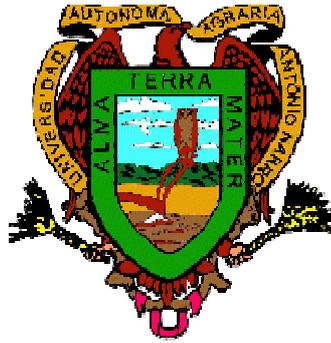


UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

“ANTONIO NARRO”

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA



Índices de selección para la clasificación de once poblaciones de
maíz y sus cruzas posibles

Por:

Alexander López Hernández

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México

Febrero, 2010.

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

“ANTONIO NARRO”

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

TESIS

Índices de selección para la clasificación de once poblaciones de
maíz y sus cruzas posibles

Por:

Alexander López Hernández

Que somete a consideración del H. Jurado examinador como
requisito para obtener el título de

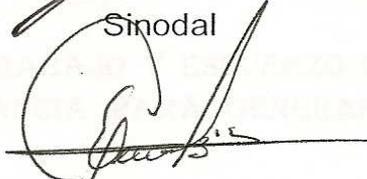
INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

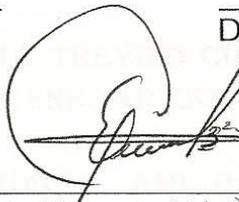
Aprobada por:


Dr. Humberto de León Castillo
Asesor principal


M.C. Daniel Sámano Garduño
Sinodal


Dr. Alfredo de la Rosa Loera
Sinodal


Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo
Sinodal


Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo
Coordinador de la División de Agronomía



Buenavista, Saltillo, Coahuila, México
Febrero, 2010. División de Agronomía

AGRADECIMIENTOS

PRINCIPALMENTE A DIOS POR DARME SALUD Y PACIENCIA, PARA LOGRAR MIS OBJETIVOS YA QUE POR MEDIO DE SUS CONSEJOS BÍBLICOS APRENDÍ A SER MÁS TOLERANTE Y A COMPRENDER QUE LAS COSAS BUENAS SE LOGRAN MEDIANTE ESFUERZOS, QUE EN EL FUTURO TENDRÁN SUS RECOMPENSAS Y SATISFACCIONES.

A LA **UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO** POR LA FORMACIÓN PROFESIONAL Y ÉTICA QUE POR MEDIO DE SUS PROFESORES E INVESTIGADORES SE LOGRA DURANTE LA CARRERA

AL **DR. HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO** POR HABERME DADO LA OPORTUNIDAD Y CONFIANZA DE INTEGRARME A SU PROGRAMA DE INVESTIGACIÓN COMO TESISISTA, ADEMÁS DE BRINDARME SU AMISTAD, APOYO Y TIEMPO INCONDICIONAL DURANTE EL TRABAJO.

AL **M. C. DANIEL SÁMANO GARDUÑO** POR SUS CONSEJOS Y CONOCIMIENTOS COMPARTIDOS DURANTE EL TIEMPO QUE LO CONOZCO, ADEMÁS POR LAS CORRECCIONES ACERTADAS DURANTE LA REVISIÓN DEL TRABAJO.

AL **DR. ALFREDO DE LA ROSA LOERA** POR SU VALIOSA ASESORÍA Y CONOCIMIENTOS COMPARTIDOS EN EL SALÓN DE CLASES

AL **DR. MARIO ERNESTO VÁZQUEZ BADILLO** POR LA CONFIANZA, AMISTAD Y CONOCIMIENTOS BRINDADOS EN CLASES, ADEMÁS POR SUS ACERTADAS SUGERENCIAS EN LA REVISIÓN DEL PRESENTE TRABAJO.

AL **ING. RAÚL GÁNDARA HUITRÓN** POR SU TRABAJO Y ESFUERZO QUE EN TODO MOMENTO FUERON DE GRAN IMPORTANCIA PARA GENERAR ESTE TRABAJO.

A LA **MC. BEATRIZ EUGENIA TREVÍÑO CUETO** POR SU AMISTAD, CONSEJOS, TIEMPO Y ASESORÍA PARA GENERAR ESTA INVESTIGACIÓN.

A TODOS MIS COMPAÑEROS Y AMIGOS DE LA GENERACIÓN 108 DE PRODUCCIÓN, A MIS PAISANOS DE CHIAPAS QUE VIVEN EN VECINDAD MINA 1410 Y A MIS COMPAÑEROS DE CUARTO. A TODOS ELLOS POR LOS MOMENTOS FELICES QUE PASAMOS, LES DESEO LA MEJOR DE LA SUERTE.

DEDICATORIA

EN ESPECIAL Y CON MUCHO CARIÑO A MIS PADRES:

CRISTÓBAL LÓPEZ LÓPEZ

MARINA HERNÁNDEZ OCHOA

POR HABERME DADO LA OPORTUNIDAD DE REALIZAR UNA CARRERA PROFESIONAL, ADEMÁS POR SUS ACERTADOS CONSEJOS QUE EN TODO MOMENTO FORMARON PARTE INDISPENSABLE PARA LOGRAR SATISFACTORIAMENTE ESTE OBJETIVO.

A MIS HERMANOS

MARCO ANTONIO LÓPEZ HERNÁNDEZ

ALBERT OMAR LÓPEZ HERNÁNDEZ

CRISTÓBAL LÓPEZ HERNÁNDEZ

POR EL APOYO MORAL Y ECONÓMICO QUE EN TODO MOMENTO ME BRINDARON.

A TODOS GRACIAS

ÍNDICE DE CONTENIDO

Agradecimientos	i
Dedicatoria	ii
Índice de contenido	iii
Índice de cuadros y figuras	iv
I. Introducción	1
Objetivos	3
Hipótesis	3
II. Revisión de literatura	4
Heterosis	4
Grupos y patrones heteróticos	5
Aptitud combinatoria general y específica.....	6
Estimación de efectos genéticos	7
Parámetros genéticos	9
Índices de selección	10
SREG y gráficas biplot	11
III. Materiales y métodos	13
Material genético.....	13
Procedimiento	15
Descripción de la parcela experimental.....	15
Labores de cultivo	16
Datos agronómicos evaluados	17
Rendimiento ajustado por covarianza	18
Estadísticas empleadas	19
Análisis general combinado para la variable índice de selección.....	21
Análisis dialélico.....	21
Análisis de regresión en los sitios SREG)	23
Criterios de selección	24
IV. Resultados y discusiones	25
V. Conclusión	43
VI. Resumen	44
VII. Literatura citada	45

ÍNDICE DE CUADROS Y FIGURAS

Cuadro	Página
3.1 Clave y genealogía de las poblaciones y sus cruzas posibles utilizadas para generar el apareamiento dialélico	14
3.2 Descripción de las localidades de siembra	15
3.3 Metas e intensidades para calcular el índice de selección con valores fenotípicos	20
3.4 Metas e intensidades para calcular el índice de selección con valores de heterosis	20
3.5 Estructura del análisis de varianza, esperanza de cuadrados medios del método IV modelo I de Griffing	22
4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para el índice de selección de los valores fenotípicos, a través de tres ambientes Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco. Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo, en el 2006.....	26
4.2 Cuadrados medios y parámetros genéticos (ACG y ACE) del análisis dialélico con valores fenotípicos del índice de selección con el método IV de Griffing (1956) modelo I, a través de tres ambientes: Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco. Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo, en el 2006.....	30
4.3 Concentración de efectos y valores, la ACG se presentan en la diagonal, en la parte superior de la misma los valores ACE con sus respectiva significancia. En la parte inferior se presentan los valores de los IS	31

4.4 Cuadrados medios del análisis dialélico basado en índices de selección con el modelo II de Gardner y Eberhart a través de tres ambientes: Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco. Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo, en el 2006.....	34
4.5 Concentración de efectos y valores. La heterosis varietal se presenta en la diagonal, en la parte superior de la misma los valores de heterosis específica con sus respectiva significancia. En la otra parte se presentan los valores de la media general de los IS	35
4.6 Valores de media general para IS de los 11 progenitores	35
4.7 Cuadrados medios y parámetros genéticos (ACG y ACE) del análisis dialélico con valores del índice de selección con el método II de Griffing (1956) modelo I, a través de tres ambientes: Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco. Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo, evaluados en el 2006	36
4.8 Cuadrados medios y parámetros genéticos (ACG y ACE) del análisis dialélico con valores de heterosis integrados en un índice de selección con el método IV de Griffing (1956) modelo I, a través de tres ambientes: Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco. Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo, evaluados en el 2006	39
Figura 4.1 Biplot GGE de los datos del dialélico entre 11 poblaciones, basado en los valores fenotípicos de IS. CP1 y CP2 = componente principal 1 y 2, respectivamente. A1 = Celaya, Guanajuato; A2 = Tlahuelilpan, Hidalgo; A3 = Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco.....	28
Figura 4.2 Biplot GGE de los datos del dialélico entre 11 poblaciones, basado en los valores de heterosis de IS. CP1 y CP2 = componente principal 1 y 2, respectivamente. A1 = Celaya, Guanajuato; A2 = Tlahuelilpan, Hidalgo; A3 = Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco.....	41

I. INTRODUCCIÓN

Debido a que la demanda nacional de maíz supera a la producción, si deseamos tender a la autosuficiencia es necesario generar variedades mejoradas con alto rendimiento por unidad de superficie. Para dar seguimiento a esta alternativa los esfuerzos se comparte por todos los organismos dedicados a la formación y explotación de semilla mejorada.

En los programas dedicados a la hibridación se necesita poblaciones con buen comportamiento *per se*, con alta frecuencia de alelos favorables, que al cruzarse muestren un alto grado de heterosis. Las poblaciones deberían tener la capacidad de tolerar el estrés de la endogamia y de producir líneas puras superiores y de alto rendimiento. Los adelantos genéticos a largo plazo pueden ser obtenidos por el mejoramiento continuo de las poblaciones y por el uso de líneas extraídas de poblaciones avanzadas en el desarrollo de híbridos (Hallauer, 1990).

Para generar e identificar híbridos que reúnan las características deseables, los programas de mejoramiento necesitan conocer las relaciones genéticas entre los progenitores. Por tal razón es necesario contar con información de los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE), para la elección eficiente del germoplasma que dará origen a los mejores híbridos.

Cuando se realiza la selección para más de un carácter, es necesario utilizar un método que englobe simultáneamente algunas variables de interés. Tal es el caso de los índices de selección en el cual los individuos se eligen en base al merito total de dos o más rasgos. Como se trata del merito total se lleva todo a un solo valor representativo del valor genotípico de ese individuo. De este modo se podrá comparar individuos en base a varias características representadas en un índice de selección.

El presente trabajo consistió en el estudio de 11 poblaciones, originadas de generaciones avanzadas de híbridos comerciales de diferentes empresas, y sus cruzaas posibles. Se juzga que los progenitores involucrados permitirán explorar una amplia y selecta base genética con adaptación a regiones de altura comprendida entre 1000 y 2000 msnm, de donde se podrá generar germoplasma apto para la derivación de nuevos híbridos.

El propósito de trabajar con generaciones avanzadas de híbridos como germoplasmas de partida, es que las poblaciones deberían tener la capacidad de tolerar el estrés de endogamia y de producir una alta frecuencia de líneas puras superiores. Al usar cruzamientos dialélicos se posibilita estimar los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE).

Las poblaciones que presenten altas frecuencias de ACG servirán para derivar líneas y las combinaciones que presenten altos efectos de ACE y de heterosis ayudaran a identificar posibles grupos y patrones heteróticos; con esto se lograra dirigir los cruzamientos hacia donde se esperará mayor heterosis. Por estas premisas se originaron los siguientes:

Palabras claves: índice de selección, dialélico, heterosis, maíz (*Zea mays*).

Objetivos

- Estimar la aptitud combinatoria general (ACG) de generaciones avanzadas de híbridos (poblaciones) y la aptitud combinatoria específica ACE y la heterosis de sus cruzas. Con el propósito de detectar germoplasma potencial para programas de mejoramiento.

- Identificar combinaciones superiores por medio de índices de selección, basados en valores fenotípicos y de heterosis.

- Determinar la estabilidad de los progenitores y sus cruzas evaluados en tres ambientes, auxiliados por el modelo SREG.

Hipótesis

- Al menos una de las cruzas evaluadas tiene comportamiento diferente, en aptitud combinatoria de acuerdo al índice de selección y estabilidad.

- Cuando se parte de poblaciones obtenidas de generaciones avanzadas de híbridos, se espera que las progenies obtenidas muestren menor aptitud combinatoria general (ACG) en relación a la aptitud combinatoria específica (ACE),

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Heterosis

Hernández *et al.* (2001) expresan que la heterosis o vigor híbrido, se refiere originalmente a la superioridad selectiva de los heterocigotos en cuanto a los caracteres, frecuentemente variables como el tamaño, rendimiento y vigor. La heterosis es importante para los expertos en mejoramiento genético, pues comúnmente se supone que la cruce de progenitores sobresalientes y distintos, promueven el éxito genético.

Vallejo y Estrada (2002) mencionan que la heterosis y el vigor híbrido han sido términos usados como sinónimos por muchos autores, pero actualmente se considera que heterosis es un estímulo al desarrollo (causa) y el vigor híbrido es la manifestación fenotípica de la heterosis (efecto). La heterosis se logra en la hibridación, pero no es un fenómeno universal ni fácilmente observable. Se presenta cuando se cruzan dos padres genéticamente diferentes. También sirve para determinar el grado de relación genética entre los progenitores. Si el valor de la heterosis es superior al 100% se dice que los progenitores que se cruzaron son diversos genéticamente.

Cubero (2003) define la heterosis como el aumento en la expresión de ciertos caracteres que surgen tras el cruzamiento entre especies, variedades o líneas puras. El uso de la heterosis ha llevado a la formación de variedades sintéticas y de variedades híbridas o híbridos comerciales.

Vergara *et al.* (2001) evaluaron veinticuatro líneas de maíz blanco tropical desarrolladas por el CIMMYT con un nivel de homocigosis de S_6 (0.98) a S_{12} (1.00), se usaron en cruzas apareadas (12x12) para examinar sus efectos de aptitud combinatoria y determinar su comportamiento en cruzamientos. Las 24 líneas fueron clasificadas por su tipo de mazorca. La mayor frecuencia de las mejores cruzas simples ocurrió entre líneas de diferente población, aunque, también se encontraron cruzas sobresalientes entre líneas derivadas de la misma población. Estos resultados muestran la importancia de utilizar líneas mejoradas que pertenezcan a grupos heteróticos opuestos, para asegurar el éxito de un programa de hibridación.

Grupos y patrones heteróticos

Sierra *et al.* (2004) formaron y evaluaron híbridos simples con líneas sobresalientes pertenecientes a diferente grupo heterótico. En todos los grupos se identificaron líneas con buen comportamiento *per se* y alta aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE), que pueden usarse en la formación de nuevos híbridos o sintéticos

Terrón *et al.* (1997) cruzaron treinta líneas seleccionadas de la Población 43SR con los probadores CML-320 (Grupo heterótico "A") y CML-321 (Grupo heterótico "B") que dieron origen a 60 combinaciones híbridas línea x probador; la evaluación se realizó en cuatro localidades. Los resultados obtenidos indican que los componentes de variación para ACG y ACE mostraron diferencias significativas en el análisis combinado de rendimiento. Los valores significantes de ACE permitieron separar a las líneas en grupos heteróticos opuestos de acuerdo con su comportamiento en las cruzas de prueba.

Latournerie *et al.* (1996) evaluaron ocho poblaciones de maíz forrajero y sus cruzas dialélicas en dos localidades, con el objetivo de conocer el comportamiento heterótico de los materiales e identificar las mejores

poblaciones, tomando en cuenta el rendimiento y la calidad del forraje. La población Tuxpeño Bajío presentó el mejor efecto de ACG a través de localidades para rendimiento del forraje. Esta población, al cruzarse con el Sintético Forrajero manifestó el mejor potencial forrajero (30.82 t/ha) y la mejor heterosis (14.6%), por lo que se considera que estas dos poblaciones son las más adecuadas para iniciar un programa de selección recíproca recurrente y para incrementar la producción de forraje.

Aptitud combinatoria general y específica

Jara (1995) menciona que el valor de cruza (ó aptitud combinatoria general, ACG) de un padre es su habilidad de cruzarse (o combinarse) con otros padres en generar para producir descendencias superiores y la aptitud combinatoria específica (ACE) se refiere a la diferencia del rendimiento promedio de la progenie de una cruza entre dos progenitores específicos.

Elizondo (2000) indica que la determinación de la ACG y ACE, permiten conocer la forma en que actúan los genes de un carácter dado y la importancia relativa de cada una. Es posible obtener un rápido avance en la mejora genética si se usan los genotipos de alta aptitud combinatoria.

De la Cruz *et al.* (2007) con el objetivo de estimar los efectos de ACG de ocho líneas de maíz y la ACE de sus cruzas, realizaron 28 cruzas directas entre las líneas. Los parámetros genéticos de ACG y ACE fueron estimados mediante el análisis estadístico del diseño dialélico IV. En general, los resultados indicaron que existió amplia variación genética entre las líneas evaluadas, que puede usarse en forma inmediata para iniciar programas de mejoramiento genético efectivos.

Morata *et al.* (2006) mencionan que los estudios de aptitud combinatoria proveen información sobre la capacidad de las líneas de maíz para la formación de híbridos. Con el objeto de determinar la ACG y ACE para rendimiento realizaron un dialélico entre nueve líneas de maíz. Los resultados de este trabajo indican que algunos de los híbridos formados por las nuevas líneas presentaron alto rendimiento y menor por ciento de vuelco y quebrado. Por lo tanto, estas líneas podrían ser usadas directamente en la formación de híbridos comerciales.

Sierra *et al.* (2000) evaluaron mestizos de líneas tropicales de maíz para determinar aptitud combinatoria general y específica, usando probadores, provenientes de varias fuentes de germoplasma. Se encontraron líneas con buen comportamiento *per se* y con buena aptitud combinatoria general y específica que pueden ser usados en la formación de híbridos y/o sintéticos.

Estimación de efectos genéticos

Vallejo *et al.* (2005) indican que la metodología de Griffing (1953, 1954, 1956), fue desarrollada para evaluar ACG y ACE de los genotipos que intervienen en el cruzamiento dialélico el método experimental que utiliza cruzamientos dialélicos puede variar si las líneas y/o recíprocos son incluidos. Presentando cuatro métodos o diseños de análisis para cruza dialélicas: 1) progenitores y sus cruza en ambos sentidos; 2) progenitores y las cruza en un solo sentido; 3) cruza en ambos sentidos (directas y recíprocas) sin incluir progenitores; y 4) en un solo sentido

Castañón *et al.* (2000) evaluaron en maíz las F_1 's y los siete padres de éstas, para estudiar la respuesta de los híbridos y los padres al efecto del achaparramiento transmitido por la chicharrita (*Dalbulus maydis*). Para ello se aplicó el Método 2, modelo I de Griffing (1956). De los resultados obtenidos, se

encontró como más importantes a los efectos aditivos (ACG), que a los no aditivos (ACE).

Gutiérrez *et al.* (2002) determinaron la ACG y la ACE para rendimiento de grano de seis líneas de maíz, en dos localidades San Pedro (El Retiro) y Torreón (UAAAN-UL) Coah. Para la estimación de efectos de ACG y ACE se empleo el método II de Griffing (1956). El diseño experimental utilizado fue de bloques completos al azar con dos repeticiones por localidad. El análisis combinado mostro diferencias altamente significativas para los genotipos evaluados, lo que confirma la variación genética que existe entre ellos.

Teruel *et al.* (2008) estimaron los efectos de aptitud combinatoria para variables relacionadas con el vigor en maíz bajo estrés hídrico. La variación debida a las cruza simples se partió en efectos de ACG y ACE de acuerdo al método 4, modelo 1 de Griffing. Las líneas 31B y P004 presentaron los valores más altos de ACG. Los caracteres relacionados al vigor fueron controlados principalmente por efectos aditivos; los efectos no aditivos fueron importantes también, sobre todo para longitud del coleóptilo.

Vallejo *et al.* (2005) mencionan en sus publicaciones que Gardner y Eberhart dieron a conocer varios tipos de análisis (I, II, III), siendo el más utilizado el II. Esta metodología de análisis puede aplicarse desde grupos de progenitores totalmente homocigotos ($F=1$) hasta aquellos sin ningún grado de endogamia ($F=0$). La idea es explorar la heterosis (si la hay). Esta a su vez se divide en tres: heterosis varietal, heterosis media y heterosis específica.

Castañón *et al.* (2003) estudiaron el comportamiento de siete líneas de maíz y sus progenies (F_1) directas. El germoplasma se evaluó considerando las variables; por ciento de infección por achaparramiento (Pia) y rendimiento de grano. Para la estimación de la heterosis y habilidad combinatoria se aplico el

modelo II de Gardner y Eberhart. La heterosis fue mayor para rendimiento de grano (RG) entre cruzas no emparentadas. No hubo un patrón bien definido del tipo de herencia que determine la resistencia o susceptibilidad al achaparramiento del germoplasma evaluado.

Parámetros genéticos

Reyes *et al.* (2004) estimaron la media genotípica y las varianzas genéticas, aditiva y de dominancia de la raza de maíz Tuxpeño, así como los efectos de aptitud combinatoria general (g_i) y específica (s_{ij}) de diez líneas S_1 derivadas de tres compuestos varietales pertenecientes a esta raza. Las 45 cruzas se evaluaron por rendimiento de mazorca por planta. La varianza genética aditiva resultó cinco veces mayor que la varianza genética de dominancia. Las líneas 9 y 10 presentaron los efectos más altos de ACG y las cruzas en que intervinieron fueron las de mayor rendimiento. Las líneas 3 y 5 que tuvieron los efectos más bajos de ACG produjeron las cruzas con los rendimientos más bajos.

Sahagún (2001) indica que para evaluar el potencial de una variedad sintética (VS) se usa su media y la estructura de su varianza genética (σ^2_G). Ésta, además de varianza aditiva (σ^2_A) y de dominancia (σ^2_D), debe incluir términos asociados al proceso endogámico que ahí sucede.

Reyes *et al.* (2007) mencionan que la variación de los estimadores de los efectos g_i de las líneas y s_{ij} de las 45 cruzas, disminuyó al aumentar el número de ambientes de evaluación. Estos resultados muestran que los estimadores de parámetros genéticos son altamente sesgados cuando el material genético es evaluado en 1 ó 2 ambientes, y la evaluación en 3 ó 4 ambientes produce estimadores equivalentes a los de la evaluación en 5 ambientes.

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.

Córdova *et al.* (2002) indican que el mejor entendimiento de algunos 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.

Aguilera (1990) menciona que al considerar únicamente el rendimiento como característica principal, el índice de selección con cuatro características presento una mayor eficiencia de selección, pero menos eficiente a los índices contruidos con 5, 6 y 7 características.

El principio del índice de selección (IS) utilizado en este trabajo está basado en estimar los valores estandarizados de cada parámetro a los cuales se les resta una meta de selección, que está de acuerdo a la desviación estándar del parámetro y a la media de la población, el resultado es elevado al cuadrado y a la vez éste es multiplicado por una intensidad cuyo valor depende de la importancia del parámetro en cuestión. Los valores obtenidos por parámetro son sumados y el resultado es el índice de selección. Los genotipos que obtengan los IS más bajos son los mejores (Barreto, 1991).

SREG y graficas biplot

Sierra *et al.* (2007) mencionan que el desarrollo de los modelos lineales y bilineales tales como AMMI y el análisis de regresión de sitios (SREG) integran análisis de varianza y de componentes principales, han mostrado su eficiencia para explicar una proporción de la suma de cuadrados de la interacción, superior a la obtenida con el análisis de varianza y regresión conjunta. El desarrollo de las gráficas Biplot GGE-SREG es un avance en la interpretación de la interacción del ambiente con los genotipos, ya que permiten visualizar similitudes y diferencias entre genotipos, localidades y la respuesta diferencial de los genotipos.

Alejos *et al.* (2006) evaluaron la adaptabilidad y estabilidad del rendimiento de granos de 16 híbridos de maíz blanco usando el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI). Los ensayos fueron conducidos en seis ambientes durante el período 2000-2001 en el estado Yaracuy, Venezuela. Se utilizó un diseño experimental de bloques al azar con cuatro repeticiones. El modelo AMMI fue útil para entender la compleja interacción genotipo por ambiente existente en caracteres cuantitativos como el rendimiento de grano, lo que permite ganar precisión, mejorando el proceso de selección e incrementando la eficiencia experimental

Ibáñez *et al.* (2006) mencionan que 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 (E) es la fuente de variación más importante en relación con la contribución del genotipo (G) y la interacción genotipo-ambiente (GE). Este modelo, que incluye en el termino bilineal G+GE, proporciona un análisis gráfico del comportamiento (rendimiento y estabilidad) de los genotipos denominado biplot GGE. Este gráfico permite

identificar el genotipo de mayor potencial en cada ambiente y agrupar genotipos y ambientes con patrones similares de respuesta.

De León *et al.* (2005) analizaron las tendencias al agrupamiento de las combinaciones, de los ambientes, así como un detallado estudio de la interacción entre estos factores, mediante gráficos “biplot” obtenidos de los modelos AMMI o grafica GE y el SREG o grafica GGE. Las presentaciones graficas de los “biplots” clasificaron los efectos principales de una manera sencilla de interpretar; estima la magnitud y el sentido de la interacción genotipo x ambiente; permiten visualizar la mejor combinación germoplásmica por ambiente, y hace más eficiente la selección.

Gordón *et al.* (2007) con el objetivo de evaluar la metodología Biplot GGE-SREG en el análisis e interpretación de diversos ensayos de agronomía realizados en el Proyecto de Maíz del IDIAP. Para esto, se tomaron los datos de tres ensayos. Se encontró una clara respuesta a la interpretación de la interacción de los tratamientos con los distintos ambientes en donde se llevaron a cabo los estudios, demostrando que es una herramienta útil y poderosa para explicar cómo se comportan los distintos tratamientos en los ambientes evaluados.

De León *et al* (2007) estudiaron 10 líneas pertenecientes al grupo más sobresaliente y representativo del Instituto Mexicano del Maíz de la (UAAAN), con el fin de identificar el mejor patrón heterótico y algún buen híbrido experimental; además con el objetivo de seleccionar líneas por su estabilidad en ACG, con base en los gráficos generados por el modelo regresión en los sitios (SREG). Los resultados indicaron que fue eficiente seleccionar progenitores por sus efectos de ACG, atendiendo el modelo SREG, pues además de los efectos aditivos y lineales de ACG (lo que se hace convencionalmente) se consideran durante la selección los efectos de interacción, en este caso ACG x GG.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

El material genético utilizado para la presente investigación consto de 11 poblaciones formadas a partir de generaciones avanzadas de híbridos comerciales de uso actual en las regiones entre 1000 y 2000 msnm con excelente desempeño agronómico, así como de sus combinaciones posibles.

Estas 11 poblaciones fueron cruzadas siguiendo el plan de apareamiento propuesto por Griffing método IV (1956) originando 55 cruzas directas en el campo experimental "Dr. Mario E. Castro Gil" de la Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro" (UAAAN), ubicada en la localidad de Tepalcingo, Morelos en el ciclo otoño-invierno de 2005. Las polinizaciones del dialélico se hicieron mezclando el polen recolectado de 50 espigas de cada progenitor y en la cosecha se tomaron 20 mazorcas por cruzamiento.

La clave y genealogía de las poblaciones y sus cruzas posibles utilizadas para generar el apareamiento dialélico se presenta en el Cuadro 3.1.

Cuadro 3.1. Clave y genealogía de las poblaciones y sus cruza posibles utilizadas para generar el apareamiento dialélico.

Clave	Pob.	Genealogía	Clave	Cruzas	Genealogía
1	1	P130G40F2	34	3x7	P130G88F2 X P1DK2020F2
2	2	P130G45F2	35	3x8	P130G88F2 X P1PUMAF2
3	3	P130G88F2	36	3x9	P130G88F2 X P1BENGALAF2
4	4	P130G54F2	37	3x10	P130G88F2 X P1LEOPARDOF2
5	5	P1DK2025F2	38	3x11	P130G88F2 X P1BD33F2
6	6	P1DK2060F2	39	4x5	P130G54F2 X P1DK2025F2
7	7	P1DK2020F2	40	4x6	P130G54F2 X P1DK2060F2
8	8	P1PUMAF2	41	4x7	P130G54F2 X P1DK2020F2
9	9	P1BENGALAF2	42	4x8	P130G54F2 X P1PUMAF2
10	10	P1LEOPARDOF2	43	4x9	P130G54F2 X P1BENGALAF2
11	11	P1BD33F2	44	4x10	P130G54F2 X P1LEOPARDOF2
Clave	Cruzas	Genealogía	45	4x11	P130G54F2 X P1BD33F2
12	1x2	P130G40F2 X P130G45F2	46	5x6	P1DK2025F2 X P1DK2060F2
13	1x3	P130G40F2 X P130G88F2	47	5x7	P1DK2025F2 X P1DK2020F2
14	1x4	P130G40F2 X P130G54F2	48	5x8	P1DK2025F2 X P1PUMAF2
15	1x5	P130G40F2 X P1DK2025F2	49	5x9	P1DK2025F2 X P1BENGALAF2
16	1x6	P130G40F2 X P1DK2060F2	50	5x10	P1DK2025F2 X P1LEOPARDOF2
17	1x7	P130G40F2 X P1DK2020F2	51	5x11	P1DK2025F2 X P1BD33F2
18	1x8	P130G40F2 X P1PUMAF2	52	6x7	P1DK2060F2 X P1DK2020F2
19	1x9	P130G40F2 X P1BENGALAF2	53	6x8	P1DK2060F2 X P1PUMAF2
20	1x10	P130G40F2 X P1LEOPARDOF2	54	6x9	P1DK2060F2 X P1BENGALAF2
21	1x11	P130G40F2 X P1BD33F2	55	6x10	P1DK2060F2 X P1LEOPARDOF2
22	2x3	P130G45F2 X P130G88F2	56	6x11	P1DK2060F2 X P1BD33F2
23	2x4	P130G45F2 X P130G54F2	57	7x8	P1DK2020F2 X P1 PUMAF2
24	2x5	P130G45F2 X P1DK2025F2	58	7x9	P1DK2020F2 X P1BENGALAF2
25	2x6	P130G45F2 X P1DK2060F2	59	7x10	P1DK2020F2 X P1LEOPARDOF2
26	2x7	P130G45F2 X P1DK2020F2	60	7x11	P1DK2020 F2 X P1BD33F2
27	2x8	P130G45F2 X P1PUMAF2	61	8x9	P1PUMAF2 X P1BENGALAF2
28	2x9	P130G45F2 X P1BENGALAF2	62	8x10	P1PUMAF2 X P1LEOPARDOF2
29	2x10	P130G45F2 X P1LEOPARDOF2	63	8x11	P1PUMAF2 X P1BD33F2
30	2x11	P130G45F2 X P1BD33F2	64	9x10	P1BENGALAF2 X P1LEOPARDOF2
31	3x4	P130G88F2 X P130G54F2	65	9x11	P1BENGALAF2 X P1BD33F2
32	3x5	P130G88F2 X P1DK2025F2	66	10x11	P1LEOPARDOF2 X P1BD33F2
33	3x6	P130G88F2 X P1DK2060F2			

Procedimiento

Las 55 cruzas directas más las 11 poblaciones en su primera generación segregante (F_2), fueron evaluados en forma conjunta en tres localidades: Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco; Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo. Con dos repeticiones por localidad. Las características principales de los ambientes de evaluación se presentan en el Cuadro 3.2.

Cuadro 3.2. Descripción de localidades de siembra

Localidad	Latitud norte	Longitud Oeste	Altitud msnm	Temperatura °C	Precipitación Mm
Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco	20° 28'	103° 27'	1575	19.7	821.9
Celaya, Guanajuato	20° 38'	101° 38'	1754	20.0	594.4
Tlahuelilpan, Hidalgo	20° 07'	99° 13'	2040	17	675

Descripción de la parcela experimental

El diseño de siembra de los tratamientos se llevo acabó en un diseño de bloques incompletos al azar con arreglo alfa-látice con dos repeticiones. La parcela experimental fue de un surco con 21 plantas a 19 cm entre planta y una distancia entre surcos de 0.92 m para la localidad de Hidalgo y de 0.75 m en las localidades de Guanajuato y Jalisco. La siembra del material experimental se realizó en forma manual, depositando dos semillas por golpe para posteriormente aclarar a una planta y así asegurar la densidad de siembra deseada (21 plantas/parcela).

Labores de cultivo

Fertilización

La fertilización se realizó al momento de la siembra, con la siguiente fórmula: 180-90-00 kg ha⁻¹ de nitrógeno y fósforo respectivamente, donde se aplicó el 50 por ciento de nitrógeno y todo el fósforo en la siembra, el resto del nitrógeno se aplicó al primer cultivo.

Control de malezas

En todos los ambientes de evaluación se utilizaron herbicidas (pre emergente y pos emergente), en asociación con escardas y cultivos mecánicos. Teniendo prioridad durante las primeras etapas del desarrollo y crecimiento del cultivo, de tal manera que este factor no interfiera en las características experimentales.

Riego

El número y lámina de riego fueron variados en función de las condiciones climáticas (precipitación pluvial y temperatura), desarrollo vegetativo del cultivo, tipo de suelo, etc.

Cosecha

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

Datos agronómicos evaluados

1. Días a floración masculina y femenina (FM y FF). Número de días transcurridos desde la fecha de siembra hasta que el 50% de las plantas con espigas presenta anteras dehiscentes (floración masculina) y estigmas receptivos (floración femenina).
2. Sincronía floral (SF). Diferencia que existe en días, de la floración macho con la hembra.
3. Acame de raíz (AR). Por ciento de plantas acamadas por parcela, considerando aquellas que presentaron una inclinación igual o mayor a 30° con respecto a la vertical.
4. Mala cobertura (MC). Por ciento de mazorca con mala cobertura en relación al total de mazorcas cosechadas en cada parcela.
5. Plantas con *fusarium* (PF). Por ciento de plantas que se observaron total o parcialmente dañadas por este hongo en cada parcela, con respecto al total de las plantas establecidas.
6. Calificación de mazorca (CM). Es una calificación visual de las mazorcas cosechadas por parcela útil que considera llenado de grano, sanidad, tamaño y uniformidad. La escala es de 1 a 5 (1 muy buena, 5 muy mala).
7. Altura de planta (AP). Es la distancia en metros entre la base de la planta y la hoja bandera.
8. Altura de mazorca (AM). Es la distancia en metros desde la base de la planta hasta el nudo de inserción de la mazorca principal.
9. Relación mazorca planta (RMP). Se calculo multiplicando altura de mazorca por cien entre altura de planta.

10. Rendimiento (REND). Es la producción estimada por parcela experimental reportada en t ha⁻¹ al 15.5 % de contenido de humedad.

Éste se obtuvo al multiplicar el peso seco (PS) por el factor de conversión (FC).

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

Donde: % H = contenido de humedad del grano a la cosecha por parcela; PC = peso de campo en kg.

$$FC = (10,000/APU * 0.845 * 1000)$$

Donde: FC= Factor de conversión para expresar el rendimiento en toneladas por hectárea; APU = área de parcela útil. Distancia entre surcos x longitud de surco; 0.845, constante para obtener el rendimiento de peso seco al 15.5 por ciento de humedad; 1000, coeficiente para obtener el rendimiento en ton ha⁻¹; 10000 m², superficie de una hectárea.

Rendimiento ajustado por covarianza

Cuando el número de plantas cosechadas es variable entre parcelas dentro de experimentos, es necesario realizar un análisis de covarianza, para estimar el efecto de esta variable en la expresión del rendimiento. Una vez comprobado que la covariable mostró efecto significativo mediante la prueba de F, el rendimiento fue ajustado mediante la siguiente fórmula.

$$Y = y_i - b(x_i - \bar{x})$$

Donde: Y= Rendimiento ajustado por regresión; b = Coeficiente de regresión estimado; y_i = Rendimiento sin ajuste del i-ésimo tratamiento; x_i = Número de plantas cosechadas en la parcela en el i-ésimo tratamiento; \bar{x} = Media general de plantas.

Además se calculo la heterosis para tres variables: floración macho, sincronía floral y rendimiento, en base a su mejor progenitor. La formula fue la siguiente:

$$H = (F_1 - MP/MP) * 100$$

Donde: H= heterosis calculada; F_1 = expresión del carácter en estudio; MP= mejor progenitor.

Estadísticas empleadas

En este trabajo se utilizó el índice de selección propuesto por Barreto *et al.* (1991), donde se incluyeron las variables FM, SF, AR, MC, PF, CM, RMP Y REND. Además se calculo un índice de selección con los valores de heterosis para tres variables FM, SF y REND. Se calculo por repetición y su modelo se presenta a continuación.

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

Donde: IS = Índice de selección. $Z_{j...n}$ = valor estandarizado de la variable de interés $M_{j...n}$ = meta de selección $I_{j...n}$ = intensidad de selección

La intensidad de selección es el valor económico que se le asignan a cada una de las variables a ser utilizadas en la selección y toma valores de 1 a 10. Las intensidades variaron de acuerdo a la importancia de las variables en estudio, tal como se puede apreciar en el Cuadro 3.3.

La meta de selección asignada a cada variable se refiere a las unidades de desviación estándar con respecto a la media que se desea lograr en la selección. La meta toma valores de -3 a +3. Para todas las variables excepto rendimiento las unidades de desviación estándar por lo regular toman valores negativos.

Cuadro 3.3. Metas e intensidades para calcular el índice de selección con valores fenotípicos.

Variables	intensidades	Metas					
		Loc1		Loc2		Loc3	
		Rep1	Rep2	Rep1	Rep2	Rep1	Rep2
FM	7	-1.00	-0.89	-1.09	-1.19	-1.13	-1.41
SF	5	-0.90	-1.00	-1.39	-1.31	0.33	0.00
AR	8	-0.20	-0.25	0.00	-0.33	-0.40	-0.38
MC	6	-0.63	-0.80	-0.77	-1.15	-0.50	-0.60
PF	9	-0.50	-0.44	-0.50	-0.44	-1.05	-0.66
CM	7	-1.57	-0.50	-0.71	-0.57	-1.21	-0.80
RMP	10	-1.06	-0.87	-1.07	-0.94	-1.00	-1.09
REND	10	1.16	1.06	1.07	0.94	1.09	1.13

Loc = localidad; rep = repetición; FM = floración macho; SF = sincronía floral; AR = acame de raíz; MC = mala cobertura; PF = plantas con fusarium; CM = calificación de mazorca; RMP = relación mazorca planta y REND = rendimiento.

La heterosis es un factor importante explotado en el mejoramiento de maíz, por esta razón también se incluye un IS con valores de heterosis para tres variables, las intensidades y metas se pueden apreciar en el Cuadro 3.5.

Cuadro 3.4. Metas e intensidades para calcular el índice de selección con valores de heterosis.

Variables	intensidades	Metas					
		Loc1		Loc2		Loc3	
		Rep1	Rep2	Rep1	Rep2	Rep1	Rep2
FM	7	-0.78	-0.96	-0.81	-1.04	-0.83	-1.06
SF	5	-0.78	-0.82	-0.17	-0.72	0.00	-1.98
REND	10	0.64	0.85	0.84	0.70	0.51	1.02

Loc = localidad; rep = repetición; FM = floración macho; SF = sincronía floral; AR = acame de raíz; MC = mala cobertura; PF = plantas con fusarium; CM = calificación de mazorca; RMP = relación mazorca planta y REND = rendimiento.

Análisis general combinado para la variable índice de selección.

Con la finalidad de conocer el comportamiento de las poblaciones y sus cruzas a través de localidades y determinar las diferencias estadísticas entre poblaciones y cruzas, se llevo a cabo un análisis de varianza general bajo el siguiente modelo estadístico.

$$Y_{ijk} = \mu + L_i + R_{j(i)} + C_k + CL_{ik} + \epsilon_{ijk}$$

Donde:

Y_{ijk} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; L_i = efecto de la i -ésima localidad; $R_{j(i)}$ = efecto de la j -ésima repetición dentro de la i -ésima localidad; C_k = efecto de la k -ésimo híbrido; CL_{ik} = efecto de la k -ésimo híbrido en la i -ésima localidad; ϵ_{ijk} = efecto del error.

Análisis dialélico

Con el fin de calcular los efectos de aptitud combinatoria general y específica, se utilizo un análisis combinado, a través de localidades bajo el diseño II y IV de Griffing. La estructura del análisis de varianza y esperanza de cuadrados medios se presenta en el Cuadro 3.6.

El modelo lineal el que se presenta a continuación.

$$Y_{ijkl} = \mu + l_i + \beta_{j(i)} + \hat{g}_k + \hat{g}_l + S_{kl} + l\hat{g}_{ik} + l\hat{g}_{il} + l s_{ikl} + \epsilon_{ijkl}$$

Donde: Y_{ijkl} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; l_i = efecto de la i -ésima localidad; $\beta_{j(i)}$ = efecto del j -ésimo bloque dentro de la i -ésima

localidad; \hat{g}_k = efecto de la aptitud combinatoria general del padre k; \hat{g}_l = efecto de la aptitud combinatoria general del padre l; S_{kl} = efecto de la aptitud combinatoria de los padres k y l; $I\hat{g}_{ik}$ = efecto de la interacción entre la i-ésima localidad y la aptitud combinatoria del padre k; $I\hat{g}_{il}$ = efecto de la interacción entre la i-ésima localidad y la aptitud combinatoria del padre l; $I\hat{s}_{ikl}$ = efecto de la interacción entre la i-ésima localidad y la aptitud combinatoria específica de los padres k y l; ϵ_{ijkl} = error experimental.

Cuadro 3.5. Estructura del análisis de varianza, esperanza de cuadrados medios del método IV modelo I de Griffing.

FV	GL	CM	ECM
Localidades(Loc)	l-1		
Bloques/Loc	B(l-1)		
Cruzas	n-1		
ACG	p-1	M6	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ACE}^2 + r(p-2)\sigma_{ACG}^2 + r/\sigma_{2ACE} + r/(p-2)\sigma_{AC}^2$
ACE	(p(p-3))/2	M5	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ACE}^2 + r/\sigma_{ACE}^2$
Cruzas x loc	(n-1)(l-1)		
ACG x loc	(p-1)(l-1)	M3	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ACE}^2 + r(p-2)\sigma_{ACG}^2$
ACE x loc	(p(p-3)/2)(l-1)	M2	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ACE}^2$
Error	{[p(p-1)/2]-1}(B-1) l	M1	σ_e^2
Total	[rp(p-1)/2]-1		

FV = fuentes de variación; GL = grados de libertad; CM = cuadrados medios y ECM = esperanza de los cuadrados medios.

También se realizó un análisis en base al método II propuesto por Gardner y Eberhart, El modelo lineal aditivo fue el siguiente:

$$Y_{jj} = m_v + \frac{1}{2}(V_j + V_{j'}) + h_{jj}$$

Donde: Y_{jj} = Índice de selección de la variedad j-ésima cruzada con la variedad j-ésima; m_v = Efecto medio de las variedades progenitoras; V_j = Efecto de la j-ésima variedad; h_{jj} = Efecto de la heterosis cuando la j-ésima variedad es cruzada con la j-ésima variedad.

El efecto de heterosis se dividió en;

$$h_{jj'} = h + h_j + h_{j'} + s_{ij}$$

Donde: $h_{jj'}$ = Efecto de la heterosis cuando la j -ésima variedad es cruzada con la j' -ésima variedad; h = Heterosis promedio; h_j = Heterosis de la j -ésima variedad; $h_{j'}$ = Efecto de la j' -ésima variedad; s_{ij} = Heterosis específica debida a el cruzamiento de la j -ésima variedad cruzada con la j' -ésima variedad.

Análisis de regresión en los sitios (SREG)

Una vez generados los valores de índices de selección de cada uno de los componentes, se procedió a realizar un análisis exploratorio de sus comportamiento con la finalidad de conocer los patrones de respuesta de las poblaciones, de los ambientes y de la interacción de los genotipos con los ambientes, además de identificar en que ambiente los genotipos muestran su mejor desarrollo y una clasificación de los ambientes por su aptitud para discriminar los genotipos.

Para ello se realizaron los análisis con el modelo multiplicativo denominado análisis de regresión en los sitios (SREG) que genera el biplot GGE, termino referido a que en la parte multiplicativa del modelo se están analizando conjuntamente los efectos del genotipo y de la interacción genotipo-ambiente. Dicho modelo posibilita la identificación de los mejores genotipos en sus respectivos ambientes (Yan *et al.*, 2001; Crossa *et al.*, 2002).

El modelo fue el siguiente:

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

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 $\hat{\mu}_j = \bar{Y}_{\cdot j}$; λ_k : Es el valor propio del eje k de componentes principales; γ_{ik} : Los vectores propios unitarios genotípicos asociados a λ_k ; α_{jk} : Los vectores propios unitarios ambientales asociados a λ_k ; ε_{ij} : Error del genotipo i en el ambiente j ; p : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo SREG.

Criterios de selección

Para la identificación de las mejores poblaciones y sus cruzas se realizó un ordenamiento de manera ascendente dentro de cada ambiente en base al valor del índice de selección, un valor pequeño y constante a través de localidades permitió hacer selección hacia dichos genotipos.

El utilizar los diseños dialécticos basados en IS sus resultados permitió hacer selección de las poblaciones de acuerdo a sus efectos de ACG y de sus cruzas de acuerdo ACE y heterosis, edemas de explorar la heterosis que se utilizo como criterio de selección.

Otros criterios para la selección de los mejores genotipos a través de ambientes se realizó mediante el grafico biplot empleando el modelo SREG propuesto por Yan *et al.* (2001) infiriendo que los genotipos y ambientes ideales son aquellos que tienen el vector de mayor longitud con relación al primer componente principal y que estén más cercanos al origen del segundo componente principal por su asociación directa con estabilidad.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este capítulo se presentan los resultados obtenidos de los análisis realizados en las 11 poblaciones y sus cruzas posibles, con valores del IS basado en ocho características fenotípicas (FM, SF, AR, MC, PF, CM, RMP y REND). Además se presenta un IS construido con valores de heterosis de tres variables (FM, SF y REND).

Análisis de varianza general para la variable índice de selección

Los cuadrados medios del análisis combinado de los valores de IS están concentrados en el Cuadro 4.1, donde se observa que la fuente de variación localidad (Loc) fue no significativo, se infiere que los ambientes o localidades afectaron de la misma forma a los valores del índice de selección de los genotipos evaluados.

Para la fuente boques o repeticiones dentro de localidades no existió diferencia significativa, esto indica que los índices de selección se comportaron de igual manera en cada repetición, por lo que la expresión fenotípica de los mismos no fue afectada por el efecto del bloqueo, haciendo que el arreglo no fuera eficiente.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para el índice de selección de los valores fenotípicos, a través de tres ambientes Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco. Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo, en el 2006.

Fuente de variación	GI	SC	CM
Localidades (Loc)	2	3.47	1.73
Bloques/Loc	3	37.74	12.58
Genotipos (Gen)	65	2139.47	32.91**
Gen x Loc	130	1058.98	8.14
Error	195	1546.44	7.93
C.V	28.33		
Media	9.93		

** , Significancia al 0.01 de probabilidad; C.V. coeficiente de variación; gl. Grados de libertad; SC. Suma de cuadrados y CM. Cuadrados medios

En la fuente de variación genotipos (Gen) se encontraron diferencias estadísticamente al nivel de $P \leq 0.01$, esto se atribuye a que las poblaciones son de diferente fondo genético, además los valores analizados pertenecen a un IS en el cual se agrupan diferentes características, por lo que es muy difícil que todos los materiales se comporten de igual manera, sus combinaciones originan variabilidad y esto permite la selección de los genotipos con mejor valor en IS, que pueden ser utilizados para derivar líneas e identificar posibles patrones heteróticos con valor comercial

En este estudio no se detecto significancia para la interacción Gen x Loc, de lo cual se deduce que las diferencias relativas entre los valores de IS de los genotipos fue similar entre los ambientes evaluados. Cuando ocurren estos resultados, es posible realizar mejoramiento en una sola localidad, ya que las respuestas de la selección podrían ser expresadas en el resto de las localidades (Fehr, 1991).

Modelo SREG para explorar los patrones de respuesta de los genotipos y de su interacción con los ambientes de evaluación

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 en su poder de discriminación. A pesar que en el análisis de varianza general no se encontró diferencia significativa para Gen x Loc se decidió explorar los patrones de respuesta de los genotipos, con el fin de identificar cuales son los mejores. Sólo se presentará y discutirá la gráfica resultante del modelo.

En el biplot GGE (Figura 4.1), cada genotipo fue representado por su clave, Es importante notar que los números que representan los genotipos van todos hacia el mismo lado respecto al cero del eje "X" y "Y", o si algunos se oponen. Cuando hay genotipos hacia la izquierda y hacia la derecha de ambos ejes, se podrá inferir que los mismos muestran comportamientos diferenciales, los genotipos con mejor índice de selección quedan hacia la izquierda, según lo reportado por Barreto *et al.* (1991) los genotipos superiores o ideales son aquéllos que poseen vectores de valores bajos.

Los ambientes fueron presentados como vectores que se originan en la coordenada (0,0) del biplot que se orientan hacia la izquierda, constituyendo ambientes favorables para los genotipos que se posicionan en la misma dirección. Yan *et al.* (2000) describen que se debe formar un polígono al unir los puntos de los vectores de los grupos germoplásmicos más alejados del origen, posteriormente se traza una línea perpendicular por cada lado del polígono con relación al origen, ocasionando que los ambientes y grupos sean separados en subgrupos, donde el grupo germoplásmico que está en el vértice de cada sector es el que tiene mejor desempeño en los ambientes incluidos.

En la Figura 4.1 se observa que en un sector formado en el polígono quedan incluidos dos de los tres ambientes (A2; Tlahuelilpan, Hidalgo y A3; Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco) y dentro de ese sector se observa el tratamiento 18, que correspondiente a la cruza 1x8 (P130G40F2xP1PUMAF2), lo que indica que es la cruza que mejor desempeño tiene en esos ambientes, en el otro sector queda el ambiente 1 (A1; Celaya, Guanajuato), y dentro de este sector se encuentra el tratamiento 13, que corresponde a la cruza 1x3 (P130G40xP130G88), de lo que se infiere que este es el que muestra el mejor índice para esa localidad.

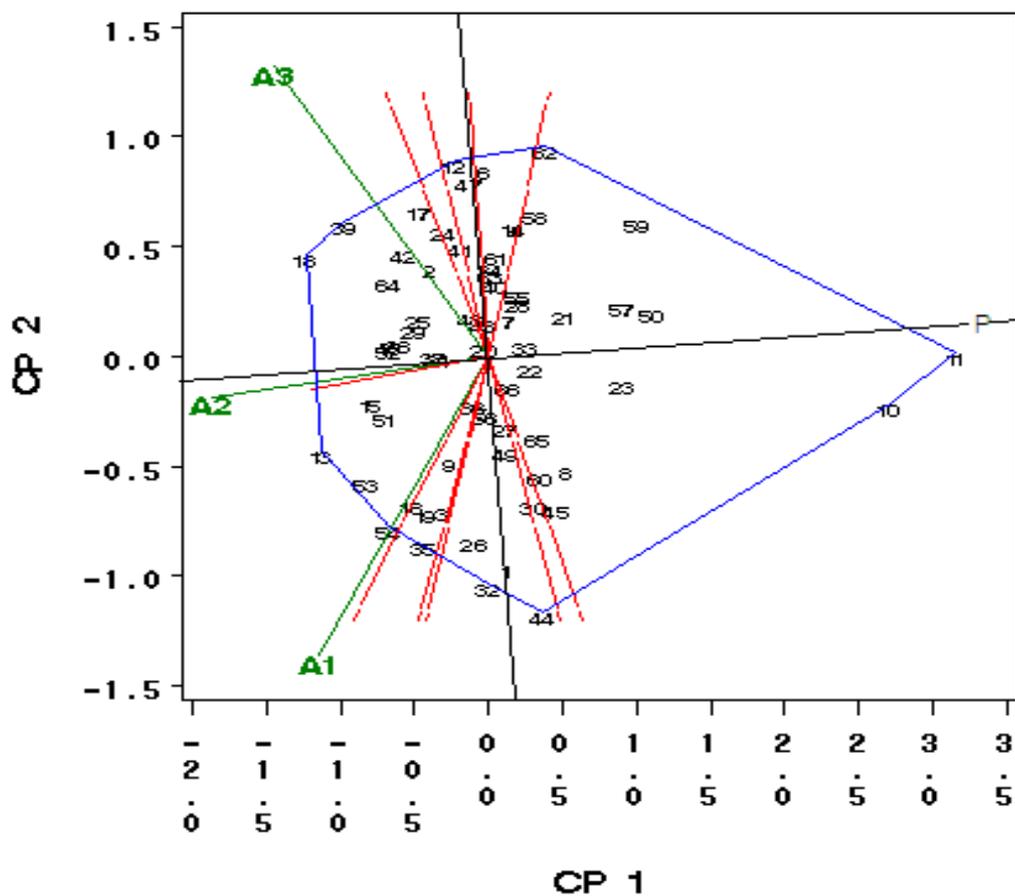


Figura 4.1. Biplot GGE de los datos del dialélico entre 11 poblaciones, basado en los valores fenotípicos de IS. CP1 y CP2 = componente principal 1 y 2 respectivamente. A1 = Celaya, Guanajuato; A2 = Tlahuelilpan, Hidalgo; A3 = Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco.

En lo que ambientes se refiere, se puede mencionar que aquellos que exhiben entre ellos un ángulo menor a los 90° tienen la cualidad de clasificar de una manera semejante a los genotipos, caso que se presentó en los ambientes 2 y 3, por lo que en un momento determinado se puede eliminar uno de los ambientes sin perder precisión en los resultados. Los que forman un ángulo cercano a 90° no guardan relación en la forma de ordenar los genotipos (ambiente 1 y 3).

El ambiente ideal debe ser considerado desde dos puntos de vista, el primero sería aquel que muestre mayor poder discriminador y el segundo sería el que sea más representativo de todos los ambientes involucrados; Yan (2002) sugiere que el mejor ambiente es el que posee el vector más largo (mayor poder discriminativo) y con cero proyección sobre la ordenada (representatividad de los ambientes)

En este estudio y de acuerdo a la Figura 4.1 se puede observar que las localidades presentan la misma longitud en los vectores, lo que se considera que ambas discriminan de igual manera. Por otro lado, se puede considerar como la más representativa del mega-ambiente a la localidad 2 (Tlahuelilpan, Hidalgo).

Análisis dialéctico de los IS por el método IV de Griffing.

Al realizar el análisis de varianza combinado general se encontró diferencia significativa para la fuente de variación genotipos, como se muestra en el Cuadro 4.1, por esta razón se procedió a desglosar la suma de cuadrados en sus componentes de ACG y ACE para determinar cuál de estos efectos contribuyó más en la variabilidad encontrada.

Los valores al mérito de los IS de cada genotipo fueron analizados como un dialélico bajo el método IV de Griffing (1956) modelo 1, los resultados se muestran en el Cuadro 4.2, detectando diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para la fuente de variación genotipos.

Cuadro 4.2. Cuadrados medios y parámetros genéticos (ACG y ACE) del análisis dialélico con valores fenotípicos del índice de selección con el método IV de Griffing (1956) modelo I, a través de tres ambientes Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco. Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo, en el 2006.

FV	GL	SC	CM
Localidades (Loc)	2	11.57	5.78
Bloques/Loc	3	44.55	14.85
Genotipos	54	969.00	17.94**
ACG	10	279.82	27.98**
ACE	44	689.17	15.66**
Genotipos x Loc	108	811.76	7.51
ACG*loc	20	153.61	7.68
ACE*loc	88	658.14	7.47
Error	162		7.26
CV	28.037		
Media	9.6104		

Significancia ** = $P \leq 0.01$; FV. Fuente de variación: C.V. coeficiente de variación; gl. Grados de libertad; SC. Suma de cuadrados y CM. Cuadrados medios

La aptitud combinatoria general aportó 28.87%, mientras que la aptitud combinatoria específica 71.12% en relación al total de la suma de cuadrados. Esto indica que la relación ACG y ACE, la que aportó mayor proporción fue ACE, esto se debe al fondo genético que tienen las poblaciones en estudio, esta diferencia permitió identificar cruza potenciales para formar patrones heteróticos, para su explotación, los métodos de mejoramiento por hibridación o SRR deben ser los más eficientes.

Para la interacción Genotipos x localidad no se detectaron diferencias significativas en ninguno de los casos, lo que indica que el ordenamiento relativo de los tratamientos no cambió con el ambiente, es decir, el ambiente no modifica el orden de los tratamientos.

Las diferencias encontradas para la fuente genotipos en el Cuadro 4.2 permitieron detectar como las mejores cruzas: 1x8 y 1x3, que corresponden a los tratamientos 18 y 13, respectivamente, por sus excelentes índices de selección, tal como puede apreciarse en el Cuadro 4.3 y éste resultado concuerda con lo detectado en el análisis general del Cuadro 4.1

Cuadro 4.3. Concentración de efectos y valores, la ACG se presentan en la diagonal, en la parte superior de la misma los valores ACE con sus respectiva significancia. En la parte inferior se presentan los valores de los IS.

Pob	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	-1.19**	0.37	-1.61	1.90	-0.41	0.54	-0.79	-2.35**	-0.009	0.17	2.19
2	9.22	0.44	1.55	2.28	-0.70	-0.84	-1.71	0.65	0.73	-2.64**	0.31
3	6.29	11.09	-0.51	-0.55	1.20	2.57	0.32	-0.54	0.20	-1.37	-1.78
4	10.69	12.71	8.92	0.37	-2.50**	1.01	-1.09	-1.51	-0.16	-0.08	0.72
5	7.41	8.76	9.72	6.89	-0.58	-0.47	-0.25	0.54	1.16	3.51	-2.07*
6	8.18	8.43	10.89	10.22	7.76	-0.77	-1.93*	-1.53	-1.23	1.34	0.55
7	8.44	9.16	10.25	9.72	9.59	7.72	0.82	2.85	0.48	1.96	0.15
8	5.85	10.51	8.34	8.27	9.37	7.09	13.09	-0.20	0.96	0.85	0.06
9	8.34	10.73	9.24	9.76	10.12	7.53	10.86	10.31	-0.06	-2.87**	0.72
10	9.57	8.39	8.71	10.89	13.53	11.17	13.39	11.25	7.66	0.99	-1.07
11	11.30	11.06	8.01	11.40	7.64	10.08	11.29	10.17	10.96	10.42	0.69

*, ** estadísticamente diferente de cero con $P \leq 0.05$ y $P \leq 0.01$

Los resultados de este cuadro también indican que los efectos de ACG y ACE fueron estadísticamente diferentes de cero ($P \leq 0.01$). Identificando a la población 1 (P130G40F2) como superior al resto, es decir, es el progenitor con mejores efectos de ACG, lo que se puede ratificar al detectarlo como progenitor de cruzas de comportamiento estadístico superior

En cuanto a la diferencia encontrada para ACE, muestra la existencia de cruzamientos específicos de un alto valor sobredominante de algunas poblaciones que pudieran ser utilizados para la formación de híbridos.

Los cruza que presentaron diferencias estadísticas favorables fueron: 1x8, 2x10, 4x5 y 9x10 que corresponden a los tratamientos 18, 29, 39 y 64, encontrando que las tres primeras poblaciones pertenecen a diferentes empresas, con estos resultados se infiere que pertenecen a diferentes patrones heteróticos.

Análisis dialélico método II Gardner y Eberhart

Como en el análisis anterior, no se puede apreciar los valores de heterosis, se realizó una exploración hacia los valores que toma este parámetro, como lo propone el método II de Gardner y Eberhart. En el Cuadro 4.4 se presenta el análisis de varianza de los efectos genéticos que influyen en la expresión del material utilizado.

Se observaron diferencias significativas para las fuentes de variación cruza y poblaciones, variedades, heterosis, heterosis varietal y heterosis específica, por lo que se puede decir que todos ellos influyen en los valores del índice de selección.

El factor cruza y poblaciones fue estadísticamente diferente ($P \leq 0.01$), esto se atribuye a la gran amplitud de variación de los valores del índice que existe entre las poblaciones y las cruza estudiadas, que oscilo entre 5.854 a 11.098. Además, al descomponer este factor de variación entre variedades y heterosis, ambas presentaron diferencias estadísticamente a nivel de $P \leq 0.01$.

Esta significancia permite identificar para la fuente de variedades a las poblaciones 2, 3 y 9 como la de mejores efectos, no concordando con lo obtenido por el método IV de Griffing, quien detectó a la población uno como la de mejores efectos, lo que las ubica como las fuentes de mejores atributos para la derivación de líneas superiores.

Bajo el supuesto de que el factor variedades representa la porción genética aditiva y el factor heterosis la no aditiva, se puede interpretar que tanto en las variedades como la heterosis estudiada existieron considerables efectos aditivos y no aditivos que pueden ser explotados tanto por un esquema de selección recurrente, recíproca recurrente y de hibridación, para capitalizar ambos efectos en las poblaciones como lo sugiere Comstock *et al.* (1949).

Este supuesto ayuda a entender la diferencia encontrada entre los resultados obtenidos por el método IV de Griffing.

Con relación a la contribución que aporta cada uno de estos efectos, la de heterosis es mayor (64.31%) a la de variedades (35.68%) en relación a la suma de cuadrados, pudiendo atribuirse esto al fondo genético de las poblaciones que antes de ser sometidos a generaciones de recombinación originalmente fueron híbridos por lo que llevan una importante dosis de varianza no aditiva.

Respecto a la descomposición del factor de variación heterosis en sus diferentes tipos, se observó que para heterosis promedio no se encontró diferencias estadísticas, mientras que para la heterosis varietal y heterosis específica se encontraron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$). Lo cual permitió identificar las poblaciones 10 y 11, infiriéndose que en estas poblaciones su germoplasma es muy diverso

Mientras que en la heterosis específica se identificaron las cruces: 1x8, 2x10, 4x5 y 9x10, esta respuesta permite formar patrones heteróticos.

Cuadro 4.4. Cuadrados medios del análisis dialélico basado en índices de selección con el modelo II de Gardner y Eberhart a través de tres ambientes: Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco. Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo, en el 2006.

FV	GL	SC	CM
Localidades (Loc)	2	3.47	3.47
Bloques/Loc	3	37.74	37.74
Cruzas y poblaciones	65	2139.47	2139.47**
Variedades	10	763.55	76.35**
Hetérosis	55	1375.92	25.01**
Heterosis promedio	1	213.60	213.60
Heterosis varietal	10	473.14	47.31**
Heterosis específica	44	689.17	15.66**
Loc* Cruzas y pob.	130	1058.98	1058.98
Variedades*Loc	20	145.75	7.28
Heterosis*Loc	110	913.22	8.30
Heterosis promedio*Loc	2	42.06	21.03
Heterosis varietal*Loc	20	213.00	10.65
Heterosis específica*Loc	88	658.14	7.47
Error	195		7.93

** = $P \leq 0.01$, FV = fuentes de variación; GL = Grados de libertad; SC = Suma de cuadrados; CM = cuadrados medios.

Para la interacción localidad x cruzas y pob. no se detecta diferencia significativa en ninguno de los casos, lo que indica que el ordenamiento relativo de los tratamientos no cambio con el ambiente.

Por sus excelentes IS permitieron diferenciar a las poblaciones 2, 3 y 9. Así como las cruzas 1x8, 1x3, 4x5, 6x8 y 1x5, tal como se puede apreciar en el Cuadro 4.6 y 4.5 respectivamente.

Cuadro 4.5. Concentración de efectos y valores. La heterosis varietal se presenta en la diagonal, en la parte superior de la misma los valores de heterosis específica con sus respectiva significancia. En la otra parte se presentan los valores de la media general de los IS

Pob	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	-0.46	0.37	-1.61	1.90	-0.41	0.54	-0.79	-2.35**	-0.009	0.17	2.19
2	9.22	1.82	1.55	2,28	-0.70	-0.84	-1.71	0.65	0.73	-2.64**	0.31
3	6.29	11.09	0.81	-0.55	1.20	2.57	0.32	-0.54	0.20	-1.37	-1.78
4	10.69	12.71	8.92	0.80	-2.50**	1.01	-1.09	-1.51	-0.16	-0.08	0.72
5	7.41	8.76	9.72	6.89	0.37	-0.47	-0.25	0.54	1.16	3.51	-2.07*
6	8.18	8.43	10.89	10.22	7.76	0.20	-1.93	-1.53	-1.23	1.34	0.55
7	8.44	9.16	10.25	9.72	9.59	7.72	1.39	2.85	0.48	1.96	0.15
8	5.85	10.51	8.34	8.27	9.37	7.09	13.09	0.002	0.96	0.85	0.06
9	8.34	10.73	9.24	9.76	10.12	7.53	10.86	10.31	1.25	-2.87**	0.72
10	9.57	8.39	8.71	10.89	13.53	11.17	13.39	11.25	7.66	-2.52**	-1.07
11	11.30	11.06	8.01	11.40	7.64	10.08	11.29	10.17	10.96	10.42	8.74**

*, ** estadísticamente diferente de cero con $P \leq 0.05$ y $P \leq 0.01$

Cuadro 4.6. Valores de media general para IS de los 11 progenitores

Pog	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
	10.12	8.82	8.93	10.72	9.66	9.61	10.44	11.17	8.94	18.62	20.32

Análisis dialélico método II de Griffing.

En el análisis método IV de Griffing no se incluyeron los progenitores de forma directa. Por esta razón, se decidió realizar este análisis y comparar si existe diferencia en los resultados obtenidos.

En el Cuadro 4.7 se presenta el análisis de varianza de los efectos genéticos que influyen en la expresión del material utilizado en un análisis dialélico bajo el método II de Griffing.

En virtud de que el análisis de varianza muestra diferencia estadística ($P \leq 0.01$) para la fuente de variación genotipos se procedió a efectuar un desglosamiento de la suma de cuadrados en sus componentes de ACG y ACE, tal como se muestra en el Cuadro 4.7, con el fin de conocer cuál de estos efectos contribuyen más en la expresión.

Los resultados indican que los efectos de ACG y ACE presentaron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$). Estas diferencias encontrada, era de esperarse dada a la diversidad de origen de las poblaciones incluidas en este trabajo, ya que se partió de híbridos comerciales de diferentes empresas.

Cuadro 4.7. Cuadrados medios y parámetros genéticos (ACG y ACE) del análisis dialélico con valores del índice de selección con el método II de Griffing (1956) modelo I, a través de tres ambientes: Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco. Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo, en el 2006.

FV	GL	SC	CM
Localidades (Loc)	2	3.47	1.73
Bloques/Loc	3	37.74	12.58
Genotipos	65	2139.47	32.91**
ACG	10	763.55	76.35**
ACE	55	1375.92	25.01**
Genotipos x Loc	130	1058.98	8.14
ACG*Loc	20	145.75	7.28
ACE*Loc	110	913.22	8.30
Error	195		7.93
CV	28.334		
Media	9.938		

** = $P \leq 0.01$, FV = fuentes de variación; GL = Grados de libertad; CM = cuadrados medios; SC = Suma de cuadrados; CV: coeficiente de variación.

La aptitud combinatoria general aportó 35.68%, mientras que la aptitud combinatoria específica aportó 64.31%. Con estos resultados se puede inferir que la fuente ACE aportó más en relación a la suma de cuadrados, este comportamiento se atribuye a una baja acumulación aditiva de genes en los cruzamientos, con predominio de las cruzas con expresión de sobredominancia, donde se refleja la existencia de interacción de genes (ACE).

Rivera (1977) encontró que a medida que la diversidad genética de los progenitores se incrementa aumenta también la diferencia para los valores de aptitud combinatoria, ya sea para ACG o para ACE, o bien para los dos tipos de acción génica. Por su parte, Puertas (1992) considera que la expresión heterótica de un cruzamiento depende de la conjunción de los *loci* genómicos de los padres, equivale al valor promedio de ACE de la progenie.

Las diferencias encontradas en el Cuadro 4.7 permitieron identificar a la población 1 ya que presentan un comportamiento superior de ACG, así como las cruzas 1x8, 2x10, 9x10, 3x11, 5x11 y 10x11.

Para la interacción genotipos x localidad no se encontró diferencia significativa en ninguno de los casos, lo que indica que el ordenamiento relativo de los tratamientos no cambió con el ambiente.

Al trabajar con características fenotípicas se logró identificar el comportamiento de nuestras poblaciones y con el fin de identificar grupos y patrones heteróticos se realizó un análisis con valores de heterosis englobados en un IS. Sprague (1984) menciona que el elemento más importante para un programa de mejoramiento es la identificación y reconocimiento del patrón heterótico. Esta identificación simplifica e incrementa la eficiencia de todas las operaciones subsiguientes.

Análisis dialélico método IV de Griffing donde la variable de respuesta son los IS estimados con valores de heterosis a partir de FM, SF y RTO.

En el análisis combinado se detectaron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para localidades, esto indica que los valores de índice de selección es afectado por el ambiente; por ello, en un programa de mejoramiento de plantas es común establecer el mismo experimento en diferentes ambientes, para así estimar con mayor precisión el valor de los componentes genéticos y separar el efecto del genotipo x ambiente, como lo expresa Márquez (1992).

Para la fuente boques o repeticiones dentro de localidades se encontraron diferencia estadísticas ($P \leq 0.01$), esto indica que los genotipos se comportaron de diferente manera en cada repetición.

El análisis de varianza presentó diferencia altamente significativa ($P \leq 0.01$) para la fuente de variación genotipos, por esta razón se procedió a efectuar un desglosamiento de la suma de cuadrados en sus componentes de ACG y ACE, tal como se muestra en el Cuadro 4.8, con el fin de conocer cuál de estos efectos contribuyen más en la expresión.

En los resultados obtenidos se observaron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para ACG, más no para ACE (Cuadro 4.8). Este comportamiento se atribuye a una baja acumulación no aditiva de genes para heterosis. La alta significancia de ACG indica que los progenitores tienen la cualidad de transmitir algunas de sus características a sus descendientes. Identificando como los mejores progenitores a la población 10 y 11.

Cuadro 4.8. Cuadrados medios y parámetros genéticos (ACG y ACE) del análisis dialélico con valores de heterosis integrados en un índice de selección con el método IV de Griffing (1956) modelo I, a través de tres ambientes: Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco. Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo, en el 2006.

FV	GL	SC	CM
Localidades (Loc)	2	123.57	61.78**
Bloques/Loc	3	59.910	19.97**
Genotipos	54	559.87	10.36**
ACG	10	362.67	36.26**
ACE	44	197.20	4.48
Genotipos x Loc	108	647.11	5.99
ACG*Loc	20	219.19	10.95**
ACE*loc	88	427.92	4.86
Error	162	763.24	4.71
Media	5.854		
Coefficiente de variación	37.074		

** = $P \leq 0.01$, FV = fuentes de variación; GL = Grados de libertad; CM = cuadrados medios; SC = Suma de cuadrados.

En la fuente de variación ACG*loc presento diferencia significativa ($P \leq 0.01$), estos resultados indican que la ACG es influenciada por el ambiente. Sin embargo durante el proceso de selección es importante considerar no solo los efectos lineales del genotipo y el ambiente sino también la interacción genotipo x ambiente ya que a través de ella se detecta la eficacia de la selección en función de la adaptación genotípica a través de ambientes, lo cual evita la necesidad de desarrollar programas de mejoramiento específico para cada ambiente en particular (Wong *et al.*, 2006).

Modelo SREG para explorar los patrones de respuesta de los genotipos y de su interacción con los ambientes de evaluación.

Para analizar la respuesta de adaptación de los genotipos a los ambientes de evaluación se empleó la grafica GGE (Figura 4.2), en la que se forma un polígono al unir los puntos de los vectores de las combinaciones germoplásmicas de mayor longitud de cada cuadrante, estos son el 66, 29, 22, 25, 46 y 60. Estos genotipos son los que más aportan a la interacción, es decir, los de más alto y bajo IS. Las líneas perpendiculares a cada uno de los lados del polígono y que pasan por el origen del biplot dividieron el polígono en seis sectores, donde el IS en el vértice de cada sector es el que tiene mejor desempeño en el ambiente o ambientes incluidos en ese sector.

En la Figura 4.2 se observa que en un sector formado en el polígono quedo incluido el ambiente 1 asociado con el tratamiento 60; es decir, en la localidad de Celaya, Guanajuato la combinación de mejor desempeño es P1DK2020F2 x P1BD33F2.

En otro sector quedaron incluidos los ambientes 2 y 3 (Tlahuelilpan, Hidalgo y Tlajomulco, Jalisco), ambos ubicados en el mismo sector donde el tratamiento 66 (P1LEOPARDOF2 x P1BD33F2) se encuentra más retirado en relación al origen, de los que se infiere que este es el mejor índice de selección en ambas localidades.

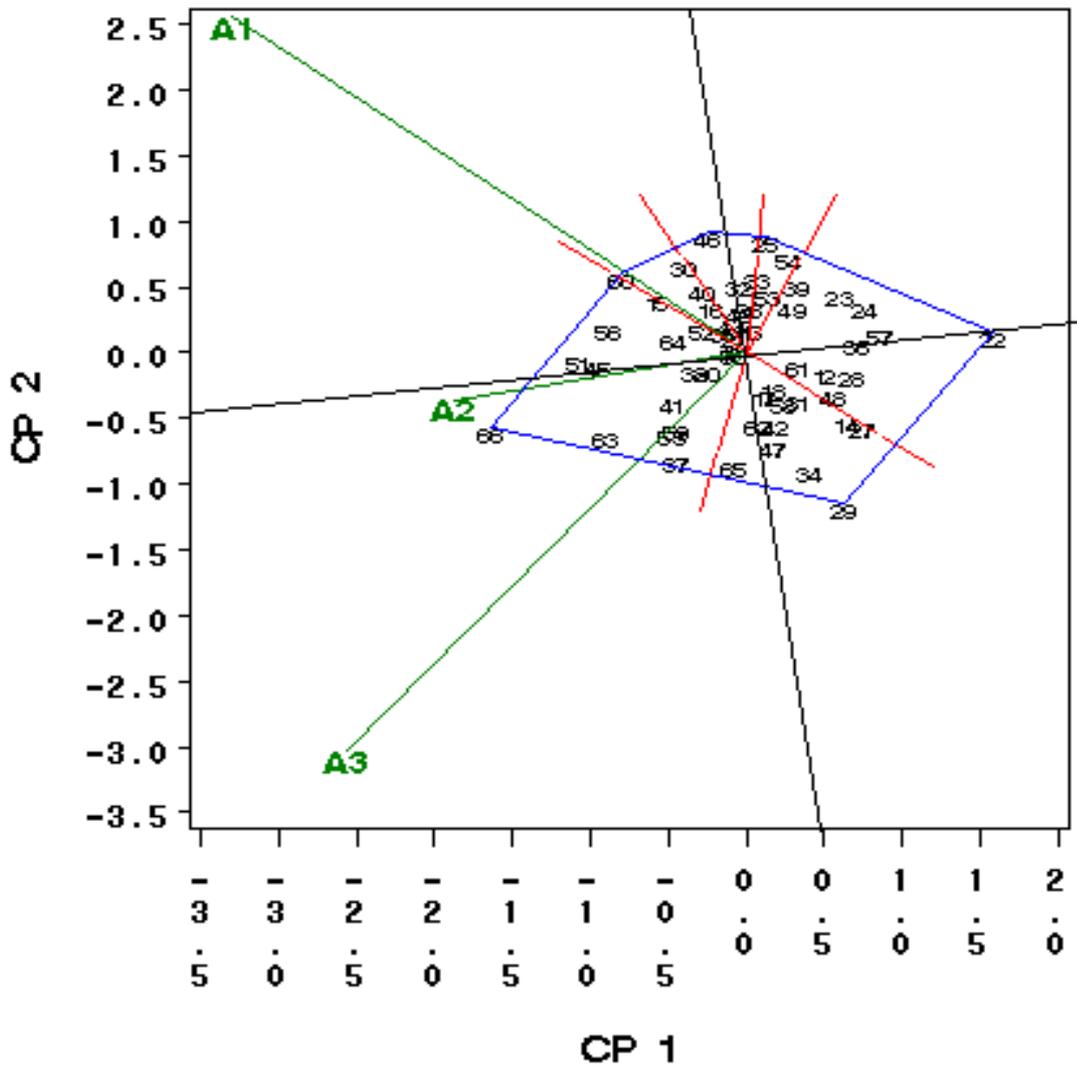


Figura 4.2. Biplot GGE de los datos del dialélico entre 11 poblaciones, basado en los valores de heterosis de IS. CP1 y CP2 = componente principal 1 y 2 respectivamente. A1 = Celaya, Guanajuato; A2 = Tlahuelilpan, Hidalgo; A3 = Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco.

En lo que ambientes se refiere el 2 y 3 tienen la cualidad de clasificar de una manera semejante a los genotipos, por lo que en un momento determinado se puede eliminar uno de los ambientes sin perder precisión en los resultados. Los que no guardan relación en la forma de ordenar a los genotipos son (ambiente 1 y 3),

De acuerdo con lo mencionado por Yan *et al.* (2000, 2001) el ambiente que mejor discrimina a los genotipos en evaluación fueron el A1 y A3 (Celaya, Guanajuato. Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco) respectivamente, por tener el vector de mayor longitud, mientras que el que mejor representa el comportamiento promedio de los ambientes es el A2 (Tlahuelilpan, Hidalgo).

V. CONCLUSIÓN

Considerando los valores del IS basado en ocho características fenotípicas se logro identificar a las poblaciones 2, 3 y 9 y a las cruzas 1x8, 1x3, 4x5, 6x8 y 1x5 por sus excelente índice de selección. Con relación a efectos de ACG la mejor población fue la 1 y en ACE las estadísticamente diferentes de cero fueron las cruzas 1x8, 2x10, 4x5 y 9x10.

Con el análisis método II de Gardner y Eberhart, en la fuente de variación heterosis específica se identifico las mismas cruzas con efectos estadísticamente superior al resto y de acuerdo a los resultados obtenidos por el método IV de Griffing la cruz 1x8 fue la mejor, con esto se infiere que es el mejor patrón heterótico.

La metodología SREG por medio de la grafica resultante con los valores del IS basados en características fenotípicas, permitió la identificación de los genotipos superiores con adaptación específica que corresponde para el ambiente 2 y 3, la cruz 1x8 y para el ambiente 1 la cruz 1x3. Mientras que con los valores de heterosis englobados en un IS se logro apreciar a la cruz 7x11 ya que presento la mejor adaptación específica para el ambiente 1 y para el ambiente 2 y 3 la cruz 10x11 fue la mejor.

VI. RESUMEN

Índices de selección para la clasificación de once poblaciones de maíz y sus cruzas posibles. Con la finalidad de valorar el comportamiento de 11 poblaciones y sus cruzas posibles en su primera generación segregante (F_2), se realizó un cruzamiento dialélico. Con los siguientes objetivos: a) determinar los efectos de aptitud combinatoria y heterosis, b) identificar combinaciones superiores por medio de IS, c) determinar la estabilidad de los genotipos evaluados auxiliados por el modelo SREG. Se analizaron siguiendo las estrategias propuestas por Griffing (II y IV), así como el II de Gardner y Eberhart. Los ambientes de evaluación fueron las localidades Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco, Celaya, Guanajuato y en Tlahuelilpan, Hidalgo. Con dos repeticiones por localidad. El diseño de siembra fue bloques incompletos al azar con arreglo alfa-látice. Considerando los valores del IS basado en ocho características fenotípicas se logró identificar a las poblaciones 2, 3 y 9 y a las cruzas 1x8, 1x3, 4x5, 6x8 y 1x5 por sus excelente índice de selección. Con relación a efectos de ACG la mejor población fue la 1 y en ACE las estadísticamente diferentes de cero fueron las cruzas 1x8, 2x10, 4x5 y 9x10. Con el análisis dialélico método II de Gardner y Eberhart, en la fuente de variación heterosis específica se identificó las mismas cruzas con efectos estadísticamente superior al resto y de acuerdo a los resultados obtenidos por el método IV de Griffing la cruz 1x8 fue la mejor, con esto se infiere que es el mejor patrón heterótico. La metodología SREG por medio de la grafica resultante con los valores del IS basados en características fenotípicas, permitió la identificación de los genotipos superiores con adaptación específica que corresponde para el ambiente 2 y 3, la cruz 1x8 y para el ambiente 1 la cruz 1x3. Mientras que con los valores de heterosis englobados en un IS se logró apreciar a la cruz 7x11 ya que presentó la mejor adaptación específica para el ambiente 1 y para el ambiente 2 y 3 la cruz 10x11 fue la mejor.

VII. LITERATURA CITADA

- Alejos G., P. Monasterio y R. Rea. 2006. Análisis de la interacción genotipo ambiente para rendimiento de maíz en la región maicera del estado Yaracuy, Venezuela. *Agronomía Trop.* 56(3). 369 y 380.
- Aguilera R. R. 1990. Índice de selección y coeficientes del sendero en cártamo (*Carthamus tinctorius* L.). Tesis de doctorado en ciencias en Fitomejoramiento, UAAAN. 117p.
- Barreto H. J., J. A. Bolaños y H. S. Córdova. 1991. Índice de selección: guía para la operación del software. Manual de Capacitación Regional. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Apdo. Postal, Guatemala.
- Cerón R. J. J. y J. Sahagún. (2005). Un índice de selección basado en componentes principales. *Agrociencia.* 39(6):667-677.
- Cubero J. I. 2003. Introducción a la Mejora Genética y Vegetal. 2da ed. Mundi-prensa México, S. A. de C. V. 175p.
- Castañón N. G., H. Hidalgo C. y D. Jeffers. 2003. Heterosis en siete líneas de maíz para tolerancia al achaparramiento y rendimiento de grano. *Bioagro.* 15(1):65-73.
- Córdova H., S. Castellanos., H. Barreto y J. Bolaños. (2002). Veinticinco años de mejoramiento en los sistemas de maíz en Centroamérica: logros y estrategias hacia el año 2000. *Agronomía Mesoamericana.* 13(1):73-84.

- Castañón G., D. Jeffers y H. Hidalgo. 2000. Aptitud combinatoria de líneas de maíz tropical con diferente capacidad para tolerar el achaparramiento. *Agronomía Mesoamericana*. 11(1)77-81.
- Castañón G., R. Zetina., R. Arano y B. Raygoza. 2000. El AMMI y Clúster en la selección de los mejores híbridos experimentales de maíz. *Agronomía Mesoamericana*. 11(1)71-76.
- De León C. H., J. Espinoza G., D. Sámano G. y A. De la Rosa L. 2007. Estabilidad en ACG y valores de $\langle F \rangle$ como criterios adicionales de selección para líneas y probadores en maíz. Resúmenes. LIII Reunión Anual PCCMCA Cambios globales tendencias, efectos y perspectivas para la agricultura de Mesoamérica y El Caribe hacia el 2020. Guatemala (Guatemala). p 73.
- De la Cruz L. E., S. A. Rodríguez E., A. Palomo G., A. López B., V. Robledo T., A. Gómez V. y R. Osorio O. 2007. Aptitud combinatoria de líneas de maíz de alta calidad de proteína para características forrajeras. *Universidad y ciencia*. Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, Villahermosa, México. 23(1):57-67.
- De León C. H., F. Rincón S., M. H. Reyes V., D. Sámano G., G. Martínez Z., R. Cavazos C. y J. de D. Figueroa C. 2005. Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 28(2):135-143.
- Elizondo B. J. 2000. Aptitud combinatoria de 13 genotipos de soya en siembra de invernadero en el sur de Tamaulipas. *In: Memoria de XVIII Congreso Nacional de Fitogenética*. Zavala G. F., Ortega P. R., Contreras J. A., Benítez R. I y Guillen A. eds. Irapuato, Guanajuato. Pp. 84.
- Gordón M. R., J. Francisco y A. González. 2007. Uso del análisis biplot-gge-reg para la interpretación de ensayos de agronomía en el cultivo de maíz. Resúmenes. LIII Reunión Anual PCCMCA Cambios globales

tendencias, efectos y perspectivas para la agricultura de Mesoamérica y El Caribe hacia el 2020. Guatemala (Guatemala). p 95

Gutiérrez Del R. E., A. Palomo G., A. Espinoza B. y E. De la Cruz L. 2002. Aptitud combinatoria y heterosis para rendimiento de líneas de maíz en la comarca Lagunera, México. Revista Fitotecnia Mexicana. 23(1):57-67.

Hernández M. H., A. A. García., F. Alvares y M. Ulloa. 2001. Enfoque contemporáneos para el estudio de la biodiversidad. Ediciones científicas universitarias. 1^{era} ed. Instituto de biología, UNAM, México, D.F. 88p.

Ibáñez T. M., M. M. Cavanagh., N. C. Bonamico y M. A. Di Renzo. 2006. Análisis gráfico mediante biplot del comportamiento de híbridos de maíz. Revista de Investigaciones Agropecuarias. 35(03):83-93.

Jara N. L. F. 1995. Mejoramiento Forestal y Conservación de Recursos Genéticos Forestales. Tomo I. Ed. Turrialba. 83-84p.

Latournerie L., S. Rodríguez., H. De León y E. Padrón. 1996. Heterosis y aptitud combinatoria, para rendimiento y calidad forrajera, en poblaciones de maíz. Agronomía Mesoamericana. 7(2):93:97.

Morata M. M., D. A. Presello y M. P. González. 2006. Aptitud combinatoria para rendimiento entre líneas de maíz derivadas de nuevas fuentes de resistencia al Mal de Río Cuarto. Rev. Fac. Agron. 106 (1):69-83.

Montenegro T. H., F. Rincón S., N. A. Ruiz T., H. De León C. y G. Castañon N. 2002. Potencial genético y aptitud combinatoria de germoplasma de maíz tropical. Revista Fitotecnia Mexicana. 25(2):135-142.

- Mendoza E. M., A. Oyervides y S. A. Rodríguez. 2000. Efecto de dos probadores en la selección de líneas de maíz tropical. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 23(1):79-86.
- Reyes L. D., J. D. Molina., J. A. Mejía., J. J. López., M. Huerta y A. Pérez (2007). Efectos de aptitud combinatoria general y específica en relación con el número de ambientes de evaluación. *Agronomía Trop.* 57(4):257-269.
- Reyes L. D., J. D. Molina G., M. A. Oropeza R. y E. Del C. Moreno P. 2004. Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz derivadas de la raza Tuxpeño. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 27(1):49-56.
- Sierra R. R. S., Fuentes López, M.R., Dardón Avila, D.E., Franco Rivera, J.A y Rosales Longo, F. 2007. Uso del análisis biplot-gge-sreg para la interpretación de ensayos de agronomía en el cultivo de maíz. Resúmenes. LIII Reunión Anual PCCMCA Cambios globales tendencias, efectos y perspectivas para la agricultura de Mesoamérica y El Caribe hacia el 2020. Guatemala (Guatemala). p 95
- Sierra M. M., F. Márquez, S., R. Valdivia B., H. Córdoba O., R. Lezama G. y A. Pescador R. 2004. Uso de probadores en la selección de líneas para formar híbridos de maíz (*Zea mays L.*). *Agricultura técnica en México (INIFAP)*. 30(2):169-181.
- Sahagún C. J. 2001. Varianza genética en sintéticos de progenitores endogámicos no emparentados. *Agrociencia*. 35(3):363-375.
- Sierra M., F. Marquez., R. Valdivia., O. Cano y A. F. Rodríguez. 2000. Aptitud combinatoria general y específica de líneas tropicales de maíz usando probadores. *Agronomía Mesoamericana*. 11(1):103-112.

- Teruel, M.E., C.A. Biasutti., M.C. Nazar y D.A. Peiretti. 2008. Efectos de aptitud combinatoria para vigor de plántula bajo estrés hídrico en maíz. *Agriscientia*. 25(1):27-34.
- Terrón A., E. Preciado., H. Córdova., H. Mickelson y R. López. (1997). Determinación del patrón heterotico de 30 líneas de maíz derivadas de la población 43sr del CIMMYT. *Agronomía Mesoamericana*. 8(1):26-34.
- Vergara A. N., S. Rodríguez H., H. De León C., S. McLean y S. Kumar V. 2001. Aptitud combinatoria de líneas de maíz tropical con diferente tipo de mazorca. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 24(2):203-212.
- Vallejo C. F. y E. I. Estrada S. 2002. Mejoramiento genético de plantas. Universidad nacional de Colombia Sede Palmira. Impreso en los talleres gráficos de Impresora Feriva S.A. pp.151 y 192
- Vallejo C. F. A., M. Espitia C., O. Checa C., T. C. Lagos B., F. Salazar V. y E. Restrepo S. 2005. Análisis estadístico para los diseños genéticos en fitomejoramiento. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. Impreso en los talleres gráficos de Impresora Feriva S.A. pp.187, 188 y 192.
- Wong R. R., E. Gutierrez. E., A. Palomo G., S. Rodríguez H., H. Córdova O., A. Espinoza B. y J. J. Lozano G. 2007. Aptitud combinatoria de componentes del rendimiento en líneas de maíz para grano en la Comarca Lagunera, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 30(2):181-189.

|