

Parcela experimental

El diseño de siembra utilizado para este experimento fue un bloques completos al azar con dos repeticiones por localidad, cada parcela experimental consistió en cuatro surcos, cosechando solo los surcos centrales, con una

distancia de surco de 4 metros, separados a 0.80 metros entre surco, con 25 plantas para cada surco.

Labores culturales

Preparación del terreno: Todos las localidades se prepararon iniciando con un subsuelo y posteriormente se aplicaron dos pasos de rastra.

Siembra: Se realizó con una sembradora de semi-presición. Las fechas de siembras fueron diferentes para cada localidad.

Fertilización: La dosis aplicada en cada localidad fue 120N- 80P- 60K ha⁻¹, la aplicación se hizo en dos momentos: la mitad del nitrógeno y todo el fosforo y potasio (50% de N y 100% de P y K) al realizarse el surcado y el resto del nitrógeno se aplicó cuando el cultivo se encontraba en la etapa V5.

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: Se aplicó en siembra Lorsban 3G (ingrediente activo clorpirifos) para las plagas de suelo; Arrivo 200 CE (ingrediente activo cipermetrina) para gusano trozador en las primeras etapas; Ambush 50 (ingrediente activo permetrina) para plagas foliares; Pounce 5G (ingrediente activo permetrina) contra gusano cogollero, todas las aplicaciones se realizaron de manera preventiva.

Cosecha: Se cosechó por parcela útil en forma manual, para posteriormente registrar el peso y el contenido de humedad.

Variables agronómicas de interés

Rendimiento (REND): Es la producción estimada en toneladas por hectárea de grano al 14% 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.

PC= Peso de campo en Kg.

$$FC = \frac{10000}{APU \times 1000 \times .870}$$

Donde:

APU= Área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre matas por el número exacto de plantas por parcela.

0.870= Constante para transformar el rendimiento de peso seco al 15% de humedad.

1000= Constante para obtener el rendimiento en ton ha-1.

10000= Valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m².

Porcentaje de humedad (%H): Se obtiene tomando una muestra aleatoria de 100 gramos de las mazorcas de cada parcela y se colocan en el determinador de humedad Dickey John, esta medición se realiza al momento de la cosecha.

Textura de grano (TEXT): Se refiere al tipo de grano, la calificación asignada es de uno a nueve; uno, muy dentado y nueve, muy cristalino.

Calificación de planta (CAL/PT): Se refiere a un valor asignado a la planta en base a su apariencia visual por parcela útil, en la que se considera el

porte, sanidad y uniformidad de la planta. La escala asignada es de 1 a 9; uno, muy malo y nueve, muy bueno.

Antracnosis (ANTRAC): Se obtiene dando una calificación dependiendo la severidad de la enfermedad, la escala se mueve de 1 a 9; uno muy malo y nueve, muy bueno.

Floración masculina y femenina en GDU (DFM y DFF): 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:

$$GDU = \frac{(T. Max + T. Min.) - 50}{2}$$

Donde:

GDU= Unidades calor.

T. Max= Temperatura máxima.

T. Min= Temperatura mínima.

Altura de mazorca (ALT/MAZ): Distancia en decímetros comprendida desde el nivel del surco hasta el nudo donde se inserta la mazorca principal. Se midió una planta representativa por parcela experimental.

Altura de planta (ALT/PLA): Distancia en decímetros comprendida desde el nivel del surco hasta al punto superior de la espiga. Se midió una planta representativa por parcela experimental.

***Fusarium* en mazorca (FUSER):** Mazorcas que se observaron total o parcialmente dañadas por este hongo en cada parcela, la calificación asignada es de 1 a 9; uno, muy malo y nueve, muy bueno.

Manejo estadístico de los datos agronómicos

Análisis de varianza de 13 variables agronómicas

El análisis de varianza para las 13 variables agronómicas involucradas se realizó bajo un diseño de bloques completos al azar. Cuyo modelo estadístico es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + E_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} = Variable observada en la j-ésima repetición del i-ésimo tratamiento.

μ = Efecto de la media general.

T_i = Efecto del tratamiento.

B_j = Efecto del bloque.

E_{ij} = Error experimental.

A través de localidades;

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + R_{j(k)} + G_k + GA_{ik} + E_{ijk}$$

Y_{ijk} = Rendimiento de la i-ésimo híbrido en la j-ésima repetición de la k-ésima localidad.

μ = Efecto de la media general.

A_i = Efecto de i-ésimo híbrido.

$R_{j(k)}$ = Efecto del j-ésimo bloque dentro del k-ésimo ambiente.

G_k = Efecto del k-ésimo ambiente.

GA_{ik} = Efecto del i-ésimo genotipo por el k-ésimo ambiente.

E_{ijk} = Error experimental.

Se realizó una prueba de rango múltiple en base a la prueba de Tukey, cuya fórmula es la siguiente:

$$qs = \frac{Y_A - Y_B}{SE}$$

Donde:

Y_A = Es la mayor de dos medias comparadas entre ellas.

Y_B = Es la menor de dos medias comparadas entre ellas.

SE = Error estándar.

Índices de selección

Para llevar a cabo la identificación de los genotipos sobresalientes se consideraron 3 variables agronómicas en base a su representatividad e interés las cuales fueron: Rendimiento, Humedad y Calificación de Planta. Tomando en cuenta lo anterior se utilizó el método de índices de selección (IS) el cual se basa en la selección simultánea de varios caracteres desarrollada por Barreto *et al.*, (1991).

Fórmula de dicha metodología se describe a continuación:

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

IS= Es el índice de selección.

Y_i = es la variable en unidades Z.

M_j = Es la meta deseada para cada variable, también en unidades Z.

I_k = Es la intensidad de selección para cada variable.

La **meta de selección** asignada a cada variable se refiere a las unidades de desviación estándar del promedio que se desea lograr en la selección. La meta toma valores de -3 a +3, con valor negativo la selección será para aquellos genotipos que se encuentren por debajo de la media de la población para la variable en evaluación; por el contrario, con valores positivos aquellos genotipos que se encuentren por arriba de la media de la población y para seleccionar genotipos que se encuentren cercanos al promedio se utilizan metas con valor de cero.

La **intensidad de selección** es el grado de importancia que se le asignan a cada una de las variables a ser utilizadas en la selección y toma valores de 1 a 10. Este valor es diferente para cada una de las variables, según el criterio del investigador. El valor de intensidad más pequeño (1) es asignado a la variable de menor interés y el valor más alto (10) representa la variable de mayor importancia que se le da en la selección.

Al momento de realizar el cálculo de los datos, las unidades que representan las variables deben ser estandarizadas para que estas puedan

combinarse entre sí, ya que están representadas en unidades distintas (% , Kg ha⁻¹, t); la estandarización se llevó a cabo mediante la fórmula del valor Z que se describe a continuación:

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

Donde:

Z = Es el valor estandarizado

Y_j = Es el valor observado para la variable j.

\bar{x} = Es el promedio de todos los valores observados de la variable.

S = Es la desviación estándar de la variable.

La meta del presente trabajo se obtuvo generando un valor Z considerando el valor más favorecido para cada variable menos la media de la misma, todo sobre su desviación estándar.

El valor estandarizado de cada una de las variables entre más cerca se encuentre a la meta deseada más pequeño será el valor del IS y más cerca se encontrará el genotipo de los criterios deseados, es decir, entre más grande sea el valor de IS más alejado se encuentra del genotipo con los criterios establecidos. El genotipo que obtenga el valor de IS más pequeño es considerado como superior, ya que reúne la mayoría de los caracteres requeridos en la selección.

Análisis de regresión en los sitios SREG

Para la selección de los híbridos y analizar la respuesta a ambientes específicos y por supuesto la estabilidad de los materiales se empleó el modelo de análisis de regresión en los sitios SREG (Crossa *et al.*, 2002), con base al valor índice obtenido mediante la metodología de Barreto *et al.*, (1991). El modelo estadístico se describe a continuación:

$$Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ij} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} = Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j .

μ_j = media del ambiente j para todos los genotipos y en este modelo se estima por medio de $\hat{\mu}_j = \bar{Y}_j$.

λ_k = Es el valor propio del eje k de componentes principales.

γ_{ik} = Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a λ_k .

α_{jk} = Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a λ_k .

ε_{ij} = Error del genotipo i en el ambiente j .

P = Numero de ejes de componentes principales considerados en el modelo SREG.

Criterios de selección

Para la selección e identificación de híbridos que tengan buenas características agronómicas, las variables se integraron en base a un índice de selección., por lo tanto los genotipos seleccionados van a ser aquellos que presente el IS con valores inferiores a la media.

Para la selección de las localidades de prueba se consideró el poder de discriminación al igual que su representatividad dentro del mega-ambiente de acuerdo a la longitud del vector.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este capítulo se abordará la selección de híbridos con base a los análisis de varianza, del valor al mérito de un índice de selección, la capacidad de discriminación de las localidades y la exploración de la interacción genotipo-ambiente del índice de selección a través del modelo de regresión de sitios (SREG).

Análisis de Varianza Combinado

En el cuadro 4.1 se presentan la concentración de cuadros medios de los análisis de varianza a través de ambientes con la finalidad de comprobar que haya diferencias estadísticas entre los híbridos experimentales, los testigos y las diferentes localidades de evaluación.

En la fuente de variación de localidades (LOC) se encontraron diferencias estadísticamente significativas ($P \leq 0.01$) para todas las variables, lo cual indica que las localidades de evaluación no son iguales esto se atribuye a que cada localidad muestra diferencias en cuanto a las condiciones climáticas (precipitación, humedad temperaturas, etc.), edáficas, ubicación geográfica y la conducción de los experimentos particulares en cada una de ellas, favoreciendo un comportamiento distinto para cada híbrido.

Cuadro 4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de 12 híbridos experimentales y 8 testigos, evaluados en 15 localidades en los estados de Campeche, Chiapas y Veracruz. Considerando 13 variables agronómicas.

| F.V | LOC | REP(LOC) | HIB | TH | HEXP | TES | LOC*HIB | ERROR | C.V | MEDIA | MAX | MIN |
|----------------|-------------|----------|-----------|-----------|-----------|------------|-----------|--------|---------|---------|---------|--------|
| G.L. | 14 | 15 | 19 | 1 | 11 | 7 | 266 | 285 | | | | |
| PS | 46.607** | 0.332* | 1.902** | 17.625** | 0.442** | 1.952** | 0.568** | 0.178 | 9.448 | 4.469 | 4.769 | 3.872 |
| H | 192.674** | 5.003** | 24.900** | 93.899** | 13.834** | 32.432** | 1.901** | 1.044 | 4.775 | 21.396 | 22.697 | 19.048 |
| TEXT | 3.808** | 0.239* | 12.659** | 19.192** | 14.473** | 8.876** | 0.303** | 0.126 | 5.29 | 6.716 | 7.629 | 5.166 |
| CAL/PT | 17.521** | 1.262** | 9.212** | 17.960** | 9.420** | 7.635** | 0.767** | 0.387 | 9.971 | 6.243 | 6.966 | 5.144 |
| G.L. | 2 | 3 | 19 | 1 | 11 | 7 | 38 | 55 | | | | |
| ANTRAC | 21.7763** | 1.167 | 2.132** | 2.553 | 2.710** | 1.142* | 0.586 | 0.563 | 11.270 | 6.661 | 7.4 | 5.925 |
| G.L. | 6 | 7 | 19 | 1 | 11 | 7 | 114 | 126 | | | | |
| DFM | 693.013** | 3.180** | 15.337** | 119.112** | 5.910** | 15.428** | 2.123** | 0.787 | 1.572 | 56.454 | 64.675 | 52.025 |
| DFF | 622.835** | 2.486** | 7.155** | 81.981** | 3.019** | 3.116** | 1.245** | 0.592 | 1.362 | 56.476 | 63.875 | 51.975 |
| G.L. | 7 | 8 | 19 | 1 | 11 | 7 | 133 | 149 | | | | |
| DPL | 30.736** | 0.914 | 3.869** | 18.117** | 1.271** | 5.936** | 1.525** | 0.786 | 131.365 | 0.675 | 2.775 | 0.1 |
| G.L. | 3 | 4 | 19 | 1 | 11 | 7 | 57 | 69 | | | | |
| ALT/MAZ | 6127.842** | 109.861 | 344.509** | 36.371 | 300.179** | 455.074** | 121.949** | 67.363 | 6.411 | 128.006 | 148.430 | 118.42 |
| ALT/PLA | 22869.294** | 35.208 | 715.459** | 19.554 | 325.488** | 1426.086** | 117.155 | 99.770 | 3.365 | 296.830 | 335 | 274.21 |
| G.L. | 14 | 15 | 19 | 1 | 11 | 7 | 265 | 260 | | | | |
| CAL/MAZ | 11.890** | 0.549 | 1.217** | 1.033 | 1.260** | 1.255** | 0.634** | 0.410 | 11.009 | 5.82 | 6.975 | 5.1 |
| G.L. | 12 | 13 | 19 | 1 | 11 | 7 | 227 | 230 | | | | |
| FUSER | 9.0538** | 0.477 | 2.806** | 8.1345** | 0.954* | 5.074** | 0.538 | 0.470 | 10.479 | 6.547 | 7.0789 | 5.15 |
| G.L. | 13 | 14 | 19 | 1 | 11 | 7 | 246 | 252 | | | | |
| NUM/PLA | 25.590** | 11.271** | 29.997** | 168.659** | 2.086 | 50.901** | 5.024* | 3.994 | 4.0741 | 49.058 | 50 | 47.026 |

** = Diferencias altamente significativas a ($P \leq 0.01$); * = Diferencias significativas a ($P \leq 0.05$); F.V.= Fuente de variación; LOC=Localidades; REP(LOC)=Repeticiones dentro de localidades; HIB=Hibrido; TH= Tipo de híbrido; HEXP= Híbrido experimental; TES= Testigo; LOC*HIB= Localidad por híbrido; C.V.= Coeficiente de variación; PS= Peso seco; H= Humedad; TEXT= Textura; CAL/PT= Calificación de planta; ANTRAC= Antracnosis; DFM= Floración Masculina; DFF= Floración Femenina; DPL= Diplodia; ALT/MAZ= Altura de mazorca; ALT/PLA= Altura de planta; CAL/MAZ= Calificación de Mazorca; FUSER= Fusarium; NUM/PLA= Numero de plantas.

En cuanto a la variable de Repeticiones dentro de Localidades REP (LOC) se encontraron diferencias estadísticamente significativas ($P \leq 0.01$) en las variables de Humedad, Calificación de planta, Floración masculina, Floración femenina y Numero de plantas totales, esto indica que estas variables tienen una respuesta diferente en cada uno de las repeticiones dentro de ambientes, modificando su desempeño y expresión.

Así mismo esta misma fuente de variación presenta diferencias significativas al ($P \leq 0.05$) para Peso seco y Textura, las variables de Antracnosis, Diplodia, Altura de mazorca, Altura de planta, Calificación de mazorca y Fusarium, no mostraron diferencia significativa, lo cual indica que las repeticiones tuvieron un comportamiento promedio similar es decir, no afecta su expresión.

En lo que respecta a la fuente de variación Híbridos se encontraron diferencias estadísticamente significativas al ($P \leq 0.01$) para todas las variables, lo cual indica que al menos uno es diferente al resto de los híbridos y que hay variación entre ellos la cual permitirá hacer una selección adecuada y que más convenga al programa. Dichas diferencias son atribuidas en gran parte a la diversidad genética que presentan los híbridos experimentales ya que se asume de que fueron formados con diferente fondo genético.

En lo que respecta a la fuente de variación de Tipos de Híbridos (comerciales y experimentales) se pueden observar diferencias estadísticamente significativas al ($P \leq 0.01$), para las variables de pesos seco, humedad, textura, calificación de plantas, días a floración masculina y femenina, diplodia, fusarium y número de plantas, presentando también variables sin significancia, como antracnosis, altura de mazorca, altura de planta y calificación de planta, destacando la superioridad de los híbridos experimentales ante los testigos comerciales (Ver Cuadro 4.2).

La fuente de variación interacción de Localidad por Híbrido (LOC*HIB) presentó diferencias estadísticamente significativas al ($P \leq 0.01$) para la mayoría de las variables, siendo un indicador de la falta de consistencia del comportamiento de los híbridos experimentales a través de localidades; las variables de Antracnosis, Altura de Planta y Fusarium en donde no hubo diferencias significativas, considerando que para estas variables no hubo interacción es decir sus valores son consistentes a través de los ambientes.

De acuerdo con la variabilidad que presentan los híbridos experimentales se puede hacer selección de los mejores materiales considerando sus buenos atributos agronómicos y estabilidad para esto último es necesario recurrir a metodologías que exploren, cuantifiquen e interpreten la interacción híbridos por localidad.

Esto resulta importante, según Wong *et al.*, (2006) mencionan que es necesario considerar no solo el genotipo y el ambiente para la selección, sino además la interacción de estos para evitar desarrollar programas específicos para cada ambiente.

En la prueba de desviación mínima significativa (Cuadro 4.2) exhibe una clara superioridad presentada por los híbridos experimentales, esto indica que los genetistas encargados de este programa en esta área, están haciendo lo correcto para llevar la genética disponible del material a su máxima expresión agronómica, siendo mejor en variables de peso seco, textura, calificación de planta, días a floración masculina y femenina, altura de mazorca y de planta, calificación de mazorca, fusarium. El testigo demostró superioridad en solo las variables de humedad y antracnosis.

Cuadro 4.2. Prueba de desviación mínima significativa de los tipos de híbrido (experimentales y comerciales).

| TH | PS | H | TEX | CAL/PT | ANTRAC | DFM | DFE | DPL | ALT/MAZ | ALT/PLT | CAL/MAZ | FUSER | NUM/PT |
|---------------------|-------|-------|-------|---------|---------|-------|-------|--------|---------|---------|---------|--------|--------|
| EXPERIMENTAL | 4.60A | 21.7B | 6.86A | 6.384 A | 6.533 B | 55.8A | 56.0A | 0.476A | 128.2A | 297.97A | 5.845 A | 6.651A | 49.50A |
| TESTIGO | 4.25B | 20.9A | 6.49B | 6.031 B | 6.833 A | 57.2B | 57.1B | 0.964B | 129.1B | 297.28B | 5.758 B | 6.390B | 48.36B |

TH= Tipo de Híbrido; PS= Peso seco; H= Humedad; TEXT= Textura; CAL/PT= Calificación de planta; ANTRAC= Antracnosis; DFM= Floración Masculina; DFE= Floración Femenina; DPL= Diplodia; ALT/MAZ= Altura de mazorca; ALT/PLA= Altura de planta; CAL/MAZ= Calificación de Mazorca; FUSER= Fusarium; NUM/PLA= Numero de plantas; Medias con la misma letra son estadísticamente iguales.

Análisis de varianza por entidad federativa

Un factor importante a considerar en el presente trabajo durante la selección es conocer que entidad federativa es la que más contribuye a la discriminación de los genotipos. Para esto se realizó un análisis de varianza por estado en el cual se evaluaron sus respectivas variables considerando por igual los grados de libertad de cada una de ellas.

Los cuadros 4.3, 4.4 y 4.5 correspondientes a las evaluaciones realizadas en el estado de Campeche, Chiapas y Veracruz respectivamente, se detectan diferencias estadísticamente significativas a ($P \leq 0.01$) para la fuente de variación de Localidades, excepto en la variable de número de plantas Cuadro 4.5 del estado de Veracruz que mostró significancia a ($P \leq 0.05$), indicando que cada localidad muestra diferentes condiciones normalmente ambientales.

En los cuadrados medios de Repeticiones dentro de Localidad (Cuadro 4.4) se detectan diferencias estadísticamente significativas a ($P \leq 0.01$), en las variables de humedad, calificación de planta, días a floración masculina y femenina, número de plantas y el (Cuadro 4.5) también muestran diferencias significativas a ($P \leq 0.01$) en variables humedad, textura, y calificación de planta, Así también presentando variables sin diferencias significativas, indicando la variación de las repeticiones dentro de ambiente en cada variable evaluada.

Cuadro 4.3. Cuadrados medios del análisis de varianza de 5 localidades en el estado de Campeche. Considerando 12 variables agronómicas.

| F.V. | LOC | REP(LOC) | HIB | LOC*HIB | ERROR | C.V | MEDIA | MAXIMA | MINIMA |
|----------------|------------|----------|-----------|----------|--------|---------|---------|---------|---------|
| G.L. | 4 | 5 | 19 | 76 | 95 | | | | |
| PS | 11.327** | 0.082 | 0.610** | 0.246* | 0.159 | 10.653 | 3.752 | 4.439 | 3.314 |
| HUM | 184.37** | 0.249 | 6.303** | 1.282** | 0.557 | 3.665 | 20.377 | 23.542 | 17.880 |
| TEX | 3.156** | 0.112 | 4.088** | 0.226** | 0.115 | 5.055 | 6.722 | 6.992 | 6.375 |
| CAL/PT | 22.538** | 0.632 | 4.224** | 0.612** | 0.341 | 9.170 | 6.371 | 7.425 | 5.500 |
| G.L. | 2 | 3 | 19 | 38 | 55 | | | | |
| ANTRAC | 21.776** | 1.167 | 2.132** | 0.586 | 0.563 | 11.27 | 6.661 | 7.400 | 5.925 |
| G.L. | 2 | 3 | 19 | 38 | 54 | | | | |
| DFM | 146.635** | 1.685 | 16.265** | 2.285** | 1.026 | 1.826 | 55.470 | 57.315 | 53.450 |
| DFF | 228.236** | 2.067 | 5.060** | 1.016 | 0.82 | 1.613 | 56.128 | 57.921 | 53.400 |
| G.L. | 3 | 4 | 19 | 57 | 73 | | | | |
| DPL | 3.480** | 0.298 | 1.805** | 1.156** | 0.326 | 137.933 | 0.414 | 0.850 | 0.179 |
| G.L. | 2 | 3 | 19 | 38 | 55 | | | | |
| ALT/MAZ | 649.822** | 132.870 | 153.200** | 113.084* | 69.116 | 6.817 | 121.949 | 126.750 | 118.421 |
| ALT/PLA | 3401.853** | 45.833 | 515.975** | 102.89 | 82.954 | 3.190 | 285.508 | 292.750 | 274.211 |
| G.L. | 4 | 5 | 19 | 76 | 86 | | | | |
| CAL/MAZ | 9.990** | 0.743 | 0.877** | 0.379 | 0.357 | 10.35 | 5.780 | 6.425 | 5.153 |
| G.L. | 4 | 5 | 19 | 76 | 85 | | | | |
| FUSER | 1.615** | 0.351 | 1.271** | 0.413* | 0.291 | 8.097 | 6.663 | 7.000 | 6.421 |

**=Diferencias altamente significativas a ($P \leq 0.01$); *= Diferencias significativas a ($P \leq 0.05$); F.V.= Fuente de variación; LOC=Localidades; REP(LOC)=Repeticiones dentro de localidades; HIB=Hibrido; LOC*HIB= Localidad por hibrido; C.V.= Coeficiente de variación; PS= Peso seco; H=Humedad; TEXT= Textura; CAL/PT= Calificación de planta; ANTRAC= Antracnosis; DFM= Floración Masculina; DFF= Floración Femenina; DPL= Diplodia; ALT/MAZ= Altura de mazorca; ALT/PLA= Altura de planta; CAL/MAZ= Calificación de mazorca; FUSER= Fusarium; NUM/PLA= Numero de plantas.

Cuadro 4.4. Cuadrados medios del análisis de varianza de 6 localidades en el estado de Chiapas. Considerando 10 variables agronómicas.

| F.V. | LOC | REP(LOC) | HIB | LOC*HIB | ERROR | C.V | MEDIA | MAXIMA | MINIMA |
|----------------|------------|----------|----------|---------|-------|---------|--------|--------|---------|
| G.L | 5 | 6 | 19 | 95 | 114 | | | | |
| PS | 31.576** | 0.614 | 2.012** | 0.544** | 0.225 | 8.615 | 5.515 | 7.065 | 4.703 |
| HUM | 83.997** | 7.158** | 12.879** | 1.891** | 1.054 | 4.707 | 21.81 | 23.675 | 19.540 |
| TEXT | 7.290** | 0.132 | 7.334** | 0.354** | 0.115 | 5.052 | 6.739 | 7.300 | 6.350 |
| CAL/PT | 9.424** | 1.909** | 4.715** | 0.859** | 0.488 | 10.637 | 6.570 | 7.125 | 5.775 |
| G.L. | 2 | 3 | 19 | 38 | 53 | | | | |
| DFM | 1083.486** | 3.860** | 3.954** | 0.952 | 0.621 | 1.336 | 58.974 | 64.675 | 54.0830 |
| DFF | 988.916** | 3.058** | 4.540** | 1.196** | 0.468 | 1.172 | 58.379 | 63.875 | 53.722 |
| G.L. | 2 | 3 | 19 | 38 | 57 | | | | |
| DPL | 84.558** | 2.008 | 3.092* | 2.453* | 1.552 | 112.409 | 1.108 | 2.775 | 0.100 |
| G.L. | 5 | 6 | 19 | 94 | 108 | | | | |
| CAL/MAZ | 10.384** | 0.579 | 1.034** | 0.619* | 0.426 | 10.613 | 6.15 | 6.975 | 5.432 |
| FUSER | 1.861** | 0.303 | 2.180** | 0.640 | 0.566 | 11.176 | 6.733 | 7.078 | 6.473 |
| G.L. | 4 | 5 | 19 | 75 | 94 | | | | |
| NUM/PLA | 54.868** | 25.767** | 4.301 | 3.292 | 3.762 | 3.966 | 48.904 | 50.000 | 47.026 |

**=Diferencias altamente significativas a ($P \leq 0.01$); *= Diferencias significativas a ($P \leq 0.05$); F.V.= Fuente de variación; LOC=Localidades; REP(LOC)=Repeticiones dentro de localidades; HIB=Hibrido; LOC*HIB= Localidad por hibrido; C.V.= Coeficiente de variación; PS= Peso seco; H= Humedad; TEXT= Textura; CAL/PT= Calificación de planta; DFM= Floración Masculina; DFF= Floración Femenina; DPL= Diplodia; CAL/MAZ= Calificación de Mazorca; FUSER= Fusarium; NUM/PLA= Numero de plantas

Cuadro 4.5. Cuadrados de la media del análisis de varianza de 4 localidades del estado de Veracruz. Considerando 7 variables agronómicas.

| F.V. | LOC | REP(LOC) | HIB | LOC*HIB | ERROR | C.V | MEDIA | MAXIMA | MINIMA |
|----------------|-----------|----------|----------|---------|-------|--------|--------|--------|--------|
| G.L | 3 | 4 | 19 | 57 | 76 | | | | |
| PS | 3.660** | 0.222 | 1.169** | 0.787** | 0.130 | 9.510 | 3.795 | 4.458 | 3.072 |
| HUM | 407.648** | 7.711** | 9.544** | 2.736* | 1.631 | 5.802 | 22.049 | 23.776 | 19.312 |
| TEX | 1.280** | 0.557** | 2.284** | 0.174 | 0.155 | 5.901 | 6.676 | 7.375 | 5.250 |
| CAL/PT | 3.852** | 1.081** | 2.834** | 0.478* | 0.294 | 9.695 | 5.593 | 7.125 | 4.649 |
| G.L. | 3 | 4 | 19 | 57 | 66 | | | | |
| CAL/MZ | 3.320** | 0.261 | 1.096** | 0.813** | 0.453 | 12.569 | 5.360 | 5.736 | 5.100 |
| G.L. | 1 | 2 | 19 | 19 | 38 | | | | |
| FUSER | 26.450** | 1.250 | 0.550 | 0.528 | 0.592 | 13.440 | 5.725 | 6.300 | 5.150 |
| G.L. | 3 | 4 | 19 | 57 | 68 | | | | |
| NUM/PLA | 17.112* | 3.212 | 24.028** | 8.049* | 5.097 | 4.610 | 48.973 | 49.617 | 47.97 |

**=Diferencias altamente significativas a ($P \leq 0.01$); *= Diferencias significativas a ($P \leq 0.05$); F.V.= Fuente de variación; LOC=Localidades; PER(LOC)=Repeticiones dentro de localidades; HIB=Hibrido; LOC*HIB= Localidad por hibrido; C.V.= Coeficiente de variación; PS= Peso seco; H= Humedad; TEXT= Textura; CAL/PT= Calificación de planta; CAL/MAZ= Calificación de Mazorca FUSER= Fusarium; NUM/PLA= Número de plantas.

La localidad de Campeche en el cuadro 4.3, no presentó significancia, para esta fuente de variación Repeticiones dentro de Localidad indicando el comportamiento promedio similar de las repeticiones de cada variable, esto se puede interpretar que existe el seguimiento de un buen protocolo para la elección de terreno o bien que los terrenos de Campeche son más uniformes.

La fuente de variación híbridos, por estado, tuvo diferencias estadísticamente significativas a ($P \leq 0.01$) para cada una de las variables.

La variabilidad detectada para peso seco en función del cuadrado medio es mayor en el estado de Chiapas 2.012, seguida de Veracruz y por último Campeche, siendo esto un indicador de que en el estado de Chiapas se logra una mayor discriminación que en el resto de los estados dicha variabilidad es importante para hacer una selección más acertada de los genotipos más prometedores.

Para la variable de humedad en atención de los cuadrados medios Chiapas se considera el estado con mayor grado de discriminación, seguida de Veracruz y Campeche.

La discriminación por parte del estado de Chiapas sigue siendo consistente, en textura presento cuadrados medios de 7.334, seguida de Campeche con 4.088 y Veracruz con 2.284, indicando que el estado de Chiapas es un buen ambiente para la discriminación de los genotipos.

De igual manera la variable de calificación de planta tiene mayor variabilidad en el estado de Chiapas, con 4.715, Campeche con 4.224 y Veracruz con 2.834.

La variable de calificación de mazorca presenta mayor variación en el estado de Veracruz de acuerdo a los cuadrados medios con 1.096, Chiapas con 1.034, y Campeche 0.877.

Se puede apreciar la variación presentada por fusarium fue mayor en el estado de Chiapas con 2.180, seguido de Campeche con 1.271 y Veracruz 0.550.

Considerando los resultados anteriores el estado con mayor potencial de discriminación es Chiapas, para la mayoría de las variables evaluadas, esto debe ser considerado para futuras evaluaciones y mantener las localidades, ya que es el estado que mayor variabilidad aporta, esto puede atribuirse a la elección correcta de localidades o bien a la mayor capacitación de los técnicos para seguir los protocolos de una buena conducción de ensayos de rendimiento.

En cambio el estado de Veracruz presenta variabilidad muy baja, con coeficientes de variación altos, aquí se recomendaría hacer un ajuste al protocolo para elección de localidades más representativas.

Por otra parte en la fuente de variación de Localidades por Híbridos se encontraron diferencias estadísticamente significativas a ($P \leq 0.01$) en las variables de humedad, textura, calificación de planta, días a floración masculina y diplodia y de igual forma presentando diferencias significativas a ($P \leq 0.05$) pesos seco, altura de mazorca y fusarium que pueden observarse en el Cuadro 4.3, en el Cuadro 4.4 se exhiben diferencias significativas a ($P \leq 0.01$) en las variables peso seco, humedad, textura, calificación de planta, floración femenina y ($P \leq 0.05$) para diplodia y calificación de mazorca.

En el cuadro 4.6 se muestran las medias de cada localidad de evaluación para la variable de rendimiento, en el cual resalta la localidad de Chiapas 6 como la mejor, seguida de las localidades 2, 1, 3, 4, 5, todas ubicadas en el estado de Chiapas, lo cual indica que la selección de los híbridos experimentales se está realizando perfectamente en este ambiente.

Cuadro 4.6. Agrupamiento estadístico de 15 Localidades en base a la media de TUKEY para la variable de rendimiento de 20 híbridos.

| LOCALIDAD | MEDIA | AGRUPAMIENTO TUKEY | | | | | |
|-----------|---------|--------------------|---|---|---|---|---|
| CH6 | 12.6893 | A | | | | | |
| CH2 | 10.711 | B | | | | | |
| CH1 | 9.7412 | C | | | | | |
| CH3 | 9.285 | C | | | | | |
| CH4 | 8.566 | | D | | | | |
| CH5 | 8.4471 | | D | E | | | |
| CA1 | 7.9726 | | | E | F | | |
| CA2 | 7.5652 | | | | F | G | |
| VR3 | 7.1275 | | | | | G | |
| VR4 | 7.1141 | | | | | G | |
| VR5 | 7.0219 | | | | | G | |
| CA5 | 6.2032 | | | | | | H |
| VR6 | 6.0054 | | | | | | H |
| CA3 | 6.0012 | | | | | | H |
| CA6 | 5.9528 | | | | | | H |

DMH Medias con la misma letra son estadísticamente iguales.

Selección de híbridos en base a su Índice de Selección

Al existir diferencias en los híbridos, es necesario generar un mecanismo para la identificación y selección de los mejores. El Índice de Selección representa una buena estrategia para agrupar diferentes variables en un solo valor. Por ello se utilizó esta metodología donde se integraron 3 variables agronómicas de interés (Rendimiento, Humedad y Calificación de Planta). Después de seleccionar las variables que construirían el índice de selección, se

realizó el análisis de varianza y estudiar el comportamiento e identificando a los híbridos con el mejor índice el cual se muestra en el siguiente cuadro.

Cuadro 4.7 Cuadrados medios del análisis de varianza con base a los valores de índices de selección (integrado por rendimiento, humedad y calificación de planta) de 20 híbridos a través de 15 localidades.

| F.V. | G.L. | SC | CM |
|-----------------|-------------|-----------|-----------|
| LOC | 14 | 511.785 | 36.556** |
| REP(LOC) | 15 | 461.442 | 30.762** |
| HIB | 19 | 398.135 | 20.954** |
| LOC*HIB | 165 | 1928.920 | 7.278** |
| ERROR | 254 | 1051.549 | 4.139 |
| C.V. | 19.698 | | |
| IS MEDIA | 10.329 | | |

** = Diferencias Altamente Significativas a ($P \leq 0.01$); F.V.= Fuente de Variación; G.L.= Grados de Libertad; S.C.= Suma de Cuadrados; C.M.= Cuadrado Medio; C.V.= coeficiente de variación.

En la fuente de variación de (LOC) Localidades se encontraron diferencias altamente significativas a ($P \leq 0.01$), esto puede suponerse que es debido a las diferentes condiciones para cada ambiente en la que los híbridos fueron evaluados, resultando interesante debido a que se refleja el comportamiento de los híbridos frente a las variaciones ambientales de cada localidad en específico, el cual aporta el 37% de la variabilidad. Al respecto (Gordon *et al.*, 2006) mencionan que la evaluación de genotipos a través de distintos ambientes, principalmente en ambientes contrastantes, es una de las prácticas más usuales para la recomendación de nuevos materiales a los productores de una región o zona específica.

Para la fuente de variación de Repeticiones dentro de Localidad Rep (Loc) se detectaron diferencias estadísticamente significativas a ($P \leq 0.01$) explicando que las repeticiones se comportan diferentes dentro de cada localidad, asumiendo dicho comportamiento a las características propias de las localidades o al manejo agronómico de cada una de ellas.

Para la fuente de variación híbridos se observaron diferencias estadísticamente significativas a ($P \leq 0.01$), indicando que entre los materiales de estudio existen diferencias de comportamiento. Dicha variación se atribuye a que en el análisis se consideró tanto a híbridos experimentales como a testigos comerciales pertenecientes a distintas empresas, considerando que la variación existente dentro de cada grupo se debe al origen genético de los materiales y a la diferente conformación de los híbridos experimentales.

La fuente de variación Localidad por Híbrido (Loc*Hib), muestra diferencias estadísticamente significativas a ($P \leq 0.01$), indicando la existencia de interacción genotipo por ambiente, y que los materiales evaluados dentro de cada localidad tienen mucha IGA.

Análisis de estabilidad y selección de híbridos por IS mediante el modelo de SREG.

La presencia de IGA dificulta la selección de un buen genotipo (estable y rendidor), para esto es necesario emplear modelos estadísticos que permiten realizar estimaciones más dirigidas de la respuesta de los genotipos a determinados ambientes, tales como la regresión en los sitios (SREG).

La metodología SREG es adecuada para los mejoradores ya que permite la identificación de genotipos superiores con adaptación específica y logra una clasificación de los ambientes de prueba con base a su poder de discriminación. Según Yan *et al.*, (2000) en el polígono del Biplot GGE se forman diversos sectores que ocasionan la separación de genotipos en subgrupos, donde el genotipo y el ambiente que caen dentro de un mismo sector están asociados y el grupo germoplásmico que están en el vértice de cada sector es el que tiene mejor desempeño en los ambientes incluidos.

Considerando lo anterior en este trabajo el gráfico biplot formo el polígono de 7 sectores, (figura 4.1) donde las localidades ubicadas en cada sector constituyen parte del mismo mega-ambiente, en el sector donde están las localidades 1, 11, 12 y 13 (Campeche 1, Chiapas 6, Veracruz 3 y 4) el mejor desempeño lo tiene el Híbrido Experimental 7, seguido del 12, ; en el sector

donde se ubican las localidades 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 14 y 15 (Campeche 2, 3, 4, 5, Chiapas 1, 2, 3, 4, 5, Veracruz 5 y 6) respectivamente el mejor híbrido es el 1.

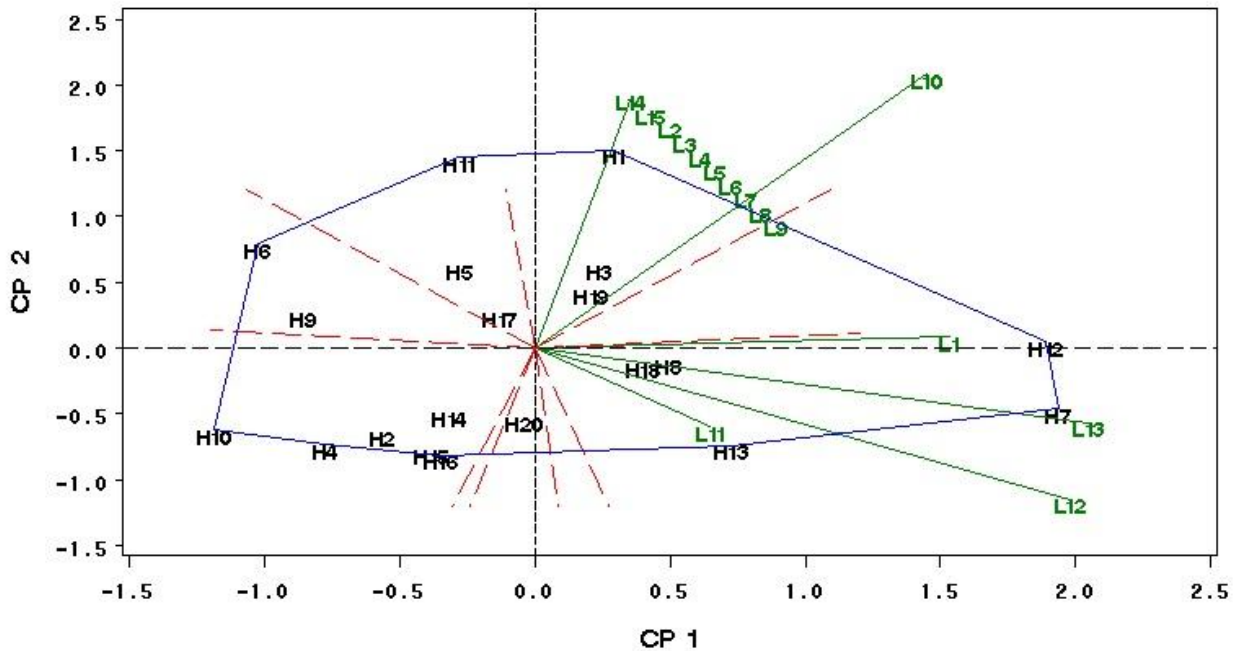


Figura 1 Gráfico biplot del modelo SREG para observar los patrones de respuesta de los 20 híbridos y las 15 localidades donde fueron evaluados durante el verano del 2013. CP1 y CP2=correspondientes a componentes principales uno y dos.

Al hablar de localidades y su poder de discriminación Yan *et al.*, (2007) Argumenta que el mejor ambiente es aquel que muestra mayor poder de discriminación y se identifica por poseer el vector más largo, además de considerarse como el más representativo de los ambientes evaluados, deduciendo así que la localidad 10 (Chiapas 5) es el de mayor poder de discriminación y el más representativo de todos los ambientes ya que es el que tiene el vector con mayor longitud, seguida de localidad 12 y 13 (Veracruz 3 y 4).

V. CONCLUSIONES

Los diferentes análisis de varianza detectaron diferencias significativas entre los híbridos, las localidades de evaluación y en la interacción genotipo ambiente para las variables estudiadas.

De los 20 híbridos evaluados los mejores de ellos considerando los buenos atributos agronómicos y con potencial de estabilidad en relación al valor de su índice de selección fueron el 7,12 y el 1, resaltando que estos híbridos son experimentales, superando a los testigos comerciales.

El ambiente más representativo y de mayor capacidad de discriminación es la localidad 10 (Chiapas 5)

De los ensayos analizados por estado, indican que el de Chiapas es el de mayor eficiencia por detectar mayores diferencias entre las variables evaluadas.

VI. RESUMEN

Una serie de 20 híbridos, de los cuales 12 son experimentales de la empresa Pioneer y 8 testigos comerciales, se ensayaron a través de 15 localidades representativas del trópico húmedo durante la primavera del 2013. Con los objetivos de: i) Explorar la variabilidad que hay en los componentes del modelo de evaluación empleado. ii) Seleccionar los mejores materiales, con base en un índice de selección fenotípico y estabilidad, que logren superar a los testigos y pueden ser utilizados comercialmente. iii) Determinar la localidad más representativa, con mayor poder de discriminación. Para ello primeramente se realizó un análisis de varianza combinado para variables agronómicas; luego para la selección de los híbridos se utilizó la metodología de índices de selección, el cual se construyó con tres variables agronómicas (Rendimiento, Humedad y Calificación de Planta). Por último para la exploración de la interacción genotipo ambiente de los índices de selección de los híbridos y la identificación de los ambientes con buena capacidad de discriminación se empleó el modelo Regresión Lineal de Sitios. Los resultados indican que: se detectaron diferencias significativas entre los híbridos, las localidades de evaluación y en la interacción genotipo ambiente para las variables estudiadas. El modelo SREG permitió identificar los mejores híbridos, los cuales fueron el 7,

12 y el 1, detectando además los siguientes patrones de respuesta. En cuanto a los ambientes de prueba se clasificaron en 2 mega-ambientes, el primero formado por las localidades 1, 11, 12 y 13 donde el mejor desempeño agronómico lo tiene el Híbrido Experimental 7, seguido del 12; en el otro megambiente se ubican las localidades 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 14 y 15 donde el mejor híbrido es el 1. El híbrido más estable fue el 12. Por último la localidad 10 es la de mayor poder de discriminación. En un análisis del comportamiento de los híbridos por estado se detectó que el estado con mayor eficiencia en la conducción de ensayos, considerando la variación detectada en las variables evaluadas es el de Chiapas.

Palabras Clave: *Zea mays* L., Índices de selección, Estabilidad, SREG.

VII. LITERATURA CITADA

- Acevedo, M., E. Reyes. W., Castrillo., O. Torres., C. Marín., R. Álvarez., O. Moreno y E. Torres (2010).** Estabilidad fenotípica de arroz de riego en Venezuela utilizando los modelos LIN-BINNS Y AMMI. *Agronomía Trop.* 60(2): 131-138.
- Alejos, G. Pedro Monasterio y Ramón Rea (2006).** Análisis de la interacción genotipo-ambiente para rendimiento de maíz en la región maicera del estado Yaracuy, Venezuela.
- Barreto, H. J., Bolaños, J. A., Córdova. H. S. (1991).** Índice de Selección: guía para la operación del software. Manual de Capacitación Regional. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Apdo. Postal, Guatemala.
- Beck D. (2002).** Seed Course. Disponible en: <http://www.cimmyt.cgiar.org/Research/maize/qpm2002/Seed/Seed LN.htm> (Noviembre 2014).
- Bellon M. R., D. Hodson, J. Hellin (2011).** Assessing the vulnerability of traditional maize seed systems in Mexico to climate change. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 108:13432-7. doi:10.1073/pnas.1103373108.
- Berti, M., Fischer, S., Wilckens, R., Hevia, F., Johnson, B. (2010).** Adaptation and Genotype x Environment Interaction of Flaxseed (*Linum usitatissimum* L.) Genotypes in South Central Chile. *Chilean Journal of Agricultural Research* 70(3):345-356 (July-September).
- Blanche, S. B., Myers, G. O. (2006).** Identifying discriminating locations for cultivar selection in Louisiana. *Crop Science* 46:946-949.
- Camargo, I., Gordon, R., Fuentes, M. (2003).** Estabilidad y confiabilidad de los nuevos híbridos de maíz en comparación al testigo regional HB-83, 1998-2000. *Agronomía Mesoamericana*, 14/02. Universidad de Costa Rica UCR.
- Cerón R. J. J. y J. Sahagún. (2005).** Un índice de selección basado en componentes principales. *Agrociencia.* 39(6):667-677.

- Chataika, B.Y.E., Bokosi, J.M., Kwapata, M.B., Chirwa, R.M., Mwale, V.M., Mnyenyembe, P., Myers, J.R. (2010).** Performance of parental genotypes and inheritance of angular leaf spot (*Phaeosariopsis griseola*) resistance in the common bean (*Phaseolus vulgaris*). *African Journal Biotechnology*. 9(28):4398-4406.
- Copeland L. O., M. B. McDonald (2001).** Principles of Seed Science and Technology. 4th ed. Kluwer Academic Publishers. Massachusetts, USA. 467 p.
- Córdova, H.S., Castellanos, S., Barreto, H., Bolaños, J. (2002).** Veinticinco años de mejoramiento en los sistemas de maíz en Centroamérica: Logros y estrategias hacia el 2000. *Agronomía Mesoamericana* 13(1): 73-84.
- Cruz, C. D. (2005).** Principios de genética cuantitativa. Universidade Federal de Viçosa. Ed. UFV. Viçosa, Minas Gerais, Brasil. 394 p.
- De León, H., F. R. Sánchez, M. H. Reyes, D. S. Garduño, G. M. Zambrano, R. C. Cadenas y J. D. Cárdenas. (2005).** Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. *Rev. Fit. Mex.* 28(2):135-143.
- Espinosa A., M. sierra, N. Gómez (2003).** Producción y tecnología de semillas mejorada de maíz por el INIFAP en el escenario sin la PRONASE. *Agron. Mesoam.* 14:117-121.
- Ferreira, D.F., Demetrio, C.G.B., Manly, B.F.J., Machado, A.A., Vencovsky. (2006).** Statistical model in agriculture: Biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. *Cerne, Lavras*, 12:373-388
- Gauch H. G., Hans-Peter P., y Annicchiarico P. (2008).** Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE: Further Considerations. *Crop Science*, 48: 866-889.
- Glaz, B, Kang, MS. (2008).** Location contributions determined via GGE biplot analysis of multienvironment sugarcane genotype-performance trials. *Crop Science*, 48:941-950.
- Gonzales, J.G., Chiorato, A.F., Kezzy, L.M. Perina., E. F. Farias., F. L. Carbonell, SAM (2010).** Estudio de la estabilidad fenotípica de frijol de grano especial. *Ciencia Agrotecnología*, 34: 922-931.
- González, A., J. Islas., A. Espinosa., J. A. Vázquez., S. Wood (2008).** Impacto Económico del Mejoramiento Genético del Maíz en México. *Publicación Especial No. 25. INIFAP. México.* 88 p.

- González, A., Pérez, J. D., Sahagún, O. J., Franco, E. J., Morales, M., Rubí, F., Gutiérrez, A., Balbuena. M. A. (2010).** Aplicación y comparación de métodos univariados para evaluar la estabilidad en maíces del Valle Toluca-Atlacomulco, México. *Agronomía Costarricense*. 34(2):129-143.
- Hellin, J., A. Keleman (2013).** Las variedades criollas del maíz, los mercados especializados y las estrategias de vida de los productores. *LEISA Magazine* 29:7-9.
- Ibañez, M.A., Cavanagh, M.M., Bonamico, N.C., Di Renzo, M. A. (2006).** Análisis gráfico mediante biplot del comportamiento de híbridos de maíz. *RIA*, 35 (3): 83-93. INTA, Argentina.
- Kandus, M. D. Almorza and J. Salerno. (2010).** Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*zea mays* L.). *Int. J. Exp. Bot.* 79:39-46
- Keleman A., J. Hellin (2009).** Specialty maize varieties in Mexico: A case study in market-driven agro-biodiversity conservation. *J. Latin Amer. Geogr.* 8:147-174.
- Lavoranti, J. O. (2003).** Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI. Tese apresentada a Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Doctor em Agronomia, Área de Concentração: Estatística e Experimentação Agrônômica. Piracicaba, p. 166.
- Lieutier, J. (2006).** La elección del híbrido, un tema mayor, *La nación Suplemento*. P. Science 8-9.
- Márquez F., Valdivia R., Cano O., Rodríguez F. A. (2000).** Aptitud combinatoria general y específica de líneas tropicales de maíz usando probadores. *Agronomía Mesoamericana*, Abril, Vol. 11, Número 001. Pp. 103- 112.
- Modarresi M., Assad M. T. and Kheradnam M. (2004).** Determining selection indices in corn hybrids (*Zea mays* L.) to increase grain yield. *J. Sci. & Tech. of Agric. and Natural Resources*, 7(4): 71-82.
- Muñoz, O. A. (2005).** Centli-Maíz. Prehistórico e Historia, Diversidad, Potencial, origen genético y geográfico, *Glosario Centli-maíz*. (2ª edición). Colegio de postgraduados. Montecillo, Estado de México. 210p.
- Ramalho, M. A., J. B. Santos e C. A. Pinto. (2000).** Genética na agropecuaria. Lavras: Ed. UFLA. 404 p.

- Ramírez, D.J.L., J.J. Wong P, J. A. Ruiz C., M Chuela B (2010).** Cambio de fecha de siembra del maíz en Culiacán, Sinaloa, México. *Rev. Fit. Mex.* 33(1): 61-68
- Rodríguez, P. J. E., J. Sahagún C., H. E. Villaseñor M., J. D. Molina G., A. Martínez G. (2002).** Estabilidad de siete variedades comerciales de trigo (*Triticum aestivum* L.). *Rev. Fitotec. Mex.* 25:143–151.
- Rodríguez - Pérez, J.E. Sahagún C. J., Villaseñor Mir H.E., Molina Galán, J.D. Martínez Garza, A. (2005).** La interacción genotipo × ambiente en la caracterización de áreas temporales de producción de trigo. *Agrociencia* 39:51-64.
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP),** cierre de la producción anual agrícola por estado; consulta noviembre 2014; disponible en <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-estado/>.
- Suwarto, Nasrullah. (2011).** Genotype × Environment Interaction for Iron Concentration of Rice in Central Java of Indonesia *Rice Science*,18(1): 75–78.
- Turrent Fernández A., T. A. Wise., E. Garvey (2012).** Factibilidad de alcanzar el potencial productivo de maíz de México. *Mex. Rural Develop. Res. Rep.* 24:1-36.
- Vázquez, Carrillo M. G., J. P. Pérez, Camarillo., J. M. Hernández, Casillas., M. L. Marrufo, Díaz., E. Martínez, Ruiz. (2010).** Calidad de grano y de tortillas de maíces criollos del altiplano y valle del mezquital, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 33:49-56.
- Yan, W., L. A. Hunt., Q. Sheng and Z. Szlavnic., (2000).** Cultivar evaluation and mega- environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40 (3): 597-605.
- Yan W., Cornelius P. L., Crossa J., y Hunt L. A. (2001).** Two Types of GGE Biplots for Analyzing Multi-Environment Trial Data. *Crop Sci*, 41, pp. 656–663.
- Yan, W., Rajcan, I. (2002).** Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science* 42, 11-20.
- Yan W. and L. A. Hunt., (2002).** Biplot analysis of diallel data. *Crop. Sci.* 42:21-30.

Yan W., M. S. Kang (2003). GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. CRC Press LLC. Boca Raton. FL, USA. 276 p.

Yan W., M. S. Kang, M. Baoluo, S. Woods, and P. L. Cornelius., (2007). GGE biplot vs AMMI analysis of genotype-by-environment data. Crop. Sci. 47:643-655.

Yan, W., and J. B. Holland. (2010). A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. Euphytica 171: 355-369.

<http://www.firco.gob.mx/POTTtransparencia/Documents/Estudios/5EvaluaciondeResultados-Promaf2007.pdf> 130-133 p.