

ESTUDIO Y CLASIFICACIÓN DE GRUPOS GERMOPLÁSMICOS PARA
LA CONSTITUCIÓN DE PATRONES HETERÓTICOS EN MAÍZ

HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO

TESIS

*Presentada como Requisito Parcial para
Obtener el Grado de:*

DOCTOR EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

“ANTONIO NARRO”

PROGRAMA DE GRADUADOS

Buenvista, Saltillo, Coahuila, México

Mayo de 2005

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO

**ESTUDIO Y CLASIFICACIÓN DE GRUPOS GERMOPLÁSMICOS PARA LA
CONSTITUCIÓN DE PATRONES HETERÓTICOS EN MAÍZ**

TESIS POR

HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO

**Elaborada bajo la supervisión del comité particular de asesoría y aprobada
como requisito parcial para obtener el grado de:**

**DOCTOR EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO**

COMITÉ PARTICULAR

Asesor principal:

Dr. Froylán Rincón Sánchez

Asesor:

Dr. M. Humberto Reyes Valdés

Asesor:

Dr. Gaspar Martínez Zambrano

Asesor:

Dr. Rolando Cavazos Cadena

Asesor:

Dr. Juan de Dios Figueroa Cárdenas

**Dr. Jerónimo Landeros Flores
Subdirector de postgrado**

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Mayo de 2005

AGRADECIMIENTOS

A mi familia por el gran apoyo moral que siempre me han ofrecido.

Al comité particular de asesoría por todas las aportaciones recibidas.

A mis amigos y compañeros de trabajo. Alfredo de la Rosa Loera, Daniel Sámano Garduño, Eduardo Musito Ramírez, y Flavio Ramos Domínguez.

A todas las personas que participaron en los trabajos de campo, especialmente a los encargados de las estaciones experimentales, así como a los diferentes tesisistas que se involucraron en el presente estudio.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por la beca otorgada y por el financiamiento parcial del presente trabajo el cual forma parte del proyecto 41264.

A mi *alma mater* Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro”.

Con profundo cariño a quienes siempre me alentaron a culminar el presente reto.

DEDICATORIA

En honor a la memoria de mi padre Antonio de León Gutiérrez (†) ejemplo y guía de una familia. Que su influencia perdure en las nuevas generaciones.

COMPENDIO

Estudio y Clasificación de Grupos Germoplásmicos para la Constitución de Patrones Heteróticos en Maíz

POR

HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO

DOCTORADO EN
FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. MAYO 2005

Dr. Froylán Rincón Sánchez ---Asesor---

Palabras clave: *Zea mays* L., modelos mixtos, “biplot”, El Bajío.

Se exploró el comportamiento genético y agronómico de cinco grupos germoplásmicos [Enano, Ideotipo, Exótico, QPM (quality protein maize) y Tropical] y de sus respectivas combinaciones a través de ambientes, con los objetivos: i) Definir estrategias de mejoramiento e identificar cuales pueden ser considerados grupos heteróticos; ii) Identificar patrones heteróticos potenciales. Los materiales en evaluación se dividieron en: dialélicos; combinaciones germoplásmicas (CG) versión cruza simples y cruza triples. Los experimentos fueron establecidos en un diseño de bloques incompletos, la parcela

experimental fue de un surco con 21 plantas por ambiente. Los resultados muestran que genes de acción aditiva fueron más importantes en la expresión de las variables evaluadas, con excepción del rendimiento de mazorca, donde el comportamiento estuvo determinado por la acción de genes no aditivos. Lo anterior permitió sugerir programas de selección recurrente para mejorar las variables controladas por genes aditivos y de selección recíproca recurrente para el rendimiento. De los grupos germoplásmicos, el ideotipo fue estadísticamente el más rendidor ($p \leq 0.05$). Por su clara diferenciación del resto y por sus respuestas en heterosis, los grupos enano, QPM y tropical se pueden considerar grupos heteróticos; por su superioridad estadística en rendimiento, se identificaron como potenciales patrones heteróticos las cruzas de maíz, enano x tropical y enano x QPM. Con base en los modelos AMMI y SREG, se corroboró que el ambiente de Celaya es el más representativo del área de El Bajío.

ABSTRACT

Study and Classification of Germplasm Groups for the Assembling of Heterotic Patterns in Maize

BY

HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. MAY 2005

Dr. Froylán Rincón Sánchez ---Adviser---

Key words: *Zea mays* L. mixed models, biplot, El Bajío.

The genetic and agronomic performance of five germplasm groups [Enano, Ideotipo, Exótico, QPM (quality protein maize) and Tropical] and their combinations were explored across environments with the objectives: i) to define breeding strategies and to define heterotic groups, and (ii) to identify potential heterotic patterns. The genetic material was set as dialleles, germplasm combinations (GC), simple and triple-crosses version. Field experiments were carried out through an incomplete block design, with single row experimental plots and 21 plants per environment. The results showed that genes with additive effects were the most important for the expression of most evaluated traits, except ear yield where the behavior was determined by non-additive effects. These results suggested recurrent selection schemes to improve those traits controlled by additive gene effects, and reciprocal recurrent selection to

improve yield. The Ideotipo group was statistically the highest yielding ($p \leq 0.05$) among germplasm groups. Due to their clear differentiation, and heterosis response, the Enano, QPM and Tropical groups can be considered as actual heterotic groups. According to its highly statistically yielding, crosses Enano x Tropical and Enano x QPM were identified as potential heterotic patterns. Based on the models AMMI and SREG, Celaya was confirmed as the most representative environment for the El Bajío region.

ÍNDICE DE CONTENIDO

	Página
ÍNDICE DE CUADROS.	xi
ÍNDICE DE FIGURAS.	xiv
I. INTRODUCCIÓN.	1
Objetivos.	3
Hipótesis.	4
II. REVISIÓN DE LITERATURA.	5
Estado actual del maíz.	5
Germoplasma.	5
Heterosis, grupos y patrones.	7
Métodos estadísticos aplicables a los ensayos multirregionales....	13
Utilidad de los modelos mixtos.	17
III. MATERIALES Y MÉTODOS.	19
Material Genético.	19
Descripción de los ambientes empleados en la evaluación.	21
Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra.	22
Labores culturales.	22
Datos agronómicos registrados.	23
Primera parte, cruzas simples.	26
Material Genético.	26
Análisis estadísticos.	28

Estimación de varianzas bajo del método IV de Griffing.	30
Procedimiento estadístico para obtener la figura biplot del dialélico.	31
Comparación de los grupos germoplásmicos.	33
Análisis comparativo de los cinco grupos germoplásmicos y sus 10 Combinaciones.	35
Cálculo de heterosis.	37
Segunda parte, híbridos triples.	37
Material Genético.	37
Análisis estadísticos.	40
Cálculo de heterosis.	41
IV RESULTADOS Y DISCUSIÓN.	42
Primera parte cruza simples.	42
Análisis dialélicos.....	42
Análisis dialélico con el enfoque del biplot GGE.	53
Comparación de grupos germoplásmicos.	57
Selección de las combinaciones y estimación de efectos de aptitud combinatoria general en los grupos germoplásmicos.	66
Segunda parte, cruza triples.	71
Análisis de las combinaciones germoplásmicas (cruza triples).	71
V. CONCLUSIONES.	76
VI RESUMEN.	78
VI. LITERATURA CITADA.	82
VII. APÉNDICE.	87

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Página
3.1	Características geográficas y climatológicas de los ambientes de prueba.	21
3.2	Líneas que representan a los cinco grupos germoplásmicos en los cruzamientos dialélicos, y ambientes de evaluación de los dialélicos.	27
3.3	Número de cruzas simples por combinación germoplásmica y sus respectivos ambientes de evaluación.	28
3.4	Estructura del análisis de varianza y esperanza de cuadrados medios del método IV de Griffing.	29
3.5	Líneas que representan a los cinco grupos germoplásmicos usadas en los para la formación de híbridos triples.	38
3.6	Número de cruzas triples por combinación germoplásmica evaluadas en 2003 en Celaya, Gto. y el Prado, N. L.	39
4.1	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable rendimiento en cinco grupos germoplásmicos.	43
4.2	Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable rendimiento de las líneas representativas de cada grupo a través de ambientes.	46
4.3	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable días a flor masculina en cinco grupos germoplásmicos.	47
4.4	Valores estimados de aptitud combinatoria para la variable días a floración masculina de las líneas representativas de cada grupo a través de ambientes.	49

4.5	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable altura de planta en cinco grupos germoplásmicos.	50
4.6	Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable altura de planta de las líneas representativas de cada grupo a través de ambientes.	52
4.7	Resumen de valores estimados de aptitud combinatoria específica, aptitud combinatoria general y promedios de rendimiento de los cruzamientos dialélicos del grupo enano obtenidos mediante el análisis convencional.	55
4.8	Cuadrados medios de la variable rendimiento de tres grupos germoplásmicos (de cruza simple) en donde se combinan ambientes ¹ se incluye el comportamiento promedio de los grupos germoplásmicos y de los ambientes de evaluación. ...	58
4.9	Cuadrados medios de las combinaciones entre cinco grupos germoplásmicos con base en el comportamiento promedio de cruza simple y efectos de aptitud combinatoria general para seis variables agronómicas en donde se combinan ambientes ¹	66
4.10	Medias de rendimiento, efectos genéticos, heterosis de las combinaciones, versión cruza simple y predicción de su rendimiento a través de ambientes.	68
4.11	Cuadrados medios del dialélico entre cinco grupos germoplásmicos con base a cruza triple y efectos de aptitud combinatoria general para seis variables agronómicas en donde se combinan ambientes ¹	72
4.12	Medias de rendimiento, efectos genéticos, heterosis de las combinaciones, versión cruza triple y predicción de su rendimiento a través de ambientes.	74
A1	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable días a flor femenina en cinco grupos heteróticos en donde se combinan ambientes.	88
A2	Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable días a flor femenina de las líneas representativas de cada grupo a través de ambientes.	88

A3	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialéctico realizado para la variable altura de planta en cinco grupos heteróticos en donde se combinan ambientes.	89
A4	Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable altura de planta de las líneas representativas de cada grupo a través de ambientes.	89
A5	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialéctico realizado para la variable prolificidad en cinco grupos heteróticos en donde se combinan ambientes.	90
A6	Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable prolificidad de las líneas incluidas en cada grupo a través de ambientes.	90

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura		Página
4.1	Biplot del dialélico enano para el promedio de rendimiento del grupo enano evaluado en cinco ambientes.	54
4.2	GE1. Respuesta a la interacción de tres grupos heteróticos de maíz a través de ambientes.	59
4.3	GE 2. Patrón de respuesta a la interacción genotipo ambiente de tres grupos germoplásmicos.	61
4.4	Biplot GGE. Patrón de respuesta a la adaptación de tres grupos germoplásmicos.	64
A1	Biplot del dialélico ideotipo para el promedio de rendimiento del grupo enano evaluado en cinco ambientes.	91
A2	Biplot del dialélico exótico para el promedio de rendimiento del grupo enano evaluado en cinco ambientes.	91
A3	Biplot del dialélico QPM para el promedio de rendimiento del grupo enano evaluado en cinco ambientes.	92
A4	Biplot del dialélico tropical para el promedio de rendimiento del grupo enano evaluado en cinco ambientes.	92

I. INTRODUCCIÓN

Cuando un programa de mejoramiento genético tiene en proyecto obtener mejores híbridos entre líneas de diferentes grupos germoplásmicos, se sugiere conocer el comportamiento genético de las características de importancia económica de los mismos, para estar en condiciones de elegir estrategias de selección que hagan más eficiente el comportamiento agronómico tanto de los grupos *per se* como de los nuevos híbridos.

La decisión del diseño genético que se deba emplear para conocer algunas propiedades genéticas de la población de interés estará en función de los objetivos de la investigación. Por norma se debe elegir el más práctico y sencillo. El método IV de los diseños de apareamiento propuestos por Griffing (1956) se ha empleado con frecuencia y exitosamente en estudios de la herencia y la estimación de componentes de varianza genéticos aditivos y no aditivos, en variables agronómicas, así como en la estimación de efectos de aptitud combinatoria general y específica (ACG y ACE). Zhang y Kang (2003) diseñaron una rutina de programación para analizar estos modelos cuando se evalúan en varios ambientes.

Igual de importante es conocer los ambientes donde muestren su mejor desempeño para combinar el potencial genético con áreas de adaptación, así como para generar conocimiento con respecto a la interacción genotipo ambiente (IGA) que tanto preocupa a los fitomejoradores. Con respecto a esto último Coutiño y Vidal (2003) indican que con metodologías apropiadas de estadística y de mejoramiento es posible entender las causas de la IGA. Por su parte Yan *et al.* (2000), reportan una eficiente técnica basada en modelos multiplicativos para explorar e interpretar los patrones de respuesta genética, ambiental y de la IGA de los ensayos evaluados en varios ambientes.

Adicionalmente a la información anterior, en todo programa de mejoramiento es indispensable disponer de una clasificación del germoplasma por su participación en patrones heteróticos, lo que aumentará las posibilidades de éxito en la generación de nuevos y superiores híbridos para las áreas de interés, además de eficientar el uso del germoplasma (Goldman, 1998).

En el programa de mejoramiento genético correspondiente a la región ecológica de El Bajío, del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” (IMM) de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), ordinariamente se manejan cruzamientos entre materiales endogámicos derivados de cinco grupos germoplásmicos diferentes denominados: enano, ideotipo, exótico, tropical y quality protein maize. Sin embargo, a la fecha no se tiene una clasificación documentada del potencial genético *per se* de los grupos

ni de sus posibles combinaciones heteróticas. Por ello se planeó el presente trabajo planteando los siguientes:

Objetivos generales

Caracterizar genética y agronómicamente cinco grupos germoplásmicos de maíz pertenecientes al programa de mejoramiento genético de El Bajío.

Evaluación y selección de la combinación germoplásmica más prometedora que se pueda constituir en patrón heterótico para el área de El Bajío, con base en el potencial de rendimiento.

Objetivos específicos

A) Componentes genéticos de cinco grupos germoplásmicos de maíz

- Estimar los componentes de la varianza genética y la heredabilidad de variables agronómicas de interés dentro de cada grupo.
- Determinar la estrategia de mejoramiento genético más eficiente para los grupos germoplásmicos.

B) Determinar el potencial genético de los grupos germoplásmicos

- Clasificar el comportamiento de los grupos germoplásmicos más representativos del programa de El Bajío del IMM con base al rendimiento.

- Clasificar a los ambientes de evaluación por su potencial y capacidad de discriminar a los grupos germoplásmicos y determinar la adaptación específica de los mismos.
- Determinar el potencial genético de los grupos germoplásmicos para ser considerados grupos heteróticos.
- Determinar el comportamiento de las combinaciones heteróticas de los cinco grupos germoplásmicos con base en cruza simples y cruza triples.

HIPÓTESIS

La estimación de los componentes genéticos permitirá cuantificar la heredabilidad para definir la mejor estrategia de mejoramiento genético.

El estudio del comportamiento de los grupos a través de ambientes proporcionará información que permitirá conocer cual o cuales grupos serán la mejor alternativa a manejar durante el proceso de mejoramiento.

Entre los grupos germoplásmicos existirán algunos que puedan ser potenciales grupos heteróticos; de las combinaciones heteróticas a evaluar es posible seleccionar al menos una que sea superior en la expresión del rendimiento, con factibilidad de convertirse en un patrón heterótico para la región de El Bajío.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Estado actual del maíz

En gran medida, la importancia económica del maíz radica en que es el cultivo que después del petróleo, es el producto natural que más usos tiene desde su consumo directo hasta la elaboración de los más refinados solventes químicos, pasando por múltiples usos entre estos extremos, lo que lo ha colocado en el grano que más se produce a nivel mundial; en el 2004 su producción se estimó en alrededor de 683' 000, 000 t ONU (2004).

Los grandes volúmenes de producción que han sido alcanzados en gran medida se atribuyen al mejoramiento genético causante de incrementos rápidos y de bajo costo en la productividad de los cultivos. Muy particularmente a la explotación de la heterosis entre líneas que ha sido el pilar en el desarrollo y producción de semilla híbrida de maíz (Tomes, 1998). Por su parte Duvick (1992) documenta que el factor genético es el que mayor impacto tiene en los incrementos de la producción de este cereal.

Germoplasma

Además de la heterosis como tal, existen otros factores que deben ser considerados para el incremento de la productividad del maíz como son el

óptimo aprovechamiento de la diversidad genética, el eficiente manejo del germoplasma y el remuestreo de líneas e híbridos.

La clave para un incremento sostenido de la productividad agrícola es la disponibilidad de amplia diversidad genética en el germoplasma de cualquier programa de mejoramiento, así como el saber que se cuenta con alta frecuencia de genes favorables que controlan caracteres de interés como rendimiento, precocidad, tolerancia al estrés, el tener acceso rápido al análisis de algunos parámetros de calidad, y recursos para realizar evaluaciones en varios sitios. (Betran y Hallauer, 1996; Hallauer *et al.*, 1988).

Las líneas puras representan el germoplasma básico en el desarrollo de híbridos, la asignación de ellas a grupos heteróticos previamente definidos es esencial en el éxito de los programas de hibridación. Para ello se recomienda una cuidadosa caracterización y evaluación de las mismas antes de ubicarlas en un grupo heterótico determinado como lo discuten González *et al.* (1997) y Vasal *et al.* (1992a y 1992b).

En todo programa de hibridación es imprescindible tener identificado y bajo enriquecimiento al menos un patrón heterótico que permita la explotación óptima de la heterosis, el mejoramiento de los atributos de los híbridos en uso, así como la predicción del comportamiento de nuevas combinaciones potenciales. De ahí el importante papel que juegan la clasificación del

germoplasma en grupos heteróticos bien definidos (Melchinger y Gumber, 1998).

Heterosis, grupos y patrones

La manifestación de heterosis está indisolublemente ligada a la diversidad genética de los padres, ordinariamente se acepta que cuando una cruce exhibe alta heterosis, existe alta divergencia genética entre sus progenitores; caso contrario cuando una cruce muestra bajos o nulos valores de heterosis se dice que sus padres no muestran diversidad genética y pueden estar emparentados (Hallauer y Miranda, 1981).

Desde el punto de vista cuantitativo, Falconer (1980) indica que la heterosis se manifiesta cuando entre los padres de un híbrido existe diferente frecuencia génica para el carácter de interés, y ésta será mayor si algún nivel de dominancia está controlando el carácter. De acuerdo con Miranda (1997), el cruzamiento entre germoplasma viejo u obsoleto con germoplasma en uso debería expresar una heterosis considerable que en un programa de mejoramiento podría ser inteligentemente aprovechado.

En un intento de hacer más eficiente el uso del germoplasma disponible en los programas de hibridación, los fitomejoradores recurren a la identificación y explotación de grupos y patrones heteróticos específicos para cada programa. A pesar de que se conocen grupos germoplásmicos de uso generalizado, éstos

no pueden ser considerados únicos, lo que abre la posibilidad de identificar subgrupos dentro de ellos (Soenegas *et al.*, 2003).

El término “grupo heterótico” de acuerdo con Melchinger y Gumber (1998) es usado para referirse a un grupo de individuos relacionados o no, que provienen de la misma o diferente población, pero que muestran similar comportamiento en habilidad combinatoria y heterosis cuando son cruzados con individuos de otro grupo genéticamente diferente.

Aparte del conocimiento empírico, los análisis de cruzamientos dialélicos entre poblaciones o entre líneas de diferente origen son quienes proveen las mejores bases para constituir los grupos heteróticos (Vasal *et al.*, 1992). Cuando se observa un alto nivel de heterosis en un cruzamiento, se considera como indicador de diversidad y complementariedad genética entre los progenitores (Bridges y Gardner, 1987).

De acuerdo con Gonzáles *et al.* (1997), el germoplasma más prometedor de un programa debería ser manejado en varios dialélicos para identificar los cruzamientos más heteróticos y poder emplear sus padres como probadores para clasificar el material en grupos heteróticos bien definidos. Idealmente, los grupos heteróticos deberían tener una amplia base genética, ser ampliamente heteróticos en cruzamientos diversos, con un aceptable desarrollo por si mismos, y que muestren tolerancia a la endogamia.

Melchinger y Gumber (1998) definen el término “patrón heterótico”, como un par de grupos heteróticos complementarios, que al cruzarse producen descendencia que exhibe una alta heterosis y un excelente desempeño de sus híbridos en la mayoría de los casos, mencionando además, que su impacto en los programas de mejoramiento es muy alto ya que ellos predeterminan la manera de emplear más adecuadamente el germoplasma en la generación de combinaciones híbridas.

El patrón heterótico que mayormente ha sido y explotado a través del tiempo en maíz, es el cruzamiento de germoplasma de granos dentados por germoplasma de granos cristalinos como es el caso de los famosos patrones Reid Yellow Dent X Lancaster Sure Crop en Estados Unidos de América y el European flint X Corn Belt dent para los híbridos más cultivados en Europa (Troyer, 1999; Soenegas *et al.*, 2003). Otros importantes patrones heteróticos que se explotan en los diferentes países que cultivan maíz son: Staff Stalk x Lancaster Sure Crop, Leaming x Midland, Tuson x US Southern Dents, US germoplasm x Chinese Flints, Yugoslavian Landrace x US germoplasm, Cateto x Tuxpeño, Cuban Flint x Tuxpeño, Cuban Flint x Perla, Cuban Flint x Tuson (Troyer, 1999; Soenegas, 2003).

A pesar de toda la información de patrones heteróticos bajo explotación, es importante reconocer que el manejo de germoplasma diverso como material precoz x material tardío, enano x normal, tropical x subtropical, mazorca gruesas x mazorca larga u otras combinaciones que puedan generar patrones

heteróticos alternativos para un área de explotación específica (De León *et al.*, 1997).

Los patrones heteróticos más recientemente reportados son el resultado del cruzamiento de germoplasma local por germoplasma exótico (Michelini y Hallauer, 1993; Ron-Parra y Hallauer, 1997; Troyer, 1999; Mickelson *et al.*, 2001).

La identificación de potenciales grupos y patrones heteróticos nuevos va a depender de la zona que se quiera impactar. En general, se requiere de una eficiente clasificación de las fuentes de germoplasma disponibles así como de sus combinaciones, los cruzamientos sugeridos son del tipo dialélico incluyendo los progenitores (Hallauer *et al.*, 1988).

Diseños dialélicos

El mejoramiento genético es la base de incrementos rápidos y de bajo costo en la productividad de los cultivos. Su éxito descansa en saber elegir dentro del germoplasma disponible, individuos que ofrezcan las mejores expresiones de las características de interés, siendo requisito para lograr el objetivo que exista variación genética. La varianza genética en los grupos germoplásmicos puede ser estimada de varias formas, es decisión del fitomejorador elegir la estrategia más conveniente con base en sus posibilidades (Hallauer y Miranda; 1981).

Los sistemas de apareamiento genéticos denominados dialélicos se han usado con éxito por los fitomejoradores tanto en líneas como en poblaciones, para realizar estimaciones de efectos de aptitud combinatoria general y específica; para estimar componentes de varianza y niveles de heterosis (Griffing, 1956; Gardner y Heberhart, 1966).

Recientemente, la información de los cruzamientos dialélicos es usada para ubicar germoplasma en grupos germoplásmicos, así como para mostrar asociaciones de grupos entre los progenitores en varias características agronómicas de interés económico en diferentes cultivos (González *et al.*, 1997; Yan y Hunt, 2002).

Cuando se dispone de una muestra de “p” líneas y efectúan todas las cruzas posibles entre ellos se les conoce como cruzas dialélicas. Griffing (1956) propuso cuatro métodos o diseños de apareamiento para realizar los cruzamientos dialélicos entre este tipo de progenitores. El método que más se ha empleado en alógamas es el 4 que considera en la evaluación solamente las cruzas directas $t = \frac{p(p-1)}{2}$ donde t = número de cruzamientos.

Gardner y Eberhart (1966) propusieron el análisis de cruzamientos dialélicos entre poblaciones de amplia base genética por medio de tres modelos. El modelo que más se ha empleado por práctico y económico es el GE2, que incluye en la evaluación las n poblaciones y sus $n(n-1)/2$ cruzas

posibles, donde la variación de todas las poblaciones (entradas) es dividida en variación debida a los progenitores y en la variación atribuible a la heterosis promedio de los cruzamientos.

En general, en los modelos genéticos de los dialélicos, los progenitores pueden ser líneas puras, parcialmente endocriadas (S_1 , S_2 , etc.), sintéticos, variedades, poblaciones, o algún tipo de familia. Diversos y versátiles programas computacionales han sido generados para obtener los resultados de los análisis dialélicos de Griffing, sobresalen por su versatilidad los desarrollados por Burrow y Coors (1994) y el de Zhang y Kang (2003). Éste último presenta una rutina para obtener la suma de cuadrados de los efectos genéticos y su interacción a partir de un análisis combinado de las cruza dialélicas. Asimismo se dispone de un paquete computacional elaborado por Murray *et al.* (2003) para procesar los modelos propuestos por Gardner y Heberhart (1966). Al que se le incorporaron rutinas de procedimientos estadísticos para hacer más confiables las estimaciones de los efectos implícitos en los modelos.

Convencionalmente los análisis dialélicos se han limitado a separar la variación de los cruzamientos en los efectos de aptitud combinatoria general y específica. Yan y Hunt (2002) proponen el empleo de una metodología que gráficamente muestra la mejor combinación dentro del dialélico y permite observar visualmente la siguiente información: (a) ACG de cada progenitor; (b)

ACE de cada genotipo evaluado; (c) grupos de progenitores con similar información genética; y (d) la identificación de híbridos superiores.

Métodos estadísticos aplicables a los ensayos multirregionales

La estimación precisa del rendimiento en la etapa de identificación de genotipos superiores y en el estudio de la interacción genotipo-ambiente de acuerdo con Crossa (1990), requiere tomar como base los resultados de la evaluación en varios sitios del ambiente de interés. De tal manera que se puedan tomar decisiones acertadas y hacer recomendaciones pertinentes dentro de los programas.

Cuando se evalúan un alto número de genotipos y ambientes, las técnicas multivariadas pueden ser utilizadas para interpretar la naturaleza de la interacción, al poner de manifiesto las asociaciones existentes entre genotipos y ambientes y por la caracterización que realizan de los ambientes (Yan, 2002).

La interacción genotipo por ambiente es la respuesta diferencial de los genotipos en los ambientes de evaluación, este fenómeno es una constante preocupación para los fitomejoradores especialmente cuando su magnitud es grande, ya que dificulta la elección y recomendación de genotipos estables y torna lento el avance de la selección.

Coutiño y Vidal (2003) indican que con metodologías apropiadas de estadística y de mejoramiento es posible entender las causas de la interacción.

Mientras que Yan *et al.* (2000), reportan la técnica “biplot” para interpretar los patrones de respuesta genética, ambiental y de la interacción genotipo ambiente de los ensayos evaluados en varios ambientes.

Importantes resultados en el entendimiento de la interacción genotipo ambiente se logran trabajando con el modelo de efectos principales aditivos y la interacción multiplicativa AMMI (Aditive Main effects and Multiplicative Interaction) el cual fue originalmente propuesto por Gollob (1968), atribuyéndoles el merito de acuñar el termino AMMI a Zobel *et al.* (1988) y Gauch (1988).

Desde entonces a la fecha, el modelo ha pasado por una serie de adecuaciones en el ámbito agronómico hasta llegar a mostrar en su salida de resultados lo que hoy se conoce como “biplot” GE. Técnicamente el AMMI es la hibridación del análisis de varianza convencional, para estudiar los efectos principales, con el análisis de componentes principales que se encarga del estudio de los efectos de la interacción (Yan *et al.*, 2000).

Con los resultados generados del modelo anterior, mediante el análisis de componentes principales aplicado al estudio de datos provenientes de ensayos evaluados en varios ambientes, es posible formar una figura denominada “biplot”, que tiene la particularidad de ser muy descriptiva en la

interpretación de los patrones de respuesta de los efectos principales y de la propia interacción (Zobel *et al.*, 1988; Crossa, 1990; Crossa *et al.*, 1991).

En función del número de componentes principales que se involucren para la explicación de la interacción genotipo ambiente los modelos AMMI pueden ser reportados como AMMI₁, AMMI₂, o AMMI₃ (Moreno-Gonzalez *et al.*, 2003).

Originalmente el termino “biplot” fue descrito por Gabriel (1971) el cual resume en una figura (generada por los primeros dos componentes principales) los patrones de respuesta de los factores de interés; se enfatiza su uso para la exploración rápida y fácil de matrices de datos ordenadas en cuadro de doble entrada, principalmente cuando es grande la cantidad de información y la inspección visual de los mismos es poco práctica.

La utilidad del “biplot” es más evidente si se considera que reemplaza la necesidad de emplear figuras de más de dos dimensiones, realizar análisis de agrupamiento y cuadros de coeficientes de correlación (Sánchez, 1995).

Las figuras “biplot” han sido empleadas por fitomejoradores, como una herramienta útil en la exploración del comportamiento de la interacción genotipo ambiente; en la identificación de el mejor genotipo por ambiente; para estimar el potencial de rendimiento y estabilidad de los genotipos evaluados; para identificar grupos similares de genotipos o ambientes; y para clasificar la

habilidad de discriminar y conocer la representatividad de los ambientes en una región (Yan *et al.*, 2000; Yan *et al.*, 2001).

El rendimiento estimado a partir de una combinación de efectos ambientales (E), genéticos (G) y de la interacción entre estos dos efectos principales (GE), típicamente, el efecto E explica el 80 % o más del total de la variación detectada para rendimiento, en tanto que la proporción asociada a los efectos G y GE es comúnmente pequeña. Sin embargo, éstos son los de mayor interés para el fitomejorador y deben de ser considerados preferentemente de manera simultánea al momento de decidir que genotipos seleccionar, por esta razón Yan *et al.* (2000) decidieron analizarlos juntos en una figura denominada GGE “biplot”.

El modelo de regresión en los sitios (SREG) generador de la figura “biplot” GGE es prácticamente el mismo que el modelo AMMI, sólo que en este último se consideran simultáneamente en el análisis de componentes principales los efectos genéticos con los efectos de la interacción genotipo ambiente, (Yan, 2002; Burgueño *et al.*, 2003). El modelo SREG fue originalmente propuesto 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 (G) y los de la interacción genotipo

ambiente (GE) 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 poder generar la figura “biplot” que permitirá discutir los resultados del dialélico (Yan y Hunt, 2002).

Utilidad de los modelos mixtos

El empleo de modelos mixtos en los análisis de datos agrupados con problemas de balance ha demostrado ser una herramienta de gran alcance y flexibilidad. Estas situaciones son comunes en varias áreas de la investigación agrícola y son caracterizados por la presencia de la correlación entre las observaciones dentro del mismo grupo, a pesar de haber sido aleatorizadas. Esta técnica permite la correlación y la presencia de variaciones heterogéneas, aunque continua asumiendo todavía una distribución normal (Searle, 1987). Stroup (1989) sugiere la utilización de estos modelos en los programas de

mejoramiento por la mayor precisión lograda en los estimados traducándose en selecciones y recomendaciones más confiables.

Los modelos mixtos han sido empleados rutinariamente en el mejoramiento genético animal. Sin embargo, a pesar de ser una confiable herramienta en la predicción del comportamiento de una variable aleatoria, hasta recientemente los fitomejoradores han empezado a usar esta metodología. Bernardo (1995) encontró que con la técnica del mejor predictor lineal insesgado reportada por Henderson (1975) es posible predecir la respuesta de cruza simples de maíz no evaluadas, a partir de muestras desbalanceadas de cruzamientos entre un grupo de líneas progenitoras. Las predicciones del comportamiento de los genotipos en estudio indican lo que se puede esperar más allá del valor estimado es decir, permite hacer comentarios más amplios hacia la población de referencia, tal como lo mencionan Balzarini y Milligan (2003).

La técnica de modelos mixtos no deja de pertenecer a los modelos lineales, a los que simplemente se les declaran algunos o todos los términos del modelo aleatorios para poder estimar las varianzas de los mismos e incorporarlas en el cálculo del predictor (Cadena y Castillo, 2000). La mayor ventaja práctica es que se pueden hacer recomendaciones más precisas que las logradas con la simple media aritmética.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Con fines de lograr una mejor comprensión del presente estudio, el contenido del capítulo incluye la descripción de los materiales genéticos, los ambientes de evaluación, características del diseño de siembra y de la parcela experimental, las labores culturales y los datos agronómicos registrados son presentados en forma general. Posteriormente el trabajo experimental se dividió en dos partes. La primera fase consistió en el estudio a partir de cruzas simples (análisis de los cruzamientos dialélicos dentro de grupos y el estudio del comportamiento de los dialélicos de las combinaciones entre líneas de diferente grupo germoplásmico); la segunda sección contiene una exploración de los dialélicos de las combinaciones germoplásmicas con base en el comportamiento de cruzas triples.

El desarrollo del trabajo fue realizado con materiales derivados de cinco grupos germoplásmicos con adaptación a la región de El Bajío, cuya descripción se presenta a continuación.

Material genético.

Grupo 1. Grupo enano. Población de plantas braquíticas, se caracteriza por soportar altas densidades de siembra, responde positivamente a la

aplicación de insumos. Muestra una gran plasticidad de adaptación, excelente respuesta a los insumos agrícolas y a las combinaciones híbridas. Exhibe madurez diversa por lo que se pueden encontrar familias precoces a intermedias, entrenudos cortos debajo de la mazorca, tendencia a la prolificidad, hojas breves erectas, y espigas compactas, grano preferentemente dentado. Esta población ha pasado por varios ciclos de selección.

Grupo 2. Grupo ideotipo. Grupo germoplásmico constituida por plantas con excelentes atributos agronómicos, que se originó de la transformación de plantas enanas a normales mediante un programa continuo de retrocruzadas, donde el donador fue una población de amplia y selecta base genética con adaptación al área de El Bajío. Las principales características de este grupo son: individuos de altura intermedia, pocas hojas cortas y erectas, espiga compacta, madurez intermedia, alto índice de cosecha y perfecta adaptación a regiones con altitudes de 1000 a 2000 msnm. Esta población ha sido sometida a mejoramiento genético continuamente.

Grupo 3. Grupo exótico. Germoplasma dinámico constituido mediante la recombinación de híbridos comerciales preferentemente de reciente liberación, con adaptación al área de El Bajío, a los que previamente se les selecciona por poseer buenos efectos de aptitud combinatoria. En este grupo se incorporan los híbridos comerciales con excelentes atributos agronómicos y genéticos de las diferentes empresas semilleras que impactan el mercado del área de interés. Este grupo es de reciente formación, se mantienen altas expectativas de éxito

en el uso de este germoplasma al que continuamente se le inyecta nuevo germoplasma élite.

Grupo 4. Grupo tropical. Líneas que se han derivado de poblaciones con un origen 100% tropical, de ciclo biológico variado, altamente seleccionadas y que no fueron derivadas de una población común. Por ser un grupo de diferente origen geográfico a la región de El Bajío no ha sido mejorado en el área.

Grupo 5. Grupo QPM (quality protein maize). Constituido a partir de líneas proporcionadas por el Programa de Maíz del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), su particularidad es que muestran un alto contenido de los aminoácidos, lisina y triptofano, su grano es cristalino con adaptación al área de El Bajío.

Descripción de los ambientes empleados en la evaluación

En el Cuadro 3.1 se presentan las principales características de los diferentes sitios de evaluación.

Cuadro 3.1. Características geográficas y climatológicas de los ambientes de prueba.

Ambiente	Altitud (msnm)	Latitud Norte	Longitud Oeste	Lluvia anual (mm)	Temperatura media (°C)
Celaya, Gto.	1754	20° 32'	100° 49'	597	21
Sta. Ana, Gto.	1700	20° 21'	102° 02'	700	17
Gral. Cepeda, Coah	1470	25° 22'	101° 28'	350	19
El Prado, N. L.	1890	24° 12'	100° 05'	300	18

Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra

El diseño de siembra por experimento fue un bloques incompletos con un arreglo de alfa-látice con dos repeticiones por localidad. La parcela experimental, en todos los ensayos de rendimiento fue de un surco de 0.75 m de ancho, con 21 plantas a 0.19 m entre planta y planta. Las fechas de siembra por ambiente de evaluación fueron: en Celaya, Gto., el 7 de mayo de 2002 y el 17 de abril de 2003; en Sta. Ana, Gto. el 12 de mayo de 2002; en Gral. Cepeda, Coah., el 19 de mayo de 2002; y en El Prado, N. L. el 20 de abril de 2003.

Los ensayos de rendimiento o experimentos fueron constituidos por las series de cruzas dialélicas dentro de grupo (5) y por las series de combinaciones germoplásmicas (10) dando un total de 15 experimentos con diferente número de entradas, se cuidó de incluir testigos comunes en todos los experimentos.

Labores culturales

Siembra. Se realizó manualmente depositando dos semillas por golpe, en el ciclo primavera-verano los años 2002 y 2003.

Fertilización. La fórmula aplicada en los cinco ambientes fue 180 90 00 kg ha⁻¹ de nitrógeno y fósforo respectivamente, todo el fósforo y la mitad del nitrógeno se aplicaron al momento de la siembra, el resto del nitrógeno se aplicó al primer cultivo.

Riegos. Fueron variables y estuvieron sujetos a la humedad disponible en cada ambiente de evaluación, el único común fue a la siembra.

Control de malezas. En todos los ambientes de evaluación se utilizó un herbicida preemergente denominado primagram gold[®] (cuyo ingrediente activo es S-Metalaclor + atrazina) a razón de 4 L ha⁻¹ aplicado después del riego de siembra.

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

Datos agronómicos registrados

Días a floración masculina y femenina (Dfm y Dff). Número de días transcurridos desde la siembra hasta la fecha cuando el cincuenta por ciento de las plantas presentaron anteras dehiscentes (floración masculina) y estigmas receptivos (floración femenina).

Altura de planta (Ap). Es la distancia en metros entre la base de la planta y la hoja bandera.

Altura de mazorca (Am). Es la distancia en metros desde la base de la planta hasta el nudo de inserción de la mazorca principal.

Prolificidad (Prol.) Número de mazorcas cosechadas entre número de plantas cosechadas expresado en porcentaje.

Acame de raíz (AR). Es el porcentaje de plantas acamadas por parcela, considerando aquellas que presentaban una inclinación mayor de 30° con respecto a la vertical.

Acame de tallo (AT). Es el número de plantas expresado en porcentaje, que presentaron el tallo quebrado por debajo de la mazorca principal.

Mala cobertura (MC). Es el por ciento de plantas cuya mazorca no se encontró cubierta totalmente por el totomoxtle (brácteas) en relación con el total de las mazorcas cosechadas en cada parcela.

Plantas con *Fusarium spp.* (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.

Calificación de mazorca (CLM). 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).

Peso de campo (PC). Es el peso total de mazorcas cosechadas por parcela útil, expresado en kilogramos.

Por ciento de humedad (%H). Para obtener este dato, se tomó un número de mazorcas representativas de la parcela, a las cuales se les desgranó de 3 a 5 hileras para obtener cerca de 250 gramos; esta muestra se somete a medida en un aparato *Dickie Jhon*, que determina la humedad del grano. Esta medición se hace al momento de la cosecha.

Rendimiento. Es la producción estimada por parcela experimental reportada en $t\ ha^{-1}$ de mazorcas al 15.5 % de humedad. Éste se obtuvo al multiplicar el peso seco (PS) por el factor de conversión (FC).

$$PS = (1 - \% H) * PC$$

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

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

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; 0.845 = constante para transformar el rendimiento de peso seco al 15.5 % de humedad; 1000 = constante para obtener el rendimiento en t ha⁻¹; y 10,000 = valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m².

Rendimiento ajustado por covarianza. Cuando el número de plantas cosechadas fue muy variable entre parcelas dentro de experimentos se realizó 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.

$$\hat{Y}_{ij} = Y_{ij} - b_i (x - \bar{x})$$

Donde: \hat{Y}_{ij} = rendimiento corregido por covarianza; Y_{ij} = rendimiento observado; b_1 = coeficiente de regresión estimado x = número de plantas cosechadas en la parcela \bar{x} = promedio de plantas cosechadas en el experimento.

Primera parte, cruza simples

Material genético

Originalmente se planeó que cada grupo fuera representado por alrededor de 10 líneas, para formar por un lado los dialélicos dentro de cada grupo germoplásmico con el fin de explorar el comportamiento genético de los grupos como tales, así como a partir de combinaciones entre ellas para obtener información del comportamiento de los posibles patrones heteróticos al nivel de cruza simple.

Las cruza simple fueron formadas en dos fechas diferentes, primero durante el ciclo agrícola otoño-invierno del 2001-2002 en el campo experimental de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro ubicado en Tepalcingo, Morelos, se generó la progenie de tres dialélicos. Empleando para ello ocho líneas que representan al grupo enano, ocho representando al grupo ideotipo y nueve representando al grupo exótico cuya genealogía y ambientes de evaluación se reportan en el Cuadro 3.2.

Los cruzamientos dialélicos correspondientes a los restantes dos grupos germoplásmicos, tropical y QPM se generaron durante el ciclo agrícola otoño-invierno 2002-2003 el primer grupo quedó representado por las cruza posible entre siete líneas, mientras que en el grupo QPM se emplearon 10 líneas para generar el dialélico (Cuadro 3.2)

Cuadro 3.2. Líneas que representan a los cinco grupos germoplásmicos en los cruzamientos dialélicos, y ambientes de evaluación de los dialélicos.

Clave de identificación	Enano	Ideotipo	Exótico	Tropical	QPM
1	MLS4-1	232 MN-19	E-75	TRO- 11	CML-173
2	255-18-19-60	255 ON-11	E-90	POB22-S6	CML-174
3	LBCPC4S4	MLN-1	E-174	POB24-37	CML-186
4	PE-202-1	255 MN-14	E-195	AN-24	6310*Bulk-2
5	PE-212-1	232 MN-13	E-94	TRO-M8	6310*Bulk-3
6	PE-114-2	MLN-7	E-103	TRO-M73	CML-181
7	PE-112-7	232 MN-13 ^a	E-197	AN-7R25	6310*Bulk-11
8	PE-114-3	53 MN-10	E-18		6310*Bulk-12
9			E-82		6320-3
10					6320-6
Ambientes de evaluación de los cruzamientos dialélicos					
Verano 2003	Celaya, Gto.	Celaya, Gto.	Celaya, Gto.	Celaya, Gto.	Celaya, Gto.
Verano 2003	El Prado, N. L.	El Prado, N. L.	El Prado, N. L.	El Prado, N. L.	El Prado, N. L.
Verano 2002	Celaya, Gto.	Celaya, Gto.	Celaya, Gto.		
Verano 2002	Sta. Ana , Gto.	Sta. Ana , Gto.	Sta. Ana , Gto.		
Verano 2002	Gral. Cepeda, Coah.	Gral. Cepeda, Coah.	Gral. Cepeda, Coah.		

En todos los dialélicos se pretendió que participaran las 10 líneas representativas por grupo. Sin embargo, debido a situaciones de vigor o falta de coincidencia en la polinización no se lograron obtener todos los cruzamientos siendo la razón por lo que se emplearon dialélicos más pequeños. Adicionalmente, donde no fue posible obtener datos de una cruce simple, por haberse perdido las parcelas en la evaluación o bien porque no fue formada desde un inicio, se procedió a predecir su comportamiento empleando para ello la siguiente fórmula propuesta por Guerrero (2002):

$$PC_{ij} = \frac{2\mu + g_i + g_j}{2}$$

donde PC_{ij} = comportamiento predicho de la ij -ésima cruce; g_i = efecto de aptitud combinatoria general (ACG) de la i -ésima línea; g_j = efecto de ACG de la j -ésima línea; y μ = valor de la media general del dialélico.

Simultáneo a la formación de los tres dialélicos en el ciclo agrícola otoño-invierno 2001-2002, se formaron las cruzas simples entre líneas de diferente grupo formándose nueve de las diez posibles combinaciones germoplásmicas, cuyo número y ambiente de evaluación se reportan en el Cuadro 3.3.

Cuadro 3.3. Número de cruzas simples por combinación germoplásmica y sus respectivos ambientes de evaluación[†] en 2002.

Combinación	No. de C.S.
enano x ideotipo	22
enano x exótico	32
enano x QPM	11
enano x tropical	17
Ideotipo x exótico	37
Ideotipo x QPM	4
Ideotipo x tropical	14
exótico x QPM	10
exótico x tropical	25

No. de C. S. = número de cruzas simples; [†]= Celaya, Gto.; Sta. Ana, Gto.; y Gral. Cepeda, Coah.

Cuando en algún análisis fue requerido el comportamiento de la combinación germoplásmica tropical x QPM, éste se fue calculado con la fórmula descrita anteriormente, para predecir las cruzas simples faltantes en los dialélicos.

Análisis estadísticos

Análisis dialélicos

Dentro de cada grupo germoplásmico los análisis para obtener los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE), y la estimación de los componentes de varianza, se realizaron mediante el método

IV, modelo I de los diseños de Griffing (Griffing, 1956) a través de ambientes, la descripción del análisis de varianza se presenta en el Cuadro 3.4. El modelo lineal del diseño es el siguiente:

$$Y_{ijkl} = \mu + l_i + \beta_{j(i)} + g_k + g_l + s_{kl} + lg_{ik} + lg_{il} + ls_{ikl} + \varepsilon_{ijkl}$$

donde: Y_{ijkl} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; l_i = efecto de la i -ésima localidad; $\beta_{j(i)}$ = efecto de j -ésimo bloque dentro de la i -ésima localidad; g_k = efecto de la aptitud combinatoria general del padre k ; g_l = efecto de la aptitud combinatoria general del padre l ; s_{kl} = efecto de la aptitud combinatoria específica de los padres k y l ; lg_{ik} = efecto de la interacción entre la i -ésima localidad y la aptitud combinatoria general del padre k ; lg_{il} = efecto de la interacción entre la i -ésima localidad y la aptitud combinatoria general del padre l ; ls_{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 3.4. Estructura del análisis de varianza y esperanza de cuadrados medios del método IV de griffing.

Efecto	g.l	CM	ECM
Loc	$l-1$		
Rep/Loc	$r(l-1)$		
Cruzas	$n-1$		
ACG	$p-1$	M6	$\sigma_e^2 + r\sigma_{IACE}^2 + r(p-2)\sigma_{IACG}^2 + r/\sigma_{2ACE}^2 + r/(p-2)\sigma_{ACG}^2$
ACE	$[p(p-3)]/2$	M5	$\sigma_e^2 + r\sigma_{IACE}^2 + r/\sigma_{ACE}^2$
Cruzas x Loc	$(n-1)(l-1)$		
ACG x Loc	$(p-1)(l-1)$	M3	$\sigma_e^2 + r\sigma_{IACE}^2 + r(p-2)\sigma_{IACG}^2$
ACE x Loc	$\{[p(p-3)/2](l-1)\}$	M2	$\sigma_e^2 + r\sigma_{IACE}^2$
Error	$\{[p(p-1)/2]-1\}(r-1)$	M1	σ_e^2
Total	$[rp(p-1)/2]-1$		

En cada dialélico se calculó un coeficiente de determinación de diversidad genética (**CDDG**) propio del modelo fenotípico, por ser considerado como un indicador práctico de la diversidad genética presente dentro de cada grupo germoplásmico, calculado con la siguiente fórmula:
$$CDDG = \frac{SC(cruzas)}{SC(total)}$$

donde, SC = suma de cuadrados.

Estimación de varianzas bajo del modelo IV de Griffing

Asumiendo que el coeficiente de endogamia es igual a 1 los estimados de varianza aditiva (σ_A^2) y de varianza de dominancia (σ_D^2) serían:

$$\sigma_A^2 = 2\sigma^2 ACG \text{ donde: } \sigma^2 ACG = \frac{M_6 - M_5 - M_3 + M_2}{rl(p-2)}$$

$$\sigma_D^2 = \sigma^2 ACE \text{ donde: } \sigma^2 ACE = \frac{M_5 - M_2}{rl}$$

A partir de la σ_A^2 y la σ_D^2 , se calcularon

los valores de heredabilidad en sentido estricto $h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$ para los caracteres

evaluados. La varianza fenotípica se calculó considerando localidades y años de evaluación y poder mejorar la precisión del estimado según lo reportan Lamkey y Hallauer (1987):

$$\sigma_F^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \frac{\sigma_{AL}^2}{l} + \frac{\sigma_{DL}^2}{l} + \frac{\sigma_E^2}{rl}$$

Así mismo de acuerdo como lo indican Hallauer y Miranda (1981) la varianza y los errores estándar de los principales componentes genéticos estimados se calcularon de la siguiente forma:

Varianza de la varianza de ACG.

$$V(\sigma^2_{ACG}) = \frac{2}{[lr(p-2)]^2} \left[\frac{M_6^2}{glM_6+2} + \frac{M_5^2}{glM_5+2} + \frac{M_3^2}{glM_3+2} + \frac{M_2^2}{glM_2+2} \right]$$

Varianza de la varianza de ACE. $V(\sigma^2_{ACE}) = \frac{2}{(lr)^2} \left[\frac{M_5^2}{glM_5+2} + \frac{M_2^2}{glM_2+2} \right]$

Varianza de la varianza aditiva: $V(\sigma^2_A) = 4V(\sigma^2_{ACG})$

Varianza de la varianza de dominancia: $V(\sigma^2_D) = 2V(\sigma^2_{ACE})$

Error estándar para la varianza aditiva: $\sqrt{V(\sigma^2_A)}$ ó $2\sqrt{V(\sigma^2_{ACG})}$

Error estándar para la varianza de dominancia: $\sqrt{V(\sigma^2_D)}$ ó $\sqrt{V(\sigma^2_{ACE})}$

Error estándar para la heredabilidad: $EE(h^2) = EE \sigma^2_A / \sigma^2_F$

Donde: σ^2_F = varianza fenotípica; σ^2_{AL} = varianza aditiva por ambiente; σ^2_{DI} = varianza de dominancia por ambiente; l = número de ambientes; r = número de repeticiones; p = número de progenitores; M_2 = cuadrado medio de ACE x Loc; M_3 = cuadrado medio de ACG x Loc; M_5 = cuadrado medio de ACE; y M_6 = cuadrado medio de ACG.

Procedimiento estadístico para obtener la figura “biplot” del dialélico

Aunque originalmente el “biplot” GGE fue diseñado para analizar ensayos multiregionales puede ser aplicado para interpretar los resultados de un análisis dialélico, donde el biplot es construido por los dos primeros componentes

principales derivados de la descomposición de los valores singulares de los datos centrados en los probadores (Yan y Hunt, 2002).

Para este trabajo fue necesario realizar adecuaciones a los datos originales, tales adecuaciones fueron: considerar que los efectos maternos no existen; es decir, las cruzas directas son un estimador de las recíprocas; el comportamiento de los cruzamientos fraternales (comportamiento de los progenitores) es igual al desempeño promedio del progenitor en cuestión; las líneas y los probadores son iguales. Con ello fue posible generar una tabla de doble entrada, que tiene la estructura para acomodar los datos tipo genotipo por localidad o línea por probador.

El “biplot” fue realizado con la rutina desarrollada por Yan y Hunt (2002) en combinación con la rutina de Burgueño *et al.* (2003) para el análisis de ensayos de rendimiento multiregionales denominado SREG. El modelo matemático propuesto por Yan y Hunt (2002) es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \delta_j + \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \epsilon_{ij}$$

donde: Y_{ij} = rendimiento de la combinación entre i-ésimo probador con la j-ésima línea; μ = media general; δ_j = efecto de la j-ésima línea; λ_1 y λ_2 = a los valores singulares para los componentes principales 1 y 2 respectivamente; ξ_{i1} y ξ_{i2} = a los vectores característicos de los componentes principales 1 y 2 respectivamente para el probador i; η_{j1} y η_{j2} = son los vectores característicos

para los componentes principales 1 y 2 de los componentes principales 1 y 2 de la línea j ; ϵ_{ij} = es el error del modelo. Como en un análisis dialélico las cruzas corresponden a un probador por una línea i y la j pueden referirse a los mismos o diferentes genotipos.

Comparación de los grupos germoplásmicos

Para realizar este estudio, primeramente las medias, de 24, 18 y 26 cruzas simples de los grupos enano, ideotipo y exótico evaluadas en cinco ambientes fueron analizadas convencionalmente. No se realizó la comparación entre los cinco grupos por haberse evaluado sólo en dos ambientes el comportamiento de los grupos tropical y QPM.

La comparación de las medias de los grupos germoplásmicos se realizó en base a contrastes ortogonales posterior al análisis de varianza, obtenido con el modelo lineal:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(k)} + \lambda_k + \alpha\lambda_{ik} + \epsilon_{ijk}$$

donde Y_{ijk} = variable aleatoria observable correspondiente a la i -ésima combinación, la j -ésima repetición en la k -ésima localidad; μ = efecto de la media general; α_i = efecto del i -ésimo grupo germoplásmico $\beta_{j(k)}$ = efecto de la j -ésima repetición dentro de la k -ésima localidad; λ_k = efecto de la k -ésima

localidad; $\alpha\lambda_{ik}$ = efecto de la interacción entre la i-ésima combinación y la k-ésima localidad; ε_{ijk} = efecto del error experimental.

Con el fin de conocer los patrones de respuesta de los grupos germoplásmicos, de los ambientes y de la interacción de los grupos con los ambientes, como también poder visualizar en que ambiente los grupos muestran su mejor desarrollo y para clasificar a los ambientes por su aptitud para discriminar genotipos se corrieron análisis con los modelos multiplicativos denominados AMMI y SREG que generan los “biplots” GE y GGE respectivamente (Yan *et al.*, 2001).

Para modelar la respuesta de los ambientes, los genotipos y la IGA se emplearon las rutinas de programación AMMI₁ y AMMI₂ (Vargas y Crossa, 2000) cuyo modelo matemático se presenta a continuación:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + R_{ij}$$

Por último, para analizar la respuesta de los grupos heteróticos a ambientes específicos, el modelo con que se trabajó fue el de SREG (Crossa *et al.*, 2002) cuya descripción se presenta a continuación:

$$Y_{ij} = \mu + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + R_{ij}$$

donde: Y_{ij} = rendimiento del i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente; μ = media general; g_i = efecto del i-ésimo genotipo; e_j = efecto del j-ésimo ambiente; λ_k = raíz cuadrada del vector característico del k-ésimo eje del ACP; α_{ik} = calificación del ACP para el k-ésimo eje del i-ésimo genotipo; γ_{jk} = calificación del ACP para el k-ésimo eje del j-ésimo ambiente; R_{ij} = residual del modelo con $\sim \text{DNI} (0, \frac{\sigma^2}{r})$.

Los datos fueron procesados empleando la rutina propuesta por Burgueño *et al.* (2003), Graphing GE and GGE Biplots. Se denomina gráfico GE cuando la parte multiplicativa del modelo sólo trabaja con los efectos de la interacción genotipo ambiente. El término “biplot” GGE se refiere a que en la parte multiplicativa del modelo se están analizando conjuntamente los efectos del genotipo y de la interacción genotipo ambiente.

Análisis comparativo de los cinco grupos germoplásmicos y sus 10 combinaciones

Dado que prácticamente se contó con la información de todas las combinaciones posibles, con el propósito de tener una comparación más sistematizada y poder estimar los efectos de aptitud combinatoria general y específica de los grupos germoplásmicos, el análisis de esta información se procesó como si fuera un dialélico, método IV de Griffin (Griffing, 1956). Donde el comportamiento promedio de cada combinación germoplásmica por localidad

y repetición, para cada rasgo evaluado fue considerado como un dato para analizar la información.

Mediante la técnica del mejor predictor lineal insesgado propuesta por Henderson (1975), se obtuvo la predicción del rendimiento de cada combinación germoplásmica. Suponiendo que los progenitores no tenían relación entre sí; las localidades empleadas en las evaluaciones fueran una muestra aleatoria de los ambientes de la región de El Bajío y que las combinaciones también fueran una muestra aleatoria de las posibles combinaciones heteróticas del cultivo del maíz, se usó el siguiente modelo lineal mixto para obtener los mejores predictores lineales insesgados (MPLI) del rendimiento de las combinaciones con el siguiente modelo matemático.

$$Y_{ijkl} = \mu + \alpha_i + r_{j(i)} + b_{k(ij)} + \tau_l + \tau_{il} + \varepsilon_{ijkl}$$

donde Y_{ijkl} = valor observado en la i -ésima localidad, en el j -ésima repetición en el k -ésimo bloque incompleto y la l -ésima combinación heterótica; μ = efecto de la media general; α_i = efecto aleatorio de la i -ésima localidad; $r_{j(i)}$ = efecto aleatorio de la j -ésima repetición dentro de la i -ésima localidad; $b_{k(ij)}$ = efecto aleatorio del k -ésimo bloque incompleto dentro de la i -ésima localidad y la j -ésima repetición; τ_l = efecto aleatorio de la l -ésima combinación heterótica; τ_{il} = al efecto aleatorio de la interacción entre la i -ésima localidad y la l -ésima combinación heterótica; ε_{ijkl} = al efecto aleatorio del residual. Con $r_j \sim N(0, \sigma^2 r_{(j)})$; $b_k \sim N(0, \sigma^2 b_{(kj)})$; y $\varepsilon_{ijkl} \sim N(0, \sigma_e^2)$.

Cálculo de heterosis

Se calculó la heterosis (H) para la variable rendimiento con base a el comportamiento medio de progenitores mediante la siguiente formula:

$$H = \frac{F_1 - \bar{P}}{\bar{P}} * 100 \text{ donde:}$$

H = heterosis estimada en porciento

F_1 = rendimiento observado del ij-ésimo patrón heterótico

\bar{P} = rendimiento promedio estimado entre el i-ésimo y el j-ésimo grupo germoplásmico, implicados en la combinación en cuestión. Aquí los rendimientos considerados fueron los promedios de dialélico dentro de grupo.

Segunda parte, híbridos triples

Material genético

En este apartado se incluyeron las evaluaciones de las combinaciones germoplásmicas obtenidas de 51 líneas usadas como macho (10 de cada grupo germoplásmico a excepción del grupo QPM que participo con 11 líneas) cruzadas con 28 cruza simples hembras (los grupos enano, ideotipo y el exótico participaron con 7; el grupo QPM con 10 y el grupo tropical con 4 cruza simples elegidas al azar dentro de los cruzamientos dialélicos por grupo) generando 10 series de híbridos triples representativos de los diferentes potenciales patrones heteróticos.

Este tipo de cruzas fueron planeadas para obtener un mayor número de híbridos por cada combinación, con el propósito de lograr más representatividad por combinación germoplásmica, así como mayor cantidad y calidad de semilla por cruzamiento que la obtenida en la primera parte. Las claves de identificación y genealogías de las líneas empleadas por cada grupo germoplásmico se muestran en el Cuadro 3.5.

Cuadro 3.5. Líneas que representan a los cinco grupos germoplásmicos usadas en la formación de híbridos triples.

Clave de identificación	Enano	Ideotipo	Exótico	Tropical	QPM
1	MLS4-1	MLN-1	E-75	TRO- 11	CML-173
2	255-18-19-60	232MN-19	E-90	POB22-S6	CML-174
3	LBCPC4S4	255 MN-11	E-196	POB24-37	CML-186
4	PE-202-1	MLN	E-174	TRO-M318	6310*Bulk-2
5	PE-212-1	255 MN-14	E-195	AN-24	6310*Bulk-3
6	PE-112-3	232 MN-13	E-94	TRO-M8	CML-181
7	PE-114-2	MLN-7	E-103	TRO-M44	6310*Bulk-11
8	PE-112-7	232 MN-13 ^a	E-197	TRO-M73	6310*Bulk-12
9	PE-114-3	53 MN-10	E-18	AN-7R25	6320-3
10	PE-210-5	255 MN-14	E-82	AN-60	6320-1 6320-6

La formación de los híbridos experimentales se realizó durante el ciclo otoño-invierno 2002-2003 empleándose como hembras las cruzas simples de cada grupo, las que fueron cruzadas con las líneas de otros grupos con la meta de obtener al menos 100 cruzamientos por combinación germoplásmica, originando 1284 híbridos triples, el número exacto por combinación heterótica y ambientes de evaluación se reporta en el Cuadro 3.6.

Cuadro 3.6. Número de cruzas triples por combinación germoplásmica evaluadas en 2003 en Celaya Gto. y el Prado N. L.

Combinación	No. de C.T.
enano x ideotipo	94
enano x exótico	154
enano x QPM	160
enano x tropical	151
Ideotipo x exótico	107
Ideotipo x QPM	133
Ideotipo x tropical	137
Exótico x QPM	108
Exótico x tropical	129
QPM x tropical	111
Total	1284

No. de C. T. = número de cruzas triples;

Los promedios de rendimiento fueron calculados usando dos procedimientos: uno mediante la técnica del mejor estimador lineal insesgado (MELI), donde se consideraron como factores de efectos aleatorios las localidades, repeticiones dentro de localidad, bloques dentro de repeticiones y localidades y combinaciones por localidad. Como factor de efectos fijos se consideraron las combinaciones germoplásmicas; los estimados se obtuvieron con el procedimiento MIXED de SAS (SAS, 1996).

La otra técnica empleada consistió en estimar los promedios de rendimiento mediante la técnica del mejor predictor lineal insesgado (MPLI) donde todos los efectos del modelo fueron declarados aleatorios y el rendimiento predicho se obtuvo con el procedimiento MIXED del SAS (SAS, 1996). Considerando que no existía relación entre los progenitores empleados.

Análisis estadísticos

El desempeño promedio por patrón, de los híbridos triples (repetición dentro de localidades) fue considerado como el dato de una entrada, dando un total de diez entradas en dos localidades y dos repeticiones, a partir de esta información (el total e los cruzamientos posibles entre los cinco grupos germoplásmicos) se estimó el análisis de varianza combinado a través de localidades bajo el método IV de Griffing (Griffing,1956). Con la idea central de estimar, además del comportamiento estadístico de las combinaciones los efectos de aptitud combinatoria de los grupos germoplásmicos y la aptitud combinatoria específica de las combinaciones germoplásmicas.

Los análisis para las diferentes características fueron realizados con la rutina de programación sugerida por Zhang y Kang (2003) y fueron efectuados en SAS (SAS 1996).

El modelo estadístico empleado fue:

$$Y_{ijkl} = \mu + l_i + \beta_{j(i)} + g_k + g_l + s_{kl} + lg_{ik} + lg_{il} + ls_{ikl} + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde: Y_{ijkl} = variable de respuesta; μ =efecto de la media general; l_i = efecto de la i-ésima localidad; $\beta_{j(i)}$ = efecto de j-ésimo bloque dentro de la i-ésima localidad; g_k = efecto de la aptitud combinatoria general del k-ésimo grupo germoplasmico; g_l = efecto de la aptitud combinatoria general del l-ésimo grupo germoplásmico; s_{kl} = efecto de la aptitud combinatoria específica de la k l-ésima combinación germoplásmica ; lg_{ik} = efecto de la interacción entre la i-ésima

localidad y la aptitud combinatoria general del k-ésimo grupo germoplásmico; lg_{ij} = efecto de la interacción entre la i-ésima localidad y la aptitud combinatoria general del l-ésimo grupo germoplásmico; ls_{ikl} = efecto de la interacción entre la i-ésima localidad y la aptitud combinatoria específica de la kl-ésima combinación germoplásmica; ϵ_{ijkl} = efecto del error experimental.

Cálculo de heterosis

La heterosis fue calculada para la variable rendimiento con base a el comportamiento medio de progenitores mediante la siguiente formula:

$$H = \frac{F_1 - \bar{P}}{\bar{P}} * 100 \text{ donde:}$$

H = heterosis estimada en porcentaje

F_1 = rendimiento observado del ij-ésimo patrón heterótico

\bar{P} = rendimiento promedio estimado entre el i-ésimo y el j-ésimo grupo germoplásmico, implicados en la combinación en cuestión. Aquí los rendimientos considerados fueron los promedios de los dialélicos dentro de grupo.

El procedimiento usado para estimar la significancia de la heterosis consistió en descomponer el efecto de ACE en efectos de heterosis promedio, heterosis varietal y en heterosis específica con base a la rutina de programación propuesta por Murray *et al.* (2003).

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Primera parte, cruza simples

Antes de abordar el presente capítulo es importante señalar que en apéndice fueron incluidos los resultados obtenidos de los análisis dialélicos para las variables días a flor femenina (Cuadro A1) altura de mazorca (Cuadro A3) y prolificidad (Cuadro A5) por tener discusiones muy semejantes a las que se manejan en días a flor masculina altura de planta y rendimiento, respectivamente. Es pertinente mencionar que no se incluyen en la discusión de los dialélicos dentro de grupo, los efectos de aptitud combinatoria específica por no ser un objetivo del presente estudio, sólo se presentan cuando se hace la comparación del análisis dialélico convencional del grupo enano en contra del análisis mediante modelos multiplicativos y la interpretación del GGE “biplot”.

Los análisis dialélicos para la variable rendimiento efectuados en los cinco grupos germoplásmicos (Cuadro 4.1) muestran que los efectos estimados de ACG y ACE fueron estadísticamente diferentes en cuatro grupos, lo que permitirá la identificación de líneas y de cruza simples superiores, también indica la probabilidad de que exista gran variabilidad dentro de los grupos germoplásmicos para esta variable, esta afirmación se sustenta por la consistente mayor contribución de la suma de cuadrados de aptitud

combinatoria específica en relación a la de aptitud combinatoria general en todos los grupos.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable rendimiento en cinco grupos germoplásmicos.

GRUPOS	Ideotipo ¹		Enano ¹		Exótico ¹		Tropical ²		QPM ²	
	gl		gl		gl		gl		gl	
Localidades	4	223.66**	4	400.18**	4	552.14**	1	174.61**	1	526.38**
Rep(loc)	5	80.72**	5	5.42	5	40.80**	2	8.34	2	0.42
Cruzas	27	20.51**	27	16.35**	35	15.31**	20	12.03	44	9.63**
ACG	7	22.46**	7	28.63**	8	30.31**	6	10.56	9	10.78**
ACE	20	19.49**	20	11.72**	27	10.25*	14	11.11	35	9.50**
CruzasxLoc	108	6.91*	108	5.12	140	8.34	20	10.67	44	4.77
ACGxLoc	28	8.25*	28	6.41	32	13.92**	6	12.71	9	5.55
ACExLoc	80	6.44	80	4.87	108	6.16	14	9.15*	35	4.32
Error	94	4.89	108	4.72	120	6.53	33	7.75	76	3.83
CDDG		18.11		14.09		10.94		26.70		29.18
Media		13.10		12.45		12.52		12.33		12.04
EE media		0.80		0.75		0.93		1.39		0.98
σ^2_A		0.04		0.51		0.35		-0.27		0.00
$EE\sigma^2_A$		0.41		0.47		0.41		0.65		0.36
σ^2_D		1.30		0.68		0.41		0.33		1.30
$EE\sigma^2_D$		0.60		0.36		0.28				0.61
h^2		0.02		0.30		0.24		-0.16		0.00
EEh^2		0.20		0.27		0.27		0.38		0.15

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ² datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado; CDDG = coeficiente de determinación de diversidad genética; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia; h^2 = heredabilidad.

Esto último aunado al promedio de rendimiento (12.49 t h⁻¹) reportado por las cruzas simples permite considerar que los grupos muestran un buen desempeño para la manifestación de esta variable, especialmente el grupo ideotipo (13.10 t h⁻¹) lo que lo hace candidato a que se explore la factibilidad de ser explotado en forma *per se*.

Cuando la interacción genotipo ambiente fue significativa indica que los progenitores así como las cruzas de este grupo no mantuvieron una producción relativamente igual en los cinco ambientes de evaluación, en teoría esto reduce el progreso de la selección al ser una fuente de variación que sesga la correcta elección de los genotipos superiores (Gauch y Zobel, 1996; Kang y Magary, 1996).

Con respecto a los tipos de acción génica estimados, sólo los grupos de maíz enano y exótico poseen cantidades considerables de genes con acción aditiva para el rendimiento, ocasionando que ambos grupos exhiban una heredabilidad mayor al resto de los grupos (0.24 y 0.30 respectivamente). Lo anterior puede ser atribuible a que son los grupos que han pasado por más ciclos de selección recurrente (según información del programa de mejoramiento del IMM) concordando con Melchinger y Gumber (1998) que afirman que si se identifica un grupo heterótico con varios ciclos de selección difícilmente se detectará otro que iguale su capacidad. El resto muestra valores de heredabilidad muy cercanos a cero, que es lo que ordinariamente se reporta para caracteres que son controlados por varios genes como el rendimiento (Jugenheimer 1981).

Una herramienta científicamente aceptada para verificar la precisión de los estimados es el valor del error estándar (EE), en lo que a las medias estimadas para cada grupo se refiere, en general los valores más bajos

correspondieron a los primeros tres grupos (ideotipo 0.80; enano 0.75; y exótico 0.93) debido a que fueron evaluados en cinco ambientes, mientras que los valores mostraron ser más altos en los grupos tropical (1.39) y QPM (0.98) atribuible a que fueron evaluados sólo en dos ambientes.

En cuanto al coeficiente de determinación de diversidad genética del modelo con relación a la varianza total del miso, indica que el grupo QPM es quien tiene mayor diversidad genéticas seguido en orden decreciente por los grupos, tropical, ideotipo, enano y exótico con un rango que se mueve de 29.18 a 10.94% y un promedio 19.80%, estos niveles de proporción genética son numéricamente más altos que los reportados por Yan *et al.* (2000) en otras investigaciones, lo que puede ser atribuido a la diversidad de las líneas de cada grupo.

Para capitalizar la variabilidad genética en la formación de combinaciones dentro de grupos se recomienda analizar cuidadosamente los resultados del Cuadro 4.2, donde se resumen los efectos de ACG por línea.

En el Cuadro 4.2 los grupos ideotipo y exótico muestran dos líneas, aportando efectos positivos y estadísticamente significativos al rendimiento (líneas 4 y 8 del ideotipo y las líneas 4 y 5 del exótico) en tanto que los grupos enano y QPM sólo poseen una línea con estos atributo siendo las líneas 1 y 7 respectivamente; se sugiere hacer cruzamientos dirigidos entre ellas puesto que de su combinación se espera obtener híbridos con un prometedor desempeño.

Se debe considerar que la información de aptitud combinatoria general funcionará preferentemente con miembros de la población donde se realizó su estimación. Es importante entender esa situación puesto que al querer hacer aplicación de esta propiedad con materiales de otra población la respuesta podría no ser la esperada.

Cuadro 4.2. Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable rendimiento de las líneas representativas de cada grupo a través de ambientes.

Líneas	Grupo ideotipo ¹	Grupo enano ¹	Grupo exótico ¹	Grupo tropical ²	Grupo QPM ²
1	0.24	1.62 **	0.23	0.55	0.32
2	-0.50	-0.48	-0.30	-0.14	0.39
3	-0.35	-0.31	-0.31	-0.08	0.44
4	0.97 **	0.29	0.82 *	-1.58 *	-0.02
5	-1.04 **	-0.26	0.69 *	0.47	-0.09
6	0.28	-0.77 **	0.09	-0.07	-0.43
7	-0.41	0.38	-1.72 **	0.84	0.69 *
8	0.82 **	-0.48	0.07		0.64
9			0.61		-0.70 *
10					-1.23 **

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ² datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado.

Los días a floración es otro de los rasgos de interés agronómico en que los fitomejoradores centran la selección, con la idea de generar híbridos que tengan la madurez adecuada, ya sea para el uso final del producto o bien para que se ajusten a los sistemas de producción de la región donde se desea

explotar. Por estas razones se incluyen los resultados del análisis dialélico aplicado a los días a floración masculina, en cada uno de los cinco grupos.

Un resumen de estos resultados se presenta en los Cuadros 4.3 y 4.4. En una breve interpretación se debe resaltar que el tipo de acción de los genes que gobiernan esta variable agronómica es mayormente del tipo aditivo, lo que

Cuadro 4.3. Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable días a flor masculina en cinco grupos germoplásmicos.

GRUPOS	Ideotipo ¹		Enano ¹		Exótico ¹		Tropical ²		QPM ²	
	gl		gl		gl		gl			
Localidades	4	6046.68**	4	6441.74**	4	8706.70**	1	9069.27**	1	20418.86 **
Rep(loc)	5	31.44**	5	12.75	5	53.03**	2	29.15 *	2	146.18 **
Cruzas	27	31.44**	27	11.46*	35	16.69**	20	27.94**	44	37.17 **
ACG	7	68.87**	7	30.31**	8	36.35**	6	7.14**	9	128.77 **
ACE	20	7.98	20	4.13	27	10.35	14	1.05	35	11.29
CruzasxLoc	108	6.11	108	5.51	140	8.51*	20	4.84	44	15.29
ACGxLoc	28	11.40**	28	8.57	32	17.08**	6	5.95	9	43.29 **
ACExLoc	80	4.23	80	4.27	108	6.15	14	4.48	35	7.13
Error	94	6.30	94	7.25	120	5.96	33	9.13	78	7.84
CDDG		3.21		1.13		1.56		5.54		6.92
Media		83.86		83.47		85.16		93		86.90
EE media		0.91		0.93		1.45		1.62		1.40
σ^2_A		1.79		0.73		0.43		3.61		5.08
$EE\sigma^2_A$		1.09		0.48		0.49		2.20		3.63
σ^2_D		0.38		0.01		0.42		0.85		1.04
$EE\sigma^2_D$		0.25		0.14		0.28		0.62		0.78
h^2		0.66		0.60		0.27		0.69		0.56
EEh^2		0.40		0.40		0.30		0.42		0.40

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ² datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado; CDDG = coeficiente de determinación de diversidad genética; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia; h^2 = heredabilidad.

origina estimados de heredabilidad en promedio sea de un valor superior al 0.5.

Para el fitomejorador esta información es importante.

Los efectos de aptitud combinatoria general en todos los grupos son estadísticamente diferentes ($P \leq 0.01$), lo que facilitará la elección de

progenitores de acuerdo a la región donde se va explotar el híbrido, ya que por las condiciones de la región o el tipo de explotación algunos productores prefieren materiales lo más precoz posible, mientras que otros en donde la estación de crecimiento es larga y no ocupan el terreno con otros cultivos, prefieren los de ciclo completo o tardíos que normalmente rinden más.

El efecto de la interacción genotipo ambiente (IGA) indica que cuando esta es significativa la selección requerirá del auxilio de herramientas que consideren los efectos de la IGA en el análisis, para ello se deben utilizar los modelos multiplicativos que se diseñaron con este fin y que han demostrado su efectividad en trabajos reportados por Zobel *et al.* (1988), Yan *et al.* (2000) y Vargas *et al.* (2001).

El grupo germoplásmico con el promedio más bajo para floración masculina es el enano (83.47) y el más tardío es el tropical (93.00). A excepción del exótico los valores de heredabilidad son superiores al 0.6, lo que indica que pueden ser potenciales donadores para mejorar ese comportamiento. En cuanto al coeficiente de determinación de diversidad genética con relación a la varianza total, los resultados indican que el grupo QPM es el que tiene mayor diversidad genética, seguido en orden decreciente por los grupos, tropical, ideotipo, exótico y el enano con un rango que se mueve de 6.92 a 1.33 %, la baja variabilidad dentro de grupos sugiere que es importante pensar en inyectar variabilidad genética.

Los resultados del Cuadro 4.4 muestran que más de la mitad de las líneas de los cinco grupos tienen efectos de aptitud combinatoria general estadísticamente diferentes de cero, las líneas que portan los valores más bajos de los efectos de ACG se pueden usar como fuentes donadoras de precocidad, y si además portan buenos efectos para rendimiento son la mejor opción para el fitomejorador, como por ejemplo, las líneas 8 y 4 del grupo ideotipo; la línea 5 del grupo exótico las que son favorablemente diferente de cero, en ambos caracteres.

Cuadro 4.4. Valores estimados de aptitud combinatoria para la variable días a floración masculina de las líneas representativas de cada grupo a través de ambientes.

Líneas	Grupo ideotipo ¹	Grupo enano ¹	Grupo exótico ¹	Grupo tropical ²	Grupo QPM ²
1	0.16	-0.21	-0.76 *	2.34 **	-2.90 **
2	-0.06	-0.73 *	-0.27	-0.22	-1.11 *
3	0.23	0.71 *	-0.19	-0.03	-1.48 **
4	-1.48 **	0.20	-0.19	0.92	1.69 **
5	0.69 *	-0.83 *	-0.66 *	-0.64	-0.86
6	0.66	-0.57	0.51	1.25	-1.44 **
7	1.67 **	-0.10	0.87 **	-3.64 **	-0.67
8	-1.88 **	1.53 **	-0.87	2.34 **	0.33
9					2.98 **
10					3.47 **

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ²datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado.

La altura de planta es otro de los rasgos prioritarios en los criterios de selección que los fitomejoradores manejan para darles la mejor apariencia fenotípica posible a los híbridos, además de que está directamente asociada al

rompimiento de los tallos y al acame de raíz. En el presente trabajo también se analizó esta variable, los resultados obtenidos por los cinco grupos germoplásmicos se reportan en el Cuadro 4.5.

Cuadro 4.5. Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable altura de planta en cinco grupos germoplásmicos.

GRUPOS	Ideotipo ¹		Enano ¹		Exótico ¹		Tropical ²		QPM ²	
	gl		gl		gl		gl		gl	
Localidades	4	19261.34**	4	10129.98**	4	37104.82**	1	17977.69**	1	9169.64 **
Rep(loc)	5	3083.90**	5	344.51	5	1710.68**	2	448.11	2	3930.54 **
Cruzas	27	851.73**	27	1118.10**	35	1141.46**	20	694.04 *	44	664.19 **
ACG	7	1512.43**	7	232.61**	8	3649.61**	6	1684.86**	9	1374.19 **
ACE	20	627.46**	20	680.81**	27	382.38**	14	218.94	35	494.15
CruzasxLoc	108	315.21*	108	290.61	140	275.35*	20	234.01	44	262.39
ACGxLoc	28	279.98	28	424.03	32	309.68*	6	109.64	9	462.52 **
ACExLoc	80	329.28*	80	227.94	108	264.35	14	291.71	35	203.01
Error	94	212.69	94	282.86	120	200.99	34	321.17	77	263.65
CDDG		13.57		23.15		15.39		28.71		37.42
Media		212.36		152.43		207.99		211.00		202.70
EE media		5.27		5.82		5.16		9.52		8.12
σ^2_A		31.14		48.19		92.05		109.87		38.79
$EE\sigma^2_A$		24.77		37.33		46.78		56.93		39.14
σ^2_D		29.82		45.29		11.80		-12.33		72.78
$EE\sigma^2_D$		19.60		20.83		10.66		21.49		31.05
h^2		0.34		0.44		0.70		0.78		0.23
EEh^2		0.27		0.31		0.36		0.41		0.23

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ² datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado; CDDG = coeficiente de determinación de diversidad genética; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia; h^2 = heredabilidad.

Todos los grupos tienen diferencia estadística ($P \leq 0.01$) para los efectos de ACG, deduciéndose que las posibilidades de elegir progenitores que hereden información genética deseable de acuerdo a los intereses del fitomejorador son altas. Los efectos de ACE indican que los cruzamientos de los grupos ideotipo enano y exótico tienen diferente comportamiento para este efecto ($P \leq 0.01$) y el QPM ($P \leq 0.05$) probablemente atribuible a la

considerable diferencia genética existente dentro de estos grupos para la variable en cuestión.

El grupo germoplásmico que presentó el valor más bajo para altura de planta fue el enano (152.43 cm), por su parte el grupo ideotipo presenta el promedio más alto (212.36 cm), estos resultados deben ser tomados con cautela, pues se podría pensar que un buen donador para plantas bajas sería el grupo de maíz enano, sin embargo, hay que considerar que el gene que controla este carácter es recesivo y para manifestarse debe estar en condición homocigota, caso que jamás sucedería al cruzarse con plantas normales.

En general, la varianza genética aditiva es de mayor importancia en el control de este carácter a excepción del grupo QPM donde la varianza de dominancia fue mayor. El coeficiente de determinación de diversidad genética de esta variable oscila entre el 37.42 y 13.57 % lo que es indicador de que existen amplias alternativas de éxito para diseñar híbridos con alturas específicas.

El Cuadro 4.6 muestra los valores estimados de aptitud combinatoria general, notándose que la línea 7 del grupo tropical es estadísticamente diferente de cero, tendiendo a dar progenies con baja altura de planta. Algo similar sucede con la línea 1 del grupo QPM, aunque su estimado para el efecto de ACG estadísticamente no es diferente de cero. De acuerdo a la evaluación de los ambientes la línea 8 del grupo ideotipo tiende a heredar plantas altas.

Los buenos atributos genéticos para esta variable que caracterizan a las líneas 7, 1; y 8 de los grupos tropical, QPM e ideotipo respectivamente, sugieren analizar su comportamiento para las otras variables antes de recomendarlos como potenciales progenitores de nuevos híbridos.

En atención al primer objetivo, los resultados indican que en los cinco grupos existe suficiente variabilidad genética para tener expectativas de éxito en todos los rasgos agronómicos evaluados, sobretodo para las variables altura de planta y mazorca, rendimiento y prolificidad donde los valores de los coeficientes de determinación de diversidad genética son más altos que para los estimados en días a floración masculina y femenina.

Cuadro 4.6. Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable altura de planta de las líneas representativas de cada grupo a través de ambientes.

Líneas	Grupo Ideotipo ¹	Grupo Enano ¹	Grupo Exótico ¹	Grupo tropical ²	Grupo QPM ²
1	-7.06 **	12.33 **	3.92 *	-11.54 **	-4.39
2	-6.06 **	-8.58 **	4.52 *	10.31 *	0.50
3	3.66	-1.64	-2.74	8.71 *	-10.00 **
4	6.90 **	6.30 **	7.27 **	4.61	14.46 **
5	1.29	-2.54	-13.62 **	0.91	-4.97
6	-2.13	-5.87 **	0.57	2.11	0.08
7	-3.76	-2.82	-9.47 **	-15.14 **	4.73
8	7.12 **	2.82	-3.46		-1.99
9			13.01 **		3.42
10					-1.85

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ²datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado.

En el manejo futuro de los grupos germoplásmicos se sugiere estar realizando continuamente selección recurrente cuando el caracter en cuestión

sea controlado mayormente por genes de acción aditiva y selección recíproca recurrente entre pares de grupos tratando de enriquecer su comportamiento heterótico y mejorando su desarrollo por si mismos. Además, es recomendable estarles inyectando material élite para incrementar el coeficiente de diversidad genética dentro de cada grupo con un cuidadoso monitoreo del nuevo material.

Análisis dialélico con el enfoque del “biplot” GGE

Se utilizaron los datos del grupo enano por ser el grupo que mejor representa a el material genético del Instituto Mexicano del Maíz “Dr Mario E. Castro Gil”. El resto de los análisis se presentan en las figuras A1, A2, A3, Y A4, correspondientes a los grupos ideotipo, exótico, tropical y QPM, respectivamente.

La Figura 4.1 corresponde a el “biplot” GGE para los datos del dialélico del grupo de maíz enano, la cual explica el 74 % del total de las dos fuentes de variación involucradas (los efectos de líneas y líneas x probadores), 48 y 26 % corresponden al primer y segundo componente, respectivamente.

Los efectos de aptitud combinatoria general son representados por las distancias que ocupan las líneas con relación a la ordenada generada por la posición del promedio de los probadores (O). Según lo reportado por Yan y Hunt (2002), de tal forma que las líneas quedarían ordenadas de la siguiente manera línea 1 > 7 ≈ 4 > 3 ≈ 5 ≈ 2 > 6 ≈ 8 lo que es muy consistente a lo

estimado de la manera convencional como se puede constatar en el Cuadro 4.7 donde el orden fue el siguiente, $1 > 7 \approx 4 > 5 \approx 3 \approx 2 > 6 \approx 8$ con la ventaja de que la representación gráfica es más sencilla de interpretar, lo cual facilita el entendimiento y la interpretación de los resultados.

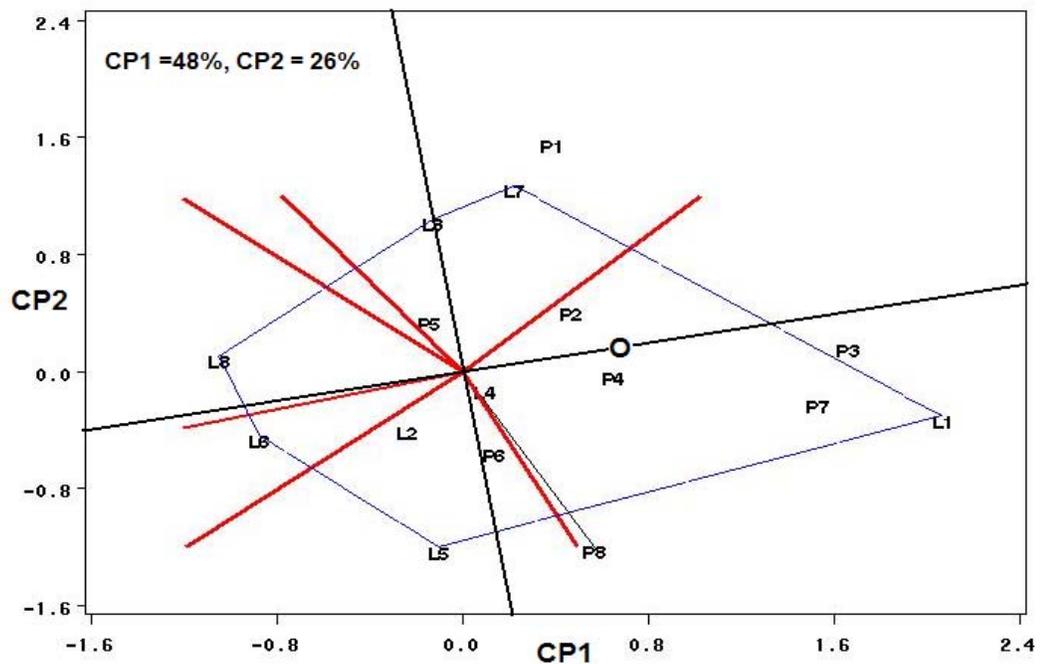


Figura 4.1. Biplot del dialéctico para el promedio de rendimiento del grupo enano evaluado en cinco ambientes. L = líneas; P = probadores; CP1 y CP2 = al primer y segundo componente principal, respectivamente; O = coordenadas del probador virtual.

La aptitud combinatoria específica vista como la tendencia a producir descendencia híbrida con desviaciones de los valores reproductivos de los progenitores puede ser interpretada en esta figura por los ángulos que se forman entre las líneas con respecto al origen, donde ángulos menores de 45° indican que hay pocos efectos ACE y ángulos cercanos a los 90° son

indicadores de altos efectos de ACE como son los casos de las combinaciones, 1x7, 1x3, 8x5, 7x8, 3x8, y 5x1 resultados que son altamente consistentes con lo obtenido con el análisis tradicional (Cuadro 4.7).

Además de lo anterior, con los sectores que se forman en el polígono se hace posible predecir cuales combinaciones híbridas muestran el mejor desempeño, al asociar material de la esquina de cada sector con los probadores más cercanos dentro del mismo, por ejemplo, el sector que tiene por esquina a la línea 1 muestra que ésta combina bien con las líneas P7, P3, P4, P8 y con P2; mientras que el sector que tiene en la esquina a la línea 7 sugiere que combina bien con las líneas P1 y P5; el sector que forma la línea 5 indica que combina bien con la línea P8; al verificar estas predicciones con los datos originales (Cuadro 4.7) la coincidencia es muy alta.

Cuadro 4.7. Resumen de valores estimados de aptitud combinatoria específica, aptitud combinatoria general y promedios de rendimiento de los cruzamientos dialélicos del grupo enano obtenidos mediante el análisis de Griffing.

	Probador 1	Probador 2	Probador 3	Probador 4	Probador 5	Probador 6	Probador 7	Probador 8
Línea 1	[†] 1.62 **	^{††} -0.13	1.83 **	0.15	-1.82**	-1.29	1.24*	0.01
Línea 2	^{†††} 13.40	-0.48	-0.21	-1.36*	-0.94	1.08	0.87	0.69
Línea 3	15.54	11.39	-0.31	0.00	-0.12	-0.46	0.26	-1.29
Línea 4	14.45	10.84	12.37	0.29	0.04	1.38*	-0.25	0.05
Línea 5	11.93	10.71	11.70	12.46	-0.26	0.31	0.59	1.94**
Línea 6	11.95	12.22	10.86	13.30	11.67	-0.77**	-1.17	0.15
Línea 7	15.63	13.17	12.72	12.82	13.10	10.83	0.38	-1.54*
Línea 8	13.54	12.12	10.32	12.26	13.59	11.30	10.75	-0.48

[†]= Los valores reportados en la diagonal corresponden a los estimados de aptitud combinatoria general por línea; ^{††} = los valores arriba de la diagonal corresponden a los estimados de aptitud combinatoria específica de los cruzamientos; ^{†††} = los valores debajo de la diagonal corresponden al promedio de rendimiento de los cruzamientos evaluados en cinco ambientes.

Además con este “biplot” es posible identificar qué cruzamientos mostrarán un mal desempeño, al ubicar combinaciones donde los progenitores se localizan muy distantes o en diferentes sectores, por ejemplo las combinaciones L1xP5 y L7xP6 donde las líneas están en el extremo opuesto al probador.

Algo interesante y que la manera convencional de analizar los dialélicos no logra, es que en el “biplot” se puede observar grado de asociación en atención a los grupos que forman los progenitores.

En este “biplot” las líneas identificadas P3, P7, P4, P2 y P8 quedan ubicadas en el sector que forma la línea 1 lo que aparentemente obedece a que existe una relación genética dentro de ellas, por su cercanía es muy probable que las líneas P3 y P7, P4 y P2 porten genes comunes, algo semejante sucede con las líneas P8 y P6; las que claramente se diferencia del resto son las líneas P1 y P5. Con esta clasificación se pueden lograr identificar grupos y patrones heteróticos dentro del dialélico; algo semejante hicieron González *et al.* (1997) pero por la ruta convencional.

En algunos casos las discrepancias observadas entre el análisis dialélico convencional y el enfoque “biplot” GGE pueden ser atribuibles a i) el “biplot” no explica lo mismo que el modelo convencional, ii) los dos componentes del “biplot” GGE no explican el total de la variación de las líneas y líneas por probador.

Desde el punto de vista teórico la información derivada de los “biplot”s no reúne suficiente respaldo estadístico como la metodología convencional, sin embargo, dadas las ventajas que ofrecen las figuras, es de considerarse como lo mencionan Cornelius y Crossa (1999) una herramienta muy informativa y útil en la exploración de los datos.

Con la discusión hecha de la figura “biplot” se demuestra que es posible (i) visualizar los efectos de aptitud combinatoria general de cada línea, (ii) los efectos de aptitud combinatoria por cruzamiento, (iii) la identificación de híbridos de comportamiento superior y, (iv) la tendencia a la agrupación de líneas con fondos genéticos muy similares, coincidiendo ampliamente con lo reportado por Yan y Hunt (2002).

Comparación de grupos germoplásmicos

En el presente trabajo se planteó el objetivo de generar información de las diferencias en el potencial de rendimiento entre los tres grupos germoplásmicos (enano, Ideotipo y exótico), que fueron evaluados en cinco ambientes; identificar los ambientes donde expresen su mayor adaptación; así como graficar su respuesta a la interacción, para ello se realizó primeramente un análisis de varianza, (Cuadro 4.8).

Cuadro 4.8. Cuadrados medios de la variable rendimiento de tres grupos germoplásmicos (cruzas simples) en donde se combinan ambientes¹ se incluye el comportamiento promedio de los grupos germoplásmicos y de los ambientes de evaluación.

Cuadrados medios			Promedio por grupo			Promedio por ambiente		
F V	gl	C M	Grupo	Promedio	EE	Ambiente	Promedio	EE
Loc	4	1014.12 **	Enano	12.50b [†]	0.23	Celaya 2002	15.83a	0.30
Rep (Loc)	5	18.65	Ideotipo	13.41a	0.27	Sta. Ana	15.03a	0.34
Grupos	2	39.80 *	Exótico	12.79b	0.23	Gral. Cepeda	8.81d	0.32
Grupos x Loc	8	5.75				Celaya 2003	13.75b	0.30
Error	606	11.83				El Prado	11.09c	0.30

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; [†] datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; [†]medias con la misma letra son estadísticamente de comportamiento similar; EE = error estándar.

Los resultados indican que existen diferencias estadísticas entre localidades y entre grupos germoplásmicos ($P \leq 0.01$ y $P \leq 0.05$ respectivamente), correspondiendo el mejor desempeño al grupo ideotipo, lo que coincide con los resultados del Cuadro 4.1, lo que lo hace candidato a ser considerado como variedad sintética factible de explotación comercial.

Los ambientes con mayores promedios de producción fueron Celaya 2002 y Sta. Ana, Pacueco atribuible a una mejor calidad de suelo, así como a favorables condiciones climáticas para el desarrollo del cultivo en particular durante ese ciclo.

Estos resultados crearon la pauta para analizar los patrones de respuesta de los grupos, de los ambientes y de su interacción generados con los modelos multiplicativos AMMI y SREG y sus respectivas gráficas (GE y GGE).

La Figura 4.2 corresponde al modelo AMMI₁ ahí se presentan los resultados del modelo más simple y de más apropiada interpretación biológica, donde el eje de la abscisa (X) corresponde al rendimiento y el eje de las ordenadas (Y) representa el primer componente principal debido a la interacción genotipo ambiente, el nombre de gráfica GE₁ se deriva del número de ejes empleados en el modelo Gauch (1992) que en este trabajo aporta el 67% de la varianza total de la interacción genotipo ambiente.

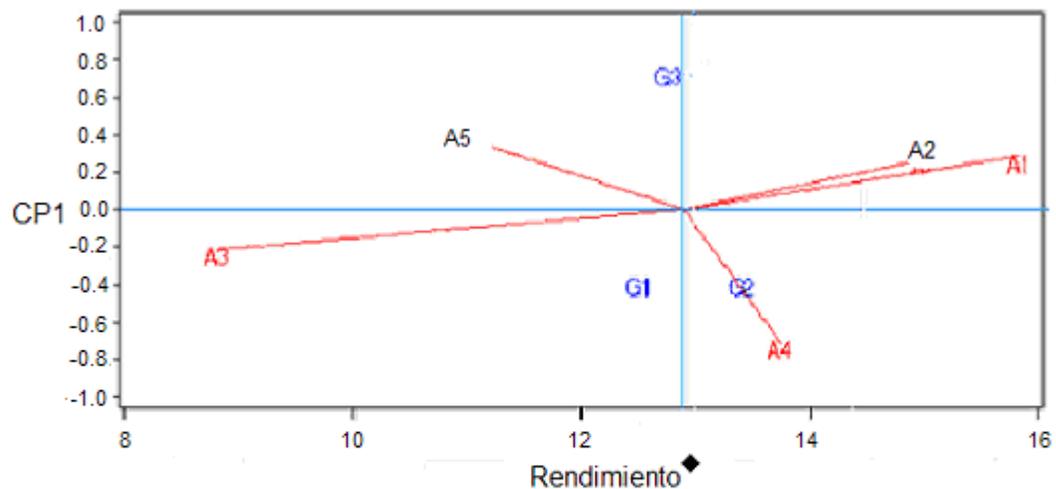


Figura 4.2. GE₁. Potencial de rendimiento e interacción genotipo-ambiente.
 ◆ = Toneladas de mazorca; CP1 = Primer componente principal; G1 = Enano; G2 = Ideotipo; G3 = Exótico; A1 = Celaya 2002; A2 = Sta. Ana; A3 = Gral. Cepeda; A4 = Celaya 2003; A5 = El Prado.

Se aprecia que los grupos germoplásmicos de maíz enano e ideotipo (G1 y G2), por su posición en relación al componente principal, de acuerdo a lo explicado por Zobel *et al.* (1988) tienen una tendencia de interacción similar, probablemente atribuible a que el grupo ideotipo fue generado a partir de material enano, ocasionando que porten genes comunes.

Por su ubicación en base al eje de las abscisas, el grupo ideotipo es el que más potencial de rendimiento muestra (coincidiendo con los resultados reportados con el modelo convencional anteriormente descrito), por el grado de asociación con el ambiente de Celaya 2003 se infiere que tiene una interacción positiva, es decir, es donde expresó su máximo potencial de rendimiento.

En lo que a ambientes se refiere de acuerdo con Gauch (1992), por su ubicación con respecto al eje de las abscisas indican que los promedios de producción son mayores para A1 y A2 y el de menor promedio corresponde al ambiente A3 lo que se ajusta estrechamente con las medias reportadas en el Cuadro 4.4, constituyendo otra ventaja de los “biplots” que según Gabriel (1971) son muy eficientes para resumir en poco espacio los patrones de respuesta de un gran número de datos con arreglo de tabla de doble entrada tal como la de genotipos por ambiente o línea por probador.

La Figura 4.3 corresponde al “biplot” originado por el modelo $AMMI_2$. En este caso particular los dos componentes principales logran representar el 100 % de la variación atribuible al efecto de la interacción genotipo ambiente.

La interpretación primeramente se enfocara hacia los ambientes con similar poder de discriminación: cuando los vectores ambientales formen ángulos cercanos o menores a los 45° con respecto al origen, indican que tienden a jerarquizar de manera similar a los materiales en evaluación, observándose dicha tendencia entre las parejas de ambientes A1 con A2

deduciéndose que es posible prescindir de uno sin perder precisión en los resultados, según lo demostraron Yan y Rajcan (2002) trabajando con ensayos multiregionales de soya.

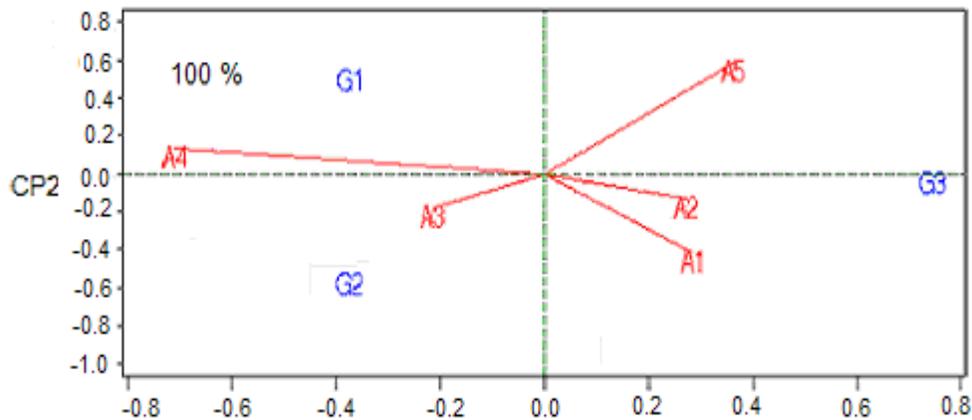


Figura 4.3. GE2. Patrón de respuesta a la interacción genotipo-ambiente. CP1 y CP2 = Primer y segundo componente principal; G1 = enano; G2 = Ideotipo; G3 = Exótico; A1 = Celaya 2002; A2 = Sta. Ana; A3 = Gral. Cepeda; A4 = Celaya 2003; A5 = El Prado.

Los vectores de ambientes con ángulos cercanos a 90° no guardan relación en la forma de ordenar los genotipos, siendo los que más interesan a los fitomejoradores, mientras los que tienen un ángulo cercano a los 180° tienden a ordenar de manera contrastante a los genotipos evaluados, dificultando la selección por tener interacción cruzada u opuesta de acuerdo a lo reportado por Crossa *et al.* (2002); este caso se presenta en los ambientes 4 y 3 contra los ambientes 1, 2 y 5.

En lo que se refiere a la interpretación de la respuesta a la interacción entre genotipos y ambientes está depende del ángulo imaginario que se forme

entre un genotipo de interés con los ambientes de evaluación, donde ángulos menores a 90° o mayores de 270° indican interacción positiva, este resultado en el presente trabajo corresponde al G3 con los ambientes A1, A2 y A5, así como a los grupos G1 y G2 con los ambientes A3 y A4.

Mientras que ángulos mayores de 90° y menores de 270° indican que hay una respuesta negativa de interacción, lo que en esta gráfica se puede ejemplificar con el G3 al evaluarse en los ambientes A3 o A4, o bien G1 y G2 evaluados en cualquier de los ambientes A1, A2 o A5. Quien ofrece una descripción a detalle de estos patrones de respuesta es Gauch (1992).

Algo particularmente interesante de este “biplot” es que el ambiente 1 y el ambiente 4 (A1 y A4) ambos correspondientes a Celaya, pero en evaluaciones del 2002 y 2003, respectivamente, muestran una clara tendencia (por el ángulo que forman) a ordenar de manera diferente a los grupos germoplásmicos, de ahí la importancia de tener evaluaciones de varios ciclos de un mismo lugar antes de tomar cualquier decisión de interés para el programa de mejoramiento o de emitir una recomendación para los productores de la región. Otra interpretación es que existe independencia entre los ambientes, es decir no existe covarianza entre ellos.

La Figura 4.4 representa una gráfica correspondiente al resultado de una modificación del modelo GGE formulada y explicada por Yan *et al.* (2000) y

Yan *et al.* (2001) (a sido denominada GGE por considerar simultáneamente en el análisis multiplicativo los efectos aditivos de los genotipos y los efectos de la interacción genotipo ambiente). Yan *et al.* (2002) enfatiza la importancia de su empleo en los programas de mejoramiento precisamente por considerar simultáneamente las dos fuentes de variación más relevantes desde el punto de vista genético.

Gráfica que permite (i) visualizar el ambiente donde cada genotipo expresa su mayor potencial, (ii) hacer comparaciones entre pares de genotipos por ambiente y (iii) tener una diferenciación de los ambientes en un mega-ambiente dado.

En dicha gráfica se aprecia un polígono (característica distintiva de este “biplot”) que en este estudio corresponde a un triángulo, resultante de unir los puntos de los grupos germoplásmicos, el polígono es dividido en tres sectores en uno de ellos, el que porta en la esquina el grupo germoplásmico ideotipo (G2) quedan incluidos cuatro de los cinco ambientes de evaluación lo que de acuerdo con lo descrito por Yan *et al.* (2002) indica que es ahí donde este grupo supera en potencial de rendimiento a los otros dos.

Esto último corrobora lo detectado en los análisis de varianza convencionales (Cuadro 4.1 y 4.8) donde el grupo ideotipo resulto ser superior estadísticamente.

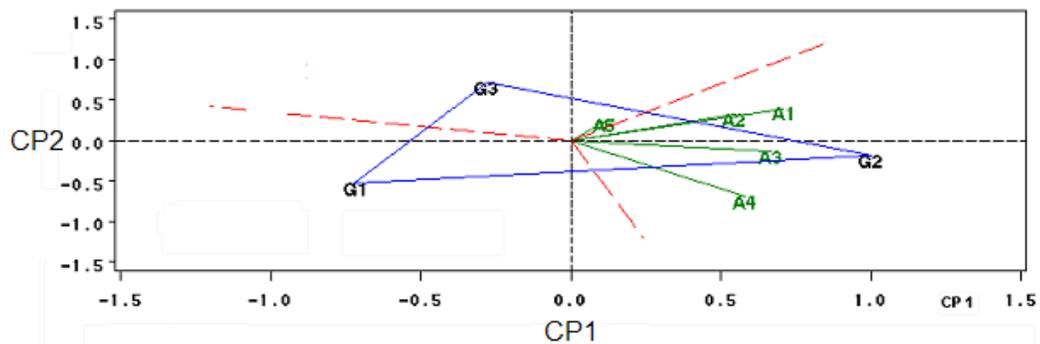


Figura 4.4. GGE. Patrón de respuesta de tres grupos germoplásmicos. CP1 y CP2 = Primer y segundo componente principal; G1 = Enano; G2 = Ideotipo; G3 = Exótico; A1 = Celaya 2002; A2 = Sta. Ana; A3 = Gral. Cepeda; A4 = Celaya 2003; A5 = El Prado.

En el sector donde se ubica el grupo exótico (G3) queda incluido el ambiente de El Prado (A5) de lo que se deduce que es el grupo germoplásmico que mejor se desempeñó en ese ambiente. Es decir, si en el programa existiera la necesidad de generar un producto mejorado para ese ambiente la mejor opción sería emplear materiales derivados de ese grupo.

En este “biplot” de acuerdo a lo explicado por Yan *et al* (2002) los genotipos y ambientes ideales son los 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 asociarse directamente con la estabilidad. De esta figura se puede mencionar que los merecedores de esta distinción son el grupo ideotipo (G2) y la localidad de Celaya 2002 (A1).

Este gráfico también ha sido empleado exitosamente en encontrar subgrupos de ambientes que no originan interacción cruzada entre los genotipos, que es la más importante para el fitomejorador, pues al estar presente este tipo de interacción limita los avances de la selección y acota los espacios de recomendación (Crossa *et al.*, 2002).

De acuerdo con Yan *et al.* (2000), cuando los vectores de los ambientes con relación al primer componente principal tienen los mismos signos, los genotipos no cambian significativamente de orden, es decir la interacción genotipo ambiente que se detecte corresponde a interacción no cruzada, siendo el resultado observado para los ambientes empleados en este trabajo indicando que son representativos del área de interés, en este caso la región de El Bajío.

Por sus ventajas, a los fitomejoradores les deberá interesar mayormente la gráfica obtenida mediante el modelo GGE dado que proporciona simultáneamente información que permite hacer inferencias de los genotipos y su respuesta a la interacción, sin embargo, cuando se desea modelar teóricamente la interacción el modelo AMMI₂ es el más indicado al dar la magnitud y el sentido de la misma, por último cuando sólo interesa observar los patrones de respuesta de un gran número de tratamientos al rendimiento y algo de su interacción es recomendable emplear la gráfica GE1 (Gauch, 1988).

Selección de las combinaciones y estimación de efectos de aptitud combinatoria general en los grupos germoplásmicos

En el cuadro 4.9 se muestran los cuadrados medios del análisis tipo dialélico realizado con base a los promedios de las cruza simples de las diez combinaciones germoplásmicas. La fuente de variación localidades muestra diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$) para todos los caracteres, lo que indica diferencia entre ambientes, originado por las condiciones climáticas, edáficas, de manejo, por la ubicación geográfica.

Cuadro 4.9. Cuadrados medios de las combinaciones entre cinco grupos germoplásmicos con base en el comportamiento promedio de cruza simples y efectos de aptitud combinatoria general para seis variables agronómicas en donde se combinan ambientes¹.

Variables		Rto.	Dfm	Dff	Ap	Am	Prol
	gl						
Localidades (Loc)	2	266.73 **	472.53 **	503.09 **	25112.66 **	10424.50 **	1049.89 **
Repetición/loc	3	0.40	0.33	0.41	81.72	42.43	60.98
Combinaciones	9	2.00 *	8.55 **	6.85 **	170.78 **	123.84 **	216.37 **
ACG	4	2.48 *	15.88 **	12.41 **	258.22 **	152.12 **	128.03 *
ACE	5	1.56	2.61 **	2.32 **	97.01 *	82.33 *	245.66 **
Combinación*localidad	18	1.08	0.73	1.18 **	126.42 **	57.91	112.19 *
ACGxLoc	8	0.98	1.18 *	1.81 **	197.85 **	94.43 *	115.67 *
ACExLoc	10	1.04	0.30	0.53	68.21	28.80	106.13 *
Error	24	0.78	0.38	0.41	34.81	30.76	48.40
Media		13.15	77.53	79.33	216.84	116.35	107.65
CV		6.70	0.79	0.80	2.72	4.77	6.46
Efectos de aptitud combinatoria general							
G. enano		0.44 *	-0.61 **	-0.50 **	-4.05 **	0.66	-2.68
G. ideotipo		-0.25	0.50 **	0.84 **	-1.22	-1.51	-0.62
G. exótico		-0.52 *	0.22	-0.11	2.56 *	5.05 **	-3.12
G. QPM		0.24	-1.25 **	-1.06 **	5.30 **	-2.91 *	3.96 *
G. tropical		0.07	1.14 **	0.83 **	-2.86	-1.30	2.46

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 , respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana y Gral. Cepeda; Rto. = rendimiento; Dfm = días afloración masculina; Dff = días afloración femenina; Ap = altura de planta; Am = altura de mazorca; Prol = prolificidad; CV = coeficiente de variación G = grupo. ACG = aptitud combinatoria general; ACE = aptitud combinatoria específica.

También se detectaron diferencias entre combinaciones ($P \leq 0.01$ y 0.05) para las seis variables analizadas lo que permitió la identificación de combinaciones superiores lo que en teoría hará factible un uso más eficiente del germoplasma, al poder realizar cruzamientos dirigidos con expectativas de generar mejores híbridos, de acuerdo con lo reportado por Dwight (1998) quien menciona que cuando se está interesado específicamente en la formación de híbridos, la identificación de heterosis entre grupos de germoplasma diferentes es de los primeros pasos rumbo al éxito.

Al desglosar el efecto de las combinaciones en efectos para ACG todas las variables mostraron diferente comportamiento estadístico, generando información para poder clasificar el potencial genético de los grupos germoplásmicos, lo que guiará al fitomejorador a detectar combinaciones complementarias; así como a identificar patrones heteróticos prometedores, por ejemplo, para rendimiento se puede inferir con atención a los resultados de aptitud combinatoria general del Cuadro 4.9 que potenciales patrones heteróticos serán la cruce del grupo enano x el grupo QPM, y el grupo enano x el tropical y la cruce del grupo tropical x QPM .

El análisis combinado detectó diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para la interacción Combinaciones por localidad para las variables días a floración femenina y altura de planta y con ($p \leq .05$) para prolificidad.

En los caracteres analizados son evidentes los bajos valores de los coeficientes de variación en las diferentes debido a que se trabajó con las medias generales de los genotipos dentro de cada combinación y no con base a los valores individuales de las cruzas dentro de combinación.

Una vez comprobada la hipótesis de que las combinaciones heteróticas no tienen el mismo comportamiento se procederá a discutir el Cuadro 4.10 donde se resumen las medias de rendimiento, asociadas a los efectos de aptitud combinatoria general, aptitud combinatoria específica y al estimado de heterosis de las combinaciones heteróticas.

Cuadro 4.10. Medias de rendimiento, efectos genéticos, heterosis de las combinaciones, versión cruza simples y predicción de su rendimiento a través de ambientes¹.

Combinación	Ren	g_i	g_j	s_{ij}	He	Ren. Pre.
enano x ideotipo	12.81 bc [†]	0.44 *	-0.25 *	-0.58 *	1	13.00
enano x exótico	13.09 abc	0.44 *	-0.52 *	0.01	5	13.13
enano x QPM	13.87 ab	0.44 *	0.24	0.03	13 **	13.47
enano x tropical	14.21 a	0.44 *	0.07	0.54 *	15 **	13.63
Ideotipo x exótico	12.89 bc	-0.25	-0.52 *	0.47	1	13.04
Ideotipo x QPM	13.63 abc	-0.25	0.24	0.44	9 *	13.37
Ideotipo x tropical	12.68 bc	-0.25	0.07	-0.33	0	12.94
exótico x QPM	12.51 c	-0.52 *	0.24	-0.37	2	12.87
exótico x tropical	12.60 c	-0.52 *	0.07	-0.11	1	12.91
QPM x tropical	13.38 abc	0.24	0.07	-0.10	9	13.19
Media	13.15					
EE de la media	0.360					

Ren = rendimiento; g_i y g_j = efectos de aptitud combinatoria general del i-ésimo y j-ésimo progenitor, respectivamente; s_{ij} = efectos de aptitud combinatoria específica; ¹ = datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta Ana y Gral. Cepeda; [†] = medias con la misma letra son estadísticamente iguales (tukey0.05); HE = heterosis; Ren. Pre. = rendimiento predicho mediante la técnica del mejor predictor lineal insesgado.

Es de resaltar que en el primer grupo estadístico se ubican tres de los cuatro posibles patrones heteróticos formados con el grupo enano, grupo con mayor potencial genético para exhibir heterosis en sus cruzamientos; el único grupo con el que no logró buena combinación es el ideotipo y esto es atribuible

a que portan genes en común dado que el origen del grupo ideotipo forma parte de la misma base genética del grupo enano, como ya se explicó en la descripción del material genético.

La principal razón del sobresaliente comportamiento en combinaciones del grupo enano, es atribuible a su fondo genético que demostró tener alta frecuencia de genes favorables para rendimiento, tanto de acción aditiva como de dominancia, debido a los ciclos de selección a que ha sido sometido, lo que en gran medida se refleja en los altos y positivos efectos de aptitud combinatoria general mostrados tanto en el dialélico dentro de grupo como en los dialélicos entre grupos (Cuadros 4.1 y 4.9), así como en los altos valores de heterosis estimados en los patrones donde interviene (Cuadro 4.10).

Atendiendo a los valores significativos y positivos estimados para heterosis, a la media observada de rendimiento y al potencial genético de los grupos germoplásmicos lo más indicado es trabajar con combinaciones de líneas que atiendan a los patrones formados entre material tropical x enano y enano x QPM con la expectativa de que serán mayores las posibilidades de éxito en la identificación de nuevos híbridos, se evitará los cruzamientos innecesarios y la evaluación de híbridos con pocas posibilidades de sobresalir, es decir, se hará más eficiente el programa de hibridación.

Esto sugiere que se les trate como grupos heteróticos a los grupos germoplásmicos de maíz enano, tropical y QPM, los cuales no fueron

desarrollados con este propósito. Sin embargo, empíricamente ya se observaba este comportamiento al analizar la respuesta heterótica y el desempeño de los híbridos formados entre el cruzamiento de líneas pertenecientes a estos grupos germoplásmicos (De León *et al.*, 1997).

La última columna del Cuadro 4.10 contiene las predicciones del comportamiento de las combinaciones germoplásmicas e indica lo que se puede esperar más allá de los rendimientos estimados, es decir, permite hacer comentarios más amplios hacia la población de referencia, tal como lo mencionan Balzarini y Milligan (2003).

Para obtener estos rendimientos predichos se empleó la técnica de modelos mixtos que no dejan de ser modelos lineales, a los que simplemente se les declaran algunos o todos los términos del modelo aleatorios, para poder estimar las varianzas de los mismos e incorporarlas en el cálculo del predictor (Cadena y Castillo, 2000). La mayor ventaja práctica es que se pueden hacer recomendaciones más precisas que las logradas con la simple media aritmética. Se incluye para cada caso el error estándar de la predicción para estimar los intervalos de confianza donde se encuentra la media verdadera.

Segunda parte, cruzas triples

Análisis de las combinaciones germoplásmicas (cruzas triples)

Como se había mencionado en el capítulo de Materiales y Métodos estos cruzamientos fueron realizados para obtener principalmente un mayor número de híbridos por cada combinación y poder generar resultados más confiables, al tener mayor cantidad de híbridos por combinación germoplásmica.

El análisis combinado (Cuadro 4.11) indica la existencia de diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) en el comportamiento de los ambientes de evaluación y de las combinaciones germoplásmicas para las seis variables agronómicas analizadas infiriéndose que esto se origina por la ubicación y por las condiciones climáticas y edáficas propias de los ambientes, así como a las diferencias en la constitución genética de las combinaciones respectivamente.

Al dividir la suma de cuadrados de las combinaciones germoplásmicas en las contribuciones de aptitud combinatoria general y aptitud combinatoria específica, es notorio que es mayor la aportación que tienen los efectos de ACG. Esto resalta la importancia relativa que juega este componente genético en la constitución de las combinaciones híbridas coincidiendo con lo reportado por Melchinger y Gumber (1998).

Cuadro 4.11. Cuadrados medios del dialélico entre cinco grupos germoplásmicos con base a cruza triples y efectos de aptitud combinatoria general para seis variables agronómicas en donde se combinan ambientes¹.

Variables	GI	Ren	Dfm	Dff	Ap	Prol	Am
Localidades	1	63.65 **	4819.35 **	4324.23 **	3577.54 **	1473.95 **	127.54 **
Repetición(loc)	2	0.01	0.72	0.35	17.61	1.66	18.90
Combinaciones	9	1.42 **	10.03 **	10.86 **	147.49 **	86.15 **	111.39 **
ACG	4	1.95 **	21.99 **	23.61 **	161.15 **	158.47 **	139.79 **
ACE	5	0.10 *	0.86	0.66 *	136.57 **	28.29	88.67 **
Comb*loc	9	0.66 *	1.60 **	1.55 **	14.44	28.09	13.21
ACGxLoc	4	1.28 **	2.94 **	2.60 **	17.91	55.69	13.90
ACExLoc	5	0.15	0.64	0.66 *	11.66	6.00	12.65
Error	18	0.26	0.35	0.28	13.52	23.48	9.50
Media		14.81	88.94	90.59	230.42	118.08	125.84
CV		3.47	0.66	0.58	1.60	4.10	2.45

Efectos de aptitud combinatoria general

G. enano	0.50 **	0.16	0.15	3.71 **	-6.33 **	2.94 **
G. ideotipo	-0.51 **	0.17	0.40 **	-1.62	0.34	0.32
G. exótico	-0.02	0.96 **	0.98 **	1.16	1.46	1.46
G. QPM	0.28 *	-2.28 **	-2.43 **	-5.54 **	2.65 *	-5.87 **
G. tropical	-0.25	0.98 **	0.90 **	2.30 *	1.88	1.15

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad a $p < 0.05$ y $p < 0.01$ respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2003 y El Prado; Rto. = rendimiento Dfm = días a floración masculina; Dff = días a floración femenina; Ap = altura de planta; Am = altura de mazorca; Prol = prolificidad.

Los efectos de la interacción combinaciones x localidades fueron estadísticamente significativos al nivel de $P \leq 0.01$ para las variables días a floración masculina y femenina y sólo al nivel de $p \leq 0.05$ para rendimiento estos valores indican que las combinaciones no mantienen el mismo orden al ser evaluados en estos ambientes. En tanto que los efectos de Comb*loc no mostraron significancia para las variables altura de planta, altura de mazorca y

prolificidad, es decir que no cambiaron de orden a través de los ambientes de evaluación.

Los efectos de interacción aptitud combinatoria por localidad indican que para las variables rendimiento y días a flor masculinos y femeninos no se presento una respuesta consistente del efecto a través de ambientes a un nivel de $P \leq 0.01$. En la interacción ACE x loc sólo se detectaron diferencias estadísticas al nivel de $p \leq 0.05$ para la variable días a floración femenino indicando falta de consistencia en el ordenamiento de las combinaciones a través de estos ambientes.

Al observar los efectos de ACG, del Cuadro 4.11, por grupo germoplásmico y variable agronómica es obvio que se detectaran diferencias significativas tanto positivas como negativas, para la variable rendimiento. El grupo con mejores efectos fue el enano seguido por el QPM con valores de 0.50^{**} y 0.28^* , respectivamente, el de peor desempeño fue el ideotipo (-0.51^{**}). El único grupo que presentó efectos favorables para todas las variables fue el QPM.

En el Cuadro 4.12 se presentan las medias de rendimiento y los efectos estimados de g_i , g_j , y s_{ij} de cada combinación donde nuevamente es evidente que tres de las cuatro posibles combinaciones del grupo de maíz enano se colocan en el grupo de comportamiento estadístico superior, coincidiendo con los resultados obtenidos a partir de cruza simples (Cuadro 4.10).

Cuadro 4.12. Medias de rendimiento, efectos genéticos, heterosis de las combinaciones versión cruza triples y predicción de su rendimiento a través de ambientes¹.

Combinación	Ren	g_i	g_j	s_{ij}	He	Ren. Pre.
enano x ideotipo	14.26 bc [†]	0.50 **	-0.51 **	-0.54 **	10 **	14.52 ± 1.29
enano x exótico	15.45 ab	0.50 **	-0.02	0.16	22 **	15.15 ± 1.29
enano x QPM	15.45 ab	0.50 **	0.28 *	-0.14	24 **	15.15 ± 1.29
enano x tropical	15.57 a	0.50 **	-0.25	0.52 **	24 **	15.22 ± 1.29
ideotipo x exótico	14.66 abc	-0.51 **	-0.02	0.37 *	13 **	14.73 ± 1.29
ideotipo x QPM	14.59 abc	-0.51 **	0.28 *	0.01	15 **	14.69 ± 1.29
ideotipo x tropical	14.20 bc	-0.51 **	-0.25	0.15	10 **	14.48 ± 1.29
exótico x QPM	15.20 ab	-0.02	0.28 *	0.13	21 **	15.02 ± 1.29
exótico x tropical	13.86 c	-0.02	-0.25	-0.67 **	10 **	14.30 ± 1.29
QPM x tropical	14.83 abc	0.28 *	-0.25	0.00	20 **	14.82 ± 1.29
Media	14.89					
EE de la media	0.257					

Rendimiento estimado de los progenitores

Enano	Ideotipo	Exótico	QPM	Tropical
12.45	13.10	12.52	12.04	12.33

Ren = rendimiento; g_i y g_j = efectos de aptitud combinatoria general del i-ésimo y j-ésimo progenitor, respectivamente; s_{ij} = efectos de aptitud combinatoria específica; [†] = datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta Ana y Gral. Cepeda; [†] = medias con la misma letra son estadísticamente iguales según Tukey; He = heterosis; Ren. Pre. = rendimiento predicho mediante la técnica del mejor predictor lineal insesgado.

Con el fin de identificar los patrones heteróticos más recomendados para la región de El Bajío, en el Cuadro 4.12 se incluyó el valor estimado y la significancia de estadística de la heterosis. Los resultados indican que todas las combinaciones exhiben efectos estadísticos significativamente diferentes de cero ($P \leq 0.01$) para la respuesta de la heterosis donde nuevamente, los valores numéricamente más altos corresponden a los patrones enano x tropical y enano x QPM con 24% de heterosis, estos resultados también concuerdan con los detectados en las cruza simples (Cuadro 4.10).

Por otro lado para magnificar la expresión de los patrones heteróticos identificados se sugiere trabajar con esquemas de selección recíproca

recurrente, como el descrito por (Hernández, 2003) consistente en trabajar a partir de líneas S_2 .

Para mejorar el desempeño de los grupos germoplásmicos se sugiere estar inyectando variabilidad, tenerlos sometidos a un programa continuo de selección recurrente donde se manejen estructuras familiares que lleven implícito en su formación el efecto de la endogamia y estar reciclando material prometedor dentro de cada grupo heterótico.

V. CONCLUSIONES

Genes con acción aditiva son más importantes en la expresión de las variables, días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, así como para mazorcas por planta en tanto que genes con acción no aditiva determinan en mayor grado la expresión del rendimiento de grano.

Para mejorar el desempeño de cada grupo germoplásmico se sugiere programas de selección recurrente entre familias S_1 o S_2 , para las variables agronómicas controladas por genes aditivos; para el rendimiento selección recíproca recurrente entre familias de hermanos completos donde los progenitores de las familias sean líneas S_2 .

De los grupos germoplásmicos el ideotipo fue estadísticamente el más rendidor con un promedio de 13.10 t ha^{-1} de mazorca. En efectos en aptitud combinatoria general para rendimiento sobresale el grupo de maíz enano, con valores estadísticamente diferentes de cero de 0.44 y 0.50 t ha^{-1} a los niveles de $P \leq 0.05$ y 0.01 para cruzas simples y cruzas triples respectivamente.

Por su clara diferenciación del resto y por sus respuestas en heterosis los grupos germoplásmicos enano, tropical y QPM se pueden considerar grupos heteróticos.

Las combinaciones germoplásmicas que se identificaron como potenciales patrones heteróticos para la región de El Bajío son las cruzas de maíz enano x tropical y enano x QPM.

Los ambientes con mejor capacidad para discriminar genotipos fueron Sta. Ana Pacheco, Gto., y el Prado N. L. Se corrobora que el ambiente más representativo en la evaluación de materiales para la región de El Bajío es Celaya Gto.

VI. RESUMEN

En el presente trabajo se exploró el comportamiento genético y agronómico de cinco grupos germoplásmicos de maíz y de sus combinaciones, a partir de evaluaciones a través de ambientes. Con los objetivos de: i) Definir las estrategias de mejoramiento, así como la clasificación de los grupos germoplásmicos por su potencialidad para ser considerados grupos heteróticos; ii) Identificar uno o más patrones heteróticos prometedores; iii) Clasificar los ambientes de evaluación.

Los grupos germoplásmicos utilizados en el estudio fueron el grupo de maíz enano, ideotipo, exótico, QPM (quality protein maize) y tropical; con adaptación a la región de El Bajío. Cada grupo fue representado por una muestra aleatoria de diez líneas. Se realizaron cruzamientos dialélicos dentro de grupos; se formaron 15 series de cruza simples para representar los dialélicos y las combinaciones germoplásmicas y 10 series de cruza triples entre grupos para representar las combinaciones germoplásmicas.

Los ensayos de rendimiento fueron establecidos de la siguiente manera: dialélicos (uno por cada grupo), evaluados en cinco ambientes durante 2002 y 2003; combinaciones germoplásmicas versión cruza simples (172 cruzamientos), evaluadas en tres ambientes durante 2002, finalmente las series

de cruza triples (1284 cruzamientos), evaluadas en dos ambientes durante 2003. Los experimentos fueron conducidos usando un diseño de bloques incompletos con arreglo de alfa-látice, las unidades experimentales fueron de un surco con 21 plantas por ambiente. En los análisis de los datos de los cruzamientos dentro de grupos y en las combinaciones germoplásmicas se emplearon los modelos lineales convencionales del dialélico, como los modelos multiplicativos “efectos principales aditivos y la interacción multiplicativa” (AMMI), y el de “regresión en los sitios” (SREG).

Se encontró que los genes de acción aditiva fueron más importantes en la expresión de las variables días a floración masculina y femenina, altura de planta y de mazorca, así como para el número de mazorcas por planta, mientras que genes con acción no aditiva controlaron en mayor grado, la expresión de la variable rendimiento de mazorca. Lo que determino recomendar programas de mejoramiento basados en selección recurrente para aquellos grupos con variables donde los genes de acción aditiva fueron más importantes y programas de selección recíproca recurrente para mejorar el rendimiento de mazorca.

Los valores de los coeficientes de determinación de varianza genética absoluta indican que en los grupos germoplásmicos existe suficiente variabilidad genética para tener expectativas de éxito. Con valores porcentuales que van desde 10.29 hasta 29.18 para rendimiento; de 13.57 hasta 37.42 para

altura de planta; y desde 16.43 hasta 42.15 para número de mazorcas por planta.

El análisis de la dispersión gráfica de los dialélicos a través de la técnica del “biplot” GGE, permitió una valiosa exploración corroborando la correlación con los resultados obtenidos de la manera convencional. En esta técnica, la interpretación es más sencilla y se pueden identificar líneas o grupos germoplásmicos con patrones de similitud en el comportamiento facilitando la identificación de combinaciones genéticas.

Se encontró que de los grupos el ideotipo fue estadísticamente más rendidor ($p \leq 0.05$). Los resultados del análisis dialélico de las combinaciones germoplásmicas indican la existencia de grupos germoplásmicos con valores favorables y diferentes de cero ($p \leq 0.05$) en aptitud combinatoria general (ACG) para rendimiento de mazorca sobresale el grupo enano, sin embargo, el único grupo germoplásmico que muestra efectos favorables en ACG para todas las variables analizadas es el QPM.

Por el comportamiento en las combinaciones, los grupos enano, QPM y tropical pueden ser considerados grupos heteróticos; de estos grupos sobresale el grupo de maíz enano por su versatilidad en las combinaciones germoplásmicas y por sus excelentes valores en aptitud combinatoria general. Las combinaciones que se consideraron útiles patrones heteróticos para la

región de Bajío son las formadas por las cruzas entre los grupos de maíz enano x maíz tropical y de maíz enano x maíz QPM.

El modelo SREG detectó como el ambiente más representativo para el área de El Bajío a Celaya, Gto., por la mayor longitud del vector con respecto al primer componente principal además de estar cercano al origen del segundo componente.

VII. LITERATURA CITADA

- Balzarini, M. and S. Milligan.** 2003. Best linear unbiased prediction (BLUP) for genotype performance. *In: Handbook of Formulas and Software for Plant Geneticists and Breeders.* M. S. Kang, (ed.). Food products Press. New York. pp:181-191.
- Bernardo, R.** 1995. Genetic models for predicting maize single cross performance in unbalanced yield trial data. *Crop Sci.* 35:141-147.
- Betran, F. J. and A. R. Hallauer.** 1996. Hybrid improvement after reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Maydica* 41:25-33.
- Bridges, W. G. and C.O Gardner.** 1987. Foundation populations for adapted by exotic crosses. *Crop Sci.* 27:501-506.
- Burgueño, J., J. Crossa and M. Vargas.** 2003. Graphing GE and GGE Biplots. *In: Handbook of Formulas and Software for Plant Geneticists and Breeders.* M. S. Kang, (ed.). Food Products Press. New York. pp:193-203.
- Burrow, M.D., and J. G. Coors.** 1994. DIALLEL: a microcomputer program for the simulation and analysis of diallel crosses. *Agron. J.* 86:154-158.
- Cadena, M. J. A. y M. A. Castillo.** 2000. Una comparación de SAS y HARVEY en la estimación de varianza en modelos mixtos. *Agrociencia* 34:57-68.
- Cornelius, P. L. and J. Crossa.** 1999. Prediction assessment of shrinkage estimators of multiplicative models for multi-environments cultivar trials. *Crop Sci.* 39:998-1009.
- Coutiño E., B., y V. A. Vidal.** 2003. Estabilidad del rendimiento de grano de híbridos de maíz usando mejores predictores lineales insesgados. *Agrociencia* 37:605-616.
- Crossa, J.** 1990. Statistical analysis of multilocation trials. *Adv. Agron.* 44:55-85.
- Crossa, J., P. L. Cornelius and W. Yan.** 2002. Biplots of linear- bilinear models for studying crossover genotype x environment interaction. *Crop Sci.* 42:619-633.

- Crossa, J., P.N. Fox, W. H. Pfeiffer, S. Rajaram, and H. G. Gauch.** 1991. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. *Theor. Appl. Genet.* 81:27-37.
- De León-Castillo, H., E. Ramírez-Rodríguez, G. Martínez-Zambrano and A. Oyervides-García.** 1997. Evaluation of heterotic patterns to develop maize hybrids for midaltitude regions of Mexico. *In: Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; An international symposium.* CIMMYT-ASA. Mexico, D. F., Mexico. pp: 92-93.
- Duvick, D. N.** 1992. Genetic contributions to yield gains of U. S. hybrid maize. *Maydica* 37:69-79.
- Dwight, T.** 1998. Heterosis: performance stability. Adaptability to changing technology, and the foundation of agriculture as a business. *In: Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants.* Lamkey, K. R., and J.E. Staub (eds). Madison, Wisconsin. Pp:13-27.
- Falconer, D. S.** 1980. *Introducción a la Genética Cuantitativa.* C.E.C.S.A. Eds. Mexico D. F. 430 p. Traducido al español por Márquez S. F.
- Gabriel, K. R.** 1971. The biplot graphical display of matrices with applications to principal components analysis. *Biometrika* 58:453-467.
- Gardner, C. O., and S. A. Eberhart.** 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics* 22:439-452.
- Gauch, H. G.** 1988. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics* 44:705-715.
- Gauch, H. G.** 1992. *Statistical Analysis of Regional Yield Trials: AMMI Analysis of Factorial Designs.* Elsevier Science Publishers, USA. 278 p.
- Gauch, H.G. and R.W. Zobel.** 1996. AMMI analysis of yield trials. *In Genotype-by-Environment Interaction.* M.S. Kang and H.G. Gauch (eds.). CRC Press, Boca Raton, FL. pp:1-40.
- Guerrero, Ch. R.** 2002. Comparación de dos metodologías para la predicción del comportamiento de híbridos y estimación de parámetros genéticos en una población enana de maíz. Tesis de maestría en ciencias. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coahuila. 63 p.
- Goldman, I. L.** 1998. From out of old fields comes all this new corn: An historical perspective on heterosis. *In: Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants.* Lamkey, K. R., J. E. Staub (eds). Madison, Wisconsin. pp:1-12.

- Gollob, H. F.** 1968. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika* 33:73-115.
- González, S., H. Córdova, S. Rodríguez, H. De León y V. M. Serrato.** 1997. Determinación de un patrón heterótico a partir de la evaluación de un diallelo de diez líneas de maíz subtropical. *Agronomía Mesoamericana* 8:1-7.
- Griffing, B.** 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9:463-493.
- Hallauer, A. R. and J. B. Miranda.** 1981. *Quantitative Genetics in Maize Breeding.* Iowa State University Press, U. S. A. 468p.
- Hallauer, A. R., W. A. Russell and K. R. Lamkey.** (1988). Corn breeding. *In* Corn and Corn Improvement. Third edition. G. F. Sprague, J. W. Dudley (eds). ASA-CSSA-SSSA, Madison, Wisconsin, USA. pp: 453-564.
- Henderson, C. R.** 1975. Best linear unbiased prediction under a selection model. *Biometrics* 31:423-447.
- Hernández, S. S.** 2003. Selección recíproca recurrente modificada, implicando una población de maíz enano y otra precoz. Tesis de maestría en ciencias. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coahuila. 74 p.
- Jugenheimer, R. W.** 1981. Maíz variedades Mejoradas. Métodos de Cultivo y producción de semilla. Trad. R. Piña G. Ed. Limusa, Mexico. 841 pp.
- Kang, M. S. and R. Magary.** 1996. New developments in selecting for phenotypic stability in crop breeding. *In* Genotype-by-Environment Interaction. M.S. Kang and H.G. Gauch (eds.). CRC Press, Boca Raton, FL. pp:1-14.
- Lamkey, K. R. and A. R. Hallauer.** 1987. Heritability estimated from recurrent selection. *Experiments in maize.* *Maydica.* 32:61-72.
- Melchinger, A. E., and R.K. Gumber.** 1998. Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. *In: Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants.* Lamkey, K. R., and J.E. Staub. (Eds). 1998. Madison, Wisconsin. pp:29-44.
- Michellini, L.A. and A.R. Hallauer.** 1993. Evaluation of exotic and adapted maize germplasm crosses. *Maydica* 38:275-282.

- Mickelson, H. R., H. Cordova, K. V. Pixley and M. S. Bjarnason.** 2001. Heterotic relationships among nine temperate and subtropical maize populations. *Crop Sci.* 41:1012-1020.
- Miranda, F. J. B.** 1997. Inbreeding and Heterosis. *In: Book of abstracts. The genetics and exploitation of heterosis in crops. An international symposium. CIMMYT-ASA. Mexico, D. F., Mexico.* pp: 12- 13.
- Moreno-González, J., J. Crossa and P. L. Cornelius.** 2003. Additive main effects and multiplicative interaction model: II. Theory on shrinkage factors for predicting cell means. *Crop Sci.* 43:1976-1982.
- Murray, L. W., I. M. Ray and A. Segovia-Lerma.** 2003. Clarification and reevaluation of population-based diallel analyses: Gardner and Eberhart analyses II and III revisited. *Crop Sci.* 43:1930-1937.
- Organización de las naciones unidas para la agricultura y la alimentación.** 2004. Record en la producción mundial de cereales (en línea). Disponible en <http://www.fao.org/newsroom/es/news/2004/51844/> (revisado 15 de enero de 2005)
- Ron-Parra, J., and A. R. Hallauer.** 1997. Utilization of exotic maize germplasm. *Plant Breed. Rev.* 14:165-187.
- SAS Institute.** 1996. SAS User's Guide: Statistics. 6.11th ed. SAS Inst. Cary, NC. 956 p.
- Sánchez G., J. J.** 1995. El análisis biplot en clasificación. *Revista Fitotecnia Mexicana.* 18:188-203.
- Searle, S.R.** 1987. *Linear Models for Unbalanced Data.* John Wiley and Sons, Eds. New York. 235p.
- Soenegas, P., B. Ordás, R. A Malvar, P. Revilla y A. Ordás.** 2003. Performance of flint maize in crosses with testers from different heterotic groups. *Maydica* 48:85-91.
- Stroup, W. W.** 1989. Why mixed models? *In: Applications of Mixed Models in Agriculture and Related Disciplines, Southern Cooperative Series, Bull.* 343. Louisiana Agricultural Experiment Station. Baton Rouge. pp:1-8.
- Tomes, T. D.** 1998. Heterosis: performance stability adaptability to changing technology, and the foundation of agriculture as a business. *In: Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants.* Lamkey, K. R., and J.E. Staub. (Eds). Madison, Wisconsin. pp:13-27.
- Troyer, A. F.** 1999. Background of U.S. hybrid corn. *Crop Sci.* 39:601-626.

- Vargas, M., J. and J. Crossa.** 2000. The AMMI analysis and the graph of the biplot in SAS. Available on: <<http://www.cimmyt.org/biometrics>>Access: on 2000.
- Vargas, M., J. Crossa, F. A. van Eeuwijk, K. D. Saire and M. Reynolds.** 2001. Interpreting treatment x environment interaction in agronomy trials. *Agron. J.* 93:949-960.
- Vasal, S. K., G. Srinivasan, G. C. Han, and C. F. González.** 1992a. Heterotic patterns of eighty-eight white topical CIMMYT maize lines. *Maydica* 37: 319-327.
- Vasal, S. K., G. Srinivasan, S. Pandey, H. S. Córdoba, G. C. Han, and C. F. González.** 1992b. Heterotic patterns of ninety-two white topical CIMMYT maize lines. *Maydica* 37: 259-270.
- Yan, W.** 2001. GGEbiplots- a windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agron. J.* 93:1111-1118.
- Yan, W.** 2002. Singular-value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. *Agron. J.* 94:990-996.
- Yan, W., L. A. Hunt, Q. Sheng and Z. Szlavnics.** 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40:597-605.
- Yan, W., P. L. Cornelius, J. Crossa, and L. A. Hunt.** 2001. Two types of GGE for analyzing multi-environmental trial data. *Crop Sci.* 41:656-663.
- Yan, W. and L. A. Hunt.** 2002. Biplot analysis of diallel data. *Crop Sci.* 42:21-30.
- Yan, W. and I. Rajcan.** 2002. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42:11-20.
- Zhang, Y. and M.S. Kang.** 2003. Diallel-SAS: A program for Griffing's diallel methods. *In: Handbook of Formulas and Software for Plant Geneticists and Breeders.* M. S. Kang (ed). Food products Press. New York pp: 193-203.
- Zobel, R. W., M. J. Wright and H.G. Gauch.** 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388-393.

VIII APENDICE

Cuadro A1. Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable días a flor femenina en cinco grupos germoplásmicos.

GRUPOS	Ideotipo ¹		Enano ¹		Exótico ¹		Tropical ²		QPM ²			
	gl		gl		gl		gl		gl			
Localidades	4	5677.08**	4	5868.86**	4	8534.35	**	1	8359.78**	1	18133.62	**
Rep(loc)	5	34.56**	5	6.95	5	56.71	**	2	23.05	2	169.28	
Cruzas	27	24.89**	27	12.68 *	35	22.71	**	20	30.40**	44	40.97	*
ACG	7	68.44**	7	31.49**	8	71.65	**	6	65.34**	9	141.87	**
ACE	20	8.45	20	5.12	27	7.96	*	14	12.83	35	13.14	
Cruzasxloc	108	6.89	108	5.51	140	8.14		20	7.80	44	16.84	**
ACGxLoc	28	12.74**	28	9.31	32	15.26	**	6	8.16	9	49.05	
ACExLoc	80	4.75	80	4.02	108	5.92		14	7.61	35	7.78	**
Error	94	6.74	108	7.66	120	7.49		33	9.91	79	8.61	
CDDG		2.70		1.35		2.13			6.40		8.31	
Media		85.90		85.24		86.34			95		88.29	
EE media		0.94		0.96		0.10			1.69		1.47	
σ^2_A		1.73		0.70		1.55			3.46		5.47	
$Ee\sigma^2_A$		1.09		0.50		0.92			2.22		4.01	
σ^2_D		0.37		0.11		0.21			0.87		1.34	
$Ee\sigma^2_D$		0.27		0.17		0.22			0.88		0.89	
h^2		0.64		0.54		0.63			0.62		0.54	
Eeh^2		0.40		0.39		0.37			0.40		0.40	

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ² datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado; CDDG = coeficiente de determinación de diversidad genética; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia h^2 = heredabilidad.

Cuadro A2. Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable días a flor femenina de las líneas representativas de cada grupo a través de ambientes.

Líneas	Grupo Ideotipo ¹	Grupo Enano ¹	Grupo Exótico ¹	Grupo tropical ²	Grupo QPM ²
1	0.21	0.12	-0.80 *	2.11 **	-3.09 **
2	-0.34	-0.82 *	-0.48	-0.19	-0.90
3	0.57	0.61	0.60	0.10	-1.49 **
4	-1.62 **	0.26	-0.75 *	0.84	1.67 **
5	1.07 **	-0.94 **	-1.08 **	-0.65	-1.15 *
6	0.47	-0.43	0.33	1.50 *	-1.60 **
7	1.42 **	-0.31	2.02 **	-3.70 **	-0.67
8	-1.77 **	1.51 **	1.30 **		0.47
9			1.47 **		3.07 **
10					3.70 **

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ² datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado.

Cuadro A3. Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable altura de mazorca en cinco grupos heteróticos en donde se combinan ambientes.

GRUPOS	Ideotipo ¹		Enano ¹		Exótico ¹		Tropical ²		QPM ²	
	Gl	gl	Gl	gl	Gl	gl	Gl	gl	Gl	gl
Localidades	49769.213**	4	2071.84**	4	416830.11	**	1	347.98**	1	1.45
Rep(loc)	51589.947**	5	215.83	5	1185.65	**	2	138.89	2	2603.36 **
Cruzas	27 451.017**	27	357.32**	35	783.49	**	20	567.62**	44	529.97 **
ACG	7 887.150**	7	331.58 *	8	1845.31	**	6	1195.34**	9	1248.72 **
ACE	20 335.100**	20	377.57**	27	477.96	**	14	251.99	35	333.60
Cruzasxloc	108 235.544 *	108	149.83	140	277.81	**	20	273.78	44	153.74
ACGxLoc	28 221.314	28	153.52	32	362.94	**	6	280.96	9	256.26
ACExLoc	80 237.306 *	80	141.42	108	263.71	**	14	266.24	35	125.81
Error	94 161.689	108	141.28	120	134.82		33	206.92	77	164.95
CDDG		12.19		19.12		17.61		4.25		48.59
Media		110.98		73.72		114.50		108		98.26
EE media		4.59		4.11		4.23		7.64		6.42
σ^2_A		18.94		-8.84		36.23		61.90		49.04
$Ee\sigma^2_A$		14.52		6.66		24.00		41.83		34.37
σ^2_D		9.68		23.61		21.43		-2.37		51.95
$Ee\sigma^2_D$		10.76		11.60		13.05		21.60		20.72
h^2		0.36		-0.05		0.42		0.59		0.36
Eeh^2		0.28		0.18		0.28		0.40		0.25

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ² datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado; CDDG = coeficiente de determinación de diversidad genética ; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia h^2 = heredabilidad.

Cuadro A4. Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable altura de mazorca de las líneas representativas de cada grupo a través de ambientes.

Líneas	Grupo Ideotipo ¹	Grupo Enano ¹	Grupo Exótico ¹	Grupo tropical ²	Grupo QPM ²
1	-5.02 **	3.29 *	2.58	-6.64 *	-8.52 **
2	4.21 *	-1.92	2.95 *	6.99 *	13.15 **
3	2.78	1.92	-8.45 **	8.56 **	-9.29 **
4	4.83 **	3.45 *	7.47 **	2.38	6.28 **
5	-6.29 **	-1.22	-7.87 **	-1.63	-3.12
6	-3.34	-3.75 *	1.36	5.04	-0.90
7	0.01	-0.91	-4.41 **	-14.69 **	0.73
8	2.80	-0.87	7.07 **		-0.13
9			7.07 **		0.24
10					1.56

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ² datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado.

Cuadro A5. Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable prolificidad en cinco grupos germoplásmicos.

GRUPOS	Ideotipo ¹		Enano ¹		Exótico ¹		Tropical ²		QPM ²	
	gl	gl	gl	gl	gl	gl	gl	gl	gl	gl
Localidades	4	3001.24**	4	3652.83**	4	13922.29**	1	14124.48**	1	132211.22**
Rep(loc)	5	249.59	5	1451.28**	5	1519.51**	2	1359.41	2	1352.99
Cruzas	27	2059.77**	27	690.88**	35	1180.96**	20	1373.08**	44	1061.14*
ACG	7	6083.96**	7	974.13**	8	3502.47**	6	2102.18**	9	3188,28**
ACE	20	476.80	20	433.11	27	545.01	14	1035.08*	35	537.32
Cruzasxloc	108	287.45	108	343.22	140	560.16	20	597.85	44	759.46
ACGxLoc	28	435.13	28	408.51	32	853.81**	6	385.94	9	179.96
ACExLoc	80	222.99	80	309.67	108	485.58	14	695.05	35	897.23
Error	94	340.58	108	332.43	120	443.00	33	473.81	77	589.76
CDDG		42.15		16.43		17.50		38.19		29.10
Media		116.18		105.95		121.11		134		129.30
EE media		6.62		4.11		7.68		11.68		12.14
σ^2_A		179.83		15.41		73.98		91.75		210.264
Ee σ^2_A		95,80		16.67		45.37		77.07		86.44
σ^2_D		25.38		12.33		5.94		56.67		-88.98
Ee σ^2_D		14,79		13.93		15.74		73.47		60.59
h²		0.78		0.26		0.61		0.36		0.65
Eeh²		0.42		0.28		0.34		0.30		0.27

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Sta. Ana, Gral. Cepeda, Celaya 2003 y El Prado; ² datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado; CDDG = coeficiente de determinación de diversidad genética ; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia h^2 = heredabilidad.

Cuadro A6. Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable prolificidad de las líneas incluidas en cada grupo a través de ambientes.

Líneas	Grupo Ideotipo ¹	Grupo Enano ¹	Grupo Exótico ¹	Grupo tropical ²	Grupo QPM ²
1	-12.25 **	-6.67 **	-2.95	13.43 *	-1.69
2	-3.41	7.52 **	-5.28	-4.18	-9.64 *
3	-10.26 **	4.42	-7.76 **	-2.32	-7.57
4	12.53 **	-3.18	15.78 **	-8.01	5.01
5	-0.91	1.37	-3.68	-11.42 *	6.16
6	-5.74 *	-3.15	-2.16	-3.52	0.53
7	-0.77	0.80	-1.66	16.03 **	-14.38 **
8	20.81 **	-1.11	12.04 **		-8.33
9			-4.33		19.70 **
10					10.22 *

*, ** significativos a los niveles de probabilidad a $p < 0.05$ y $p < 0.01$ respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Celaya 2002, Celaya 2003 y El Prado; ² datos combinados de los ambientes Celaya 2003 y El Prado.

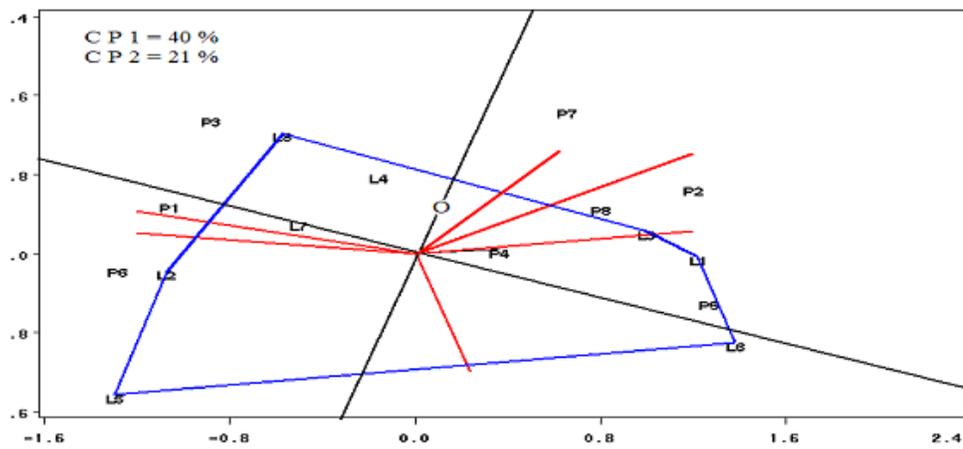


Figura A1. Biplot del dialélico para el promedio de rendimiento del grupo ideotipo evaluado en cinco ambientes. L = Líneas; P = Probadores; CP 1 y CP 2 = Primero y segundo Componente principal respectivamente; O = Coordenadas del probador virtual.

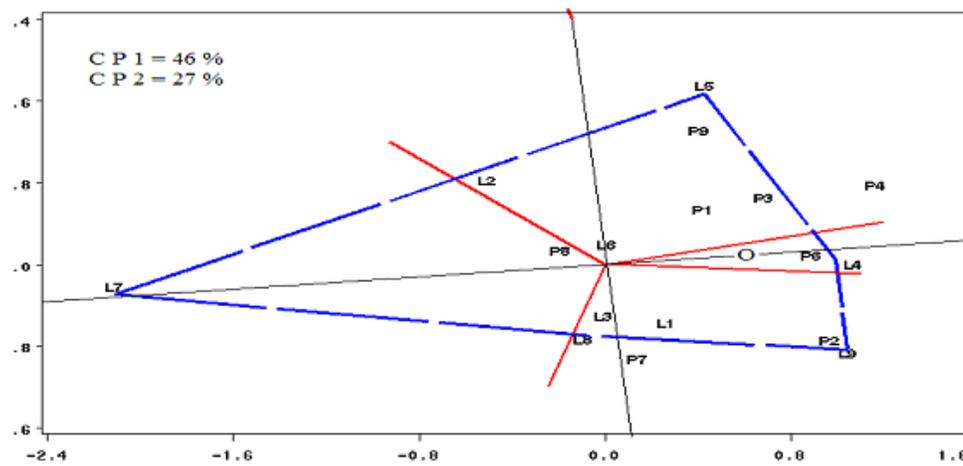


Figura A2. Biplot del dialélico para el promedio de rendimiento del grupo exótico evaluado en cinco ambientes. L = Líneas; P = Probadores; CP 1 y 2 = Primer y segundo componente principal, respectivamente; O = Coordenadas del probador virtual.

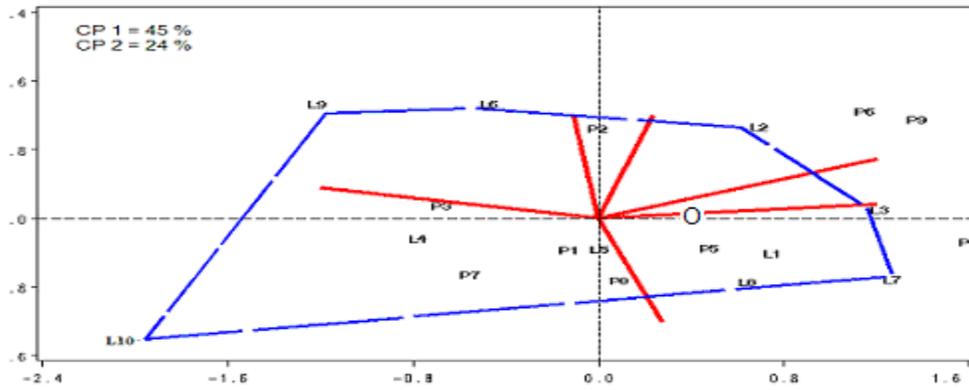


Figura A3. Biplot del dialéxico para el promedio de rendimiento del grupo QPM evaluado en dos ambientes. L = Líneas; P = Probadores; CP 1 Y CP 2 = Primer y segundo componente principal, respectivamente; O = coordenadas del probador virtual.

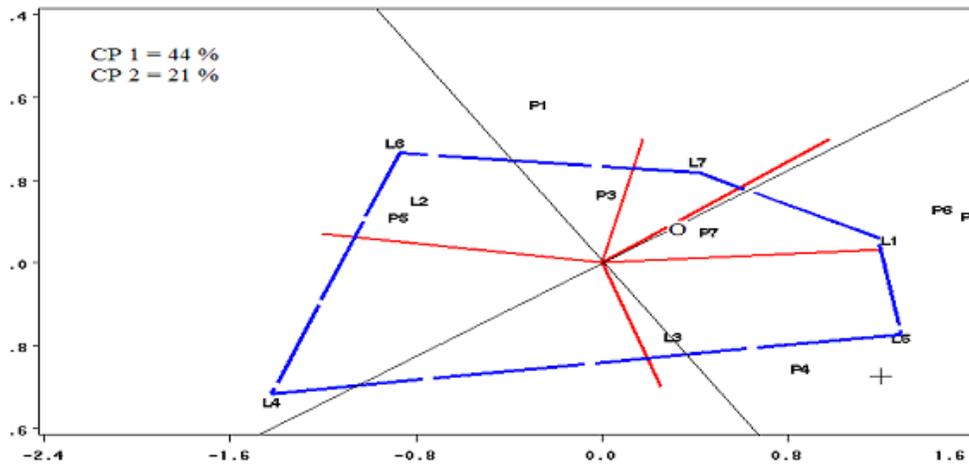


Figura A4. Biplot del dialéxico para el promedio de rendimiento del grupo tropical evaluado en dos ambientes. L = líneas; P = Probadores; CP 1 y CP 2 = Primer y segundo componente principal respectivamente; O = Coordenadas del probador virtual.