

**MEJORAMIENTO DE UN PATRÓN Y SUS RESPECTIVOS
GRUPOS HETERÓTICOS EN MAÍZ**

ALEJANDRO MONTES CALVARIO

T E S I S

**Presentada como requisito parcial
para obtener el grado de:**

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO**



Universidad Autónoma Agraria

“Antonio Narro”

PROGRAMA DE GRADUADOS

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

OCTUBRE DEL 2007

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO

**MEJORAMIENTO DE UN PATRÓN Y SUS RESPECTIVOS GRUPOS
HETERÓTICOS EN MAÍZ**

T E S I S

Por

ALEJANDRO MONTES CALVARIO

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

MAESTRO EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

Comité particular

Asesor principal:

Dr. Humberto de León Castillo

Asesor:

M.C. Daniel Sámano Garduño

Asesor:

Dr. Alfredo de la Rosa Loera

Asesor:

Dr. Eladio H. Cornejo Oviedo

Dr. Jerónimo Landeros Flores
Subdirector de Postgrado

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Octubre del 2007

AGRADECIMIENTOS

A Dios nuestro señor misericordioso, clemente, tardo a la cólera y rico en amor, gracias por brindarme salud y permitirme concluir esta empresa.

A la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Por abrirme sus puertas, alojarme durante tanto tiempo y brindarme una educación de calidad.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). Por apoyarme económicamente durante los estudios de Maestría.

Al Dr. Humberto de León Castillo. Un agradecimiento sincero al que mas que maestro ha sido mi amigo que me ha permitido conocer un poco mas del mejoramiento a través de su perspectiva gracias por transmitir su conocimiento de manera sencilla y desinteresada.

Al M. C. Daniel Sámano Garduño. Por estar en la mejor disposición en todo momento, por la paciencia, por tus enseñanzas, por tus consejos pero sobre todo por tu amistad invaluable.

Al Dr. Alfredo de la Rosa Loera. Por sus consejos, comentarios y apoyo para la elaboración de este trabajo

Al Dr. Eladio H. Cornejo Oviedo. Gracias por su valiosa colaboración.

A todos mis compañeros y amigos: Ezequiel, Ricardo, Daniel, Parga, Noé, Peña, Francisco, Luis, Miriam, Elizabeth, Lulú, Mirna, Martha, Moya, Cristina, Víctor González, Juanito, Javier, David, Melesio, Mezquitic, Carlos Lozano, Roberto Dorantes, Josué, Ada, Perches, Marco y a todos aquellos con los que compartí momentos inolvidables.

DEDICATORIA

A mis padres Rosario y J. Jesús:

Con todo respeto y amor a mis padres quienes se han esforzado en hacer de mí un hombre de bien y útil a la sociedad, quienes con su ejemplo me han mostrado el camino.

A mis hermanos:

J. Luís, Ma. Concepción, Jorge, Josefina, Arturo, Juan, Margarito, Francisca, Angelina y Santiago quienes me apoyaron en todo momento.

A mi cuñado Toño:

Por ser mi amigo, por apoyarme en todo momento y por todas tus enseñanzas.

A Yeny:

Por tu amor y comprensión porque este trabajo no es solo mío sino también tuyo por el esfuerzo y apoyo que me has dado en los momentos mas difíciles.

A mi hijo J. Alejandro:

A ti que eres la razón para superarme, que me motivas sin saber a lograr y a ser mas.

COMPENDIO

MEJORAMIENTO DE UN PATRÓN Y SUS RESPECTIVOS GRUPOS HETERÓTICOS EN MAÍZ

POR

ALEJANDRO MONTES CALVARIO

MAESTRÍA EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO, OCTUBRE, 2007

Dr. Humberto de León Castillo ---Asesor---

Palabras clave: *Zea mays* L., Selección Recíproca Recurrente, Índice de Selección, Regresión en los Sitios.

La selección recíproca recurrente es útil para mejorar patrones heteróticos y en menor medida los grupos *per se* involucrados, en este estudio se trabajó con una modificación a la propuesta original consistente en utilizar

progenitores endogámicos de grupos germoplásmicos (GG) complementarios con los objetivos de: i) Mejorar el patrón con la recombinación de líneas progenitoras de familias de hermanos completos (FHC) con desempeño agronómico superior y ii) Mejorar los grupos *per se* recomblando líneas de altos valores en aptitud combinatoria general (ACG). Para ello se formaron 222 FHC entre líneas S₂ y S₃ de los GG Enano y Tropical, cuya evaluación se realizó en tres ambientes durante el 2006, para seleccionar híbridos con potencial y estabilidad, líneas con buena ACG y clasificar ambientes por su capacidad de discriminar genotipos y representatividad del área El Bajío. Se registraron 14 variables agronómicas que se integraron en un índice de selección (IS) el cual se calculó utilizando valores genéticos para las líneas y valores fenotípicos para las FHC; la selección se basó en estos IS y se auxilió del modelo de regresión en los sitios que considera simultáneamente los efectos del IS y el IS x ambiente, identificando las líneas 22, 54, 26, 29, 4, 61 y 44, 55, 25, 45, 34, 69, 90, 26 de los GG enano y tropical respectivamente para mejoramiento del patrón. Las líneas seleccionadas para mejorar los grupos *per se* fueron: 22, 54, 10, 26, 44, 14, 29, 36, 28 y 5 del GG enano y 34, 55, 33, 63, 52, 2, 69, 93, 87 y 96 del GG tropical. La localidad más representativa del ambiente de interés fue El Prado, Galeana, N.L. quien también mostró mayor poder para discriminar líneas tropicales e híbridos; para discriminar líneas enanas la mejor localidad fue Celaya, Gto.

ABSTRACT

IMPROVEMENT OF A PATTERN AND ITS RESPECTIVE HETEROTIC GROUPS OF MAIZE HYBRIDS

By

ALEJANDRO MONTES CALVARIO

MASTER OF SCIENCE IN PLANT BREEDING

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. OCTOBER OF 2007.

Dr. Humberto de León Castillo --Adviser---

Key words: *Zea mays* L., Reciprocal Recurrent Selection, Selection Index, Sites Regression.

The reciprocal recurrent selection, is useful to improve heterotic patterns and *per se* groups in minor measure, this study it worked with an modification to the original proposal consisting in using inbred parental from the germplasm groups complementary with the following objectives: i) improve the heterotic pattern recombining inbred parent of full-sib family with high agronomic performance and ii) improve the *per se* groups recombining lines with high

values in general combining ability (GCA). Making for this a 222 FSF among the S_2 and S_3 lines of them Enano and Tropical GG were evaluated in three environments during 2006, to select hybrids with potential and stability, good GCA lines and classify environments by its capability of discriminating genotypes and representativeness of El Bajío area. 14 agronomical variables were register integrated in a selection index (SI) calculated using genetic values for lines and phenotypic values for the FSF; selection was based in these IS, supported with regression model of sites the simultaneously considers the SI effects and the SI x environment, identifying the 22, 54, 26, 29, 4, 61 and 44, 55, 25, 45, 34, 69, 90, 26 lines of the Enano groups and Tropical, respectively for the pattern improvement. The selected lines to improve *per se* groups were: 22, 54, 10, 26, 44, 14, 29, 36, 28 and 5 of the Enano GG and 34, 55, 33, 63, 52, 2, 69, 93, 87, 84 and 96 of the Tropical GG. The most representative site of the interested environment was El Prado, Galeana, N.L. who also showed highest potential to discriminate Tropical lines and hybrids; to was the best site discriminate lines from group Enano Celaya, Gto.

ÍNDICE DE CONTENIDO

ÍNDICE DE CUADROS.....	ix
ÍNDICE DE FIGURAS.....	x
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivos.....	2
Hipótesis.....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
Selección Reciproca Recurrente (SRR).....	4
Aptitud Combinatoria y Probadores.....	6
Grupos y Patrones Heteróticos.....	8
Índices de Selección.....	10
Análisis SREG y Gráficos Biplot.....	12
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	17
Metodología.....	20
Descripción de los ambientes empleados en la evaluación.....	22
Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra.....	22
Labores culturales.....	22
Datos agronómicos registrados.....	23
Ajuste del rendimiento por covarianza.....	25
Análisis estadísticos.....	26

Análisis General	26
Índice de selección.....	29
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	36
V. CONCLUSIONES.....	60
VI. RESUMEN.....	62
VII. LITERATURA CITADA	65

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 3.1. Genealogía de las líneas enanas, líneas tropicales y testigos utilizados en los ensayos de rendimiento	18
Cuadro 3.2. Características geográficas y climatológicas de los ambientes de prueba	22
Cuadro 3.3. Estructura del análisis de varianza combinado para las tres localidades	28
Cuadro 3.4. Intensidades utilizadas en cada tipo de material en las tres localidades de evaluación	32
Cuadro 4.1. Cuadrados medios de 222 cruzas de prueba entre los grupos germoplásmicos enano con tropical y cuatro testigos, evaluados en Celaya, Gto., El Prado, Galeana, N.L. y Tlahuelilpan, Hgo. durante la primavera del 2006	37
Cuadro 4.2. Cuadrados medios de líneas de maíz enano, líneas tropicales e híbridos a través de tres localidades con base al índice de selección.....	44
Cuadro 4.3. Metas utilizadas por repetición para el cálculo del índice de selección en cada variable para híbridos, líneas enanas y líneas tropicales	45
Cuadro 4.4. Concentración de líneas enanas con los mejores valores de IS evaluación hecha en el 2006.....	55
Cuadro 4.5. Concentración de líneas tropicales con los mejores valores de IS evaluación hecha en el 2006	56
Cuadro 4.6. Híbridos seleccionados en base al orden de IS, evaluación hecha en el 2006	58

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 4.1.	Biplot GGE para índices de las líneas enanas a través de las localidades.....	47
Figura 4.1A.	Ampliación del recuadro de la Figura 4.1. donde se observan los genotipos superiores por su potencial genético y estabilidad.....	48
Figura 4.2.	Biplot GGE para índices de las líneas tropicales a través de las localidades.....	49
Figura 4.2A.	Ampliación del recuadro de la Figura 4.2. donde se observan la ubicación de la línea del promedio de ambientes y los genotipos superiores por su potencial genético y estabilidad.....	50
Figura 4.3.	Biplot GGE para índices de los híbridos de líneas enanas por tropicales a través de las localidades.....	52
Figura 4.3A.	Ampliación del recuadro de la Figura 4.3. donde se observan la ubicación de la línea del promedio de ambientes y los híbridos superiores por su potencial genético y estabilidad.....	52

I. INTRODUCCIÓN

La selección recíproca recurrente (SRR) ha demostrado ser útil para mejorar el desempeño de patrones heteróticos establecidos, reportándose una menor respuesta en el mejoramiento de las poblaciones *per se*. A través del tiempo y con la idea de hacer más eficiente la estrategia original propuesta por Comstock *et al.* (1949) se han sugerido varias modificaciones, que influyen esencialmente en la forma de generar las familias, el nivel de endogamia, así como el tipo de probador.

Una de estas modificaciones ha sido propuesta por De León *et al.* (2002) quienes utilizan progenitores endogámicos de los grupos implicados, permitiendo identificar híbridos en generaciones tempranas. Considerando además que: (i) los progenitores portan mejores atributos genéticos en S_n que en S_0 ; (ii) se obtiene mayor cantidad de semilla por cada estructura familiar; (iii) se evita la endogamia al recombinar líneas no emparentadas identificadas por su pedigrí y simultáneamente; (iv) se mejoran los grupos en forma *per se*, al identificar las mejores líneas en ACG y; al seleccionar a las líneas involucradas en las mejores combinaciones híbridas se mejora el patrón heterótico.

Sin embargo, para que la elección de las mejores combinaciones sea eficiente es necesario que la evaluación de las familias de la SRR se realice en ensayos multi-regionales, siendo un requisito que los ambientes representen a un mega ambiente; de esta manera se puede explorar la relación entre los ambientes y estudiar la interacción genotipo ambiente (IGA) (Yan y Hunt 2002b).

Por otro lado, en la identificación de progenitores de mayor valor genético empleando como criterio de selección adicional, el comportamiento de la interacción del índice de selección por ambiente, permitirá identificar progenitores estables para la región de interés.

Con base en lo anterior, el presente estudio tiene como finalidad, estimar el comportamiento genético de una serie de líneas derivadas de un par de grupos que constituyen un patrón heterótico de maíz para el área de El Bajío ambos del programa de mejoramiento del Instituto Mexicano del Maíz Dr. Mario E. Castro Gil, utilizando la SRRHC propuesta por De León *et al.* (2002).

Donde se plantearon los siguientes:

Objetivos

1) Seleccionar híbridos que muestren buen comportamiento agronómico y buena estabilidad cuyos progenitores serán usados para el mejoramiento del patrón heterótico.

2) Seleccionar líneas de ambas poblaciones con base en efectos genéticos favorables, para mejorar el comportamiento *per se* de los grupos germoplásmicos (GG).

3) Clasificar los ambientes de evaluación por su capacidad de discriminar genotipos e identificar cual de estos ambientes es más representativo del área de El Bajío.

4) Explorar la interacción genotipo por ambiente y considerarla durante la selección.

Hipótesis

Las diferencias en el origen y fondo genético de los dos grupos germoplásmicos, originará una gran diversidad fenotípica y genética en las combinaciones híbridas, originando valores de aptitud combinatoria diferentes para las líneas en cada grupo.

Alguno de los ambientes de evaluación pudiera no pertenecer al mismo mega-ambiente.

El estudio del comportamiento de los genotipos a través de ambientes proporcionará información que permitirá conocer cuales serán los más estables.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Selección Recíproca Recurrente (SRR)

El mejoramiento del germoplasma por los métodos de selección recurrente se propuso para incrementar la frecuencia de alelos favorables en la(s) población(es) objetivo (Jenkins, 1940; Hull, 1945; Comstock *et al.*, 1949) estas metodologías se dividen en intra e interpoblacionales (Hallauer y Miranda, 1988). En el primer caso, el objetivo es mejorar las poblaciones *per se*, aprovechando la varianza genética aditiva; mientras que en el segundo caso, también llamado selección recíproca recurrente (SRR) se cruzan y evalúan individuos entre dos poblaciones, donde el objetivo principal es mejorar el comportamiento de la cruce seleccionando hacia varianzas aditiva y de dominancia (Comstock *et al.*, 1949).

El germoplasma a ser utilizado en la selección recurrente debe poseer la variabilidad y expresión deseable para las características de interés. En la selección del germoplasma puede utilizarse información general a cerca del comportamiento, origen, pedigrí, selección pasada, comportamiento en cruces, capacidad heterótica y parámetros genéticos poblacionales (e.g., varianza genética, heredabilidades). La respuesta heterótica y habilidad combinatoria

son factores adicionales a considerar cuando se selecciona germoplasma para selección recurrente interpoblacional (Betrán y Menz, 2004).

La selección recíproca recurrente (SRR) en maíz (*Zea mays* L.) se utiliza para desarrollar poblaciones con habilidad combinatoria superior y usualmente se asume que esas poblaciones deben ser genéticamente distintas para que la SRR sea efectiva (Butruille *et al.*, 2004).

La selección recíproca recurrente de hermanos completos (SRR-HC) tiene la ventaja adicional de ser directamente aplicable para el desarrollo de líneas endocriadas e híbridos. En este esquema se usan plantas prolíficas. Las familias de HC se hacen cruzando plantas individuales de la población A con la población B y viceversa. La segunda mazorca de esas plantas es autofecundada para producir familias S_1 . Las familias de HC son entonces probadas en ensayos de evaluación en múltiples localidades. Los materiales seleccionados S_1 corresponden a las mejores familias hermanas de dos grupos de progenies S_1 y se cruzan dentro del mismo grupo para generar nuevas poblaciones A y B para el siguiente ciclo de selección (Hallauer, 1992).

A la fecha se han propuesto varias modificaciones a la SRRHC: 1) el sistema de selección de familias S_1 basado en cruza recíprocas de familia S_1 x

S_1 (Márquez, 1982); 2) la selección de las familias S_1 basada en pruebas de cruzamientos de líneas autofecundas recíprocas sugerida por Russell y Eberhart (1975); 3) Moreno y Hallauer (1982) diseñaron un esquema combinado de S_2 y selección recíproca recurrente de HC y; 4) De León *et al.* (2002) formaron las estructuras familiares a partir de líneas S_1 y S_3 , derivadas y seleccionadas de cada grupo en lugar de plantas S_0 , con la posibilidad de encontrar en la evaluación híbridos experimentales con potencial comercial.

Aptitud Combinatoria y Probadores

La evaluación de líneas a través de híbridos, es la fase más cara y crítica en el mejoramiento del maíz, debido a que el número de líneas se incrementa en cada generación de endogamia y su evaluación en todas las combinaciones posibles no es factible.

Davis (1927) y Jenkins y Brunson (1932) sugirieron la prueba línea x variedad o probador, que se convirtió en un método ampliamente utilizado y aceptado para la evaluación del mérito relativo de líneas endocriadas en cruza, la cual da una medida de la aptitud combinatoria general (ACG) y/o comportamiento de la línea en combinación.

La elección apropiada de probadores es importante debido a que se desea incrementar la información sobre las líneas evaluadas. Por lo general, el mejorador considera varias alternativas en la elección de un probador: a)

presencia de grupos heteróticos; b) amplia vs estrecha base genética; c) alta vs baja frecuencia génica; d) aptitud combinatoria general vs específica, alto rendimiento vs bajo; e) varios probadores vs uno, etc. (Hallauer, 1975).

En general, los resultados indican que los probadores con baja ACG son mejores que los probadores de alta ACG. En años anteriores la filosofía para la elección del probador cuando se selecciona para ACG era utilizar una población de amplia base; por otro lado; cuando se selecciona para ACE se utilizaba uno de base estrecha (McLean *et al.*, 1997). Sin embargo estudios muestran que una línea como probador brinda relativamente más información para ACG que ACE (Hallauer y Miranda, 1988).

Jenkins y Bruson (1932), Matzinger (1953), Rawlings y Thompson (1962), Hallauer (1975), Hallauer y Miranda (1988), Russell *et al.* (1992) y Menz *et al.* (1999), concluyen que la elección de un probador deseable esta basada en simplicidad en su uso, habilidad para clasificar el merito relativo de las líneas, maximizar la ganancia genética, e incrementar la media de rendimiento esperada de una población generada usando variedades seleccionadas.

La creación de grupos heteróticos ha facilitado la selección de probadores. Líneas elite de grupos heteróticos opuestos generan mestizos tan variables genéticamente como cuando se utilizan probadores con pobre comportamiento. La ventaja es que se pueden identificar híbridos durante la evaluación de los mestizos (Hallauer y López, 1979).

Grupos y Patrones Heteróticos

El elemento más importante para un programa de mejoramiento es la identificación y reconocimiento del patrón heterótico. Esta identificación simplifica e incrementa la eficiencia de todas las operaciones subsecuentes (Sprague, 1984).

El concepto de patrones heteróticos tiene sus orígenes en la técnica de selección y mejoramiento delineada por Comstock *et al.* (1949) llamada selección recíproca recurrente (SRR). El concepto de grupo y patrón se sugirió para explotar sistemáticamente la heterosis en el mejoramiento.

Melchinger y Gumber (1998) definieron un grupo heterótico como “un grupo de genotipos relacionados o no, de la misma o diferentes poblaciones, los cuales muestran aptitud combinatoria y respuesta heterótica similar cuando se cruzan con otro grupo germoplásmico distinto genéticamente. En comparación, el término patrón heterótico se refiere a un par específico de grupos heteróticos los cuales expresan alta heterosis y consecuentemente un alto comportamiento híbrido en sus cruzas”.

Por otro lado, Lee (1995) define un grupo heterótico como “una colección de germoplasma el cual, cuando se cruza con germoplasma externo a este grupo (usualmente otro grupo heterótico) tiende a exhibir un alto grado de heterosis (en la media) que cuando se cruza con un miembro de este mismo grupo.” Dos grupos heteróticos recíprocos forman un patrón heterótico.

El patrón heterótico ayuda en la elección de padres para desarrollar líneas tan buenas como probadores para evaluar la aptitud combinatoria de nuevas líneas desarrolladas. Por tanto simplifica la organización y dirección del germoplasma e incluye la subdivisión en un programa de mejoramiento para híbridos en al menos dos grupos divergentes.

El agrupamiento de germoplasma en grupos heteróticos divergentes es conveniente debido a que se logra: (i) una media alta en heterosis y comportamiento híbrido, (ii) una reducida varianza en aptitud combinatoria específica (ACE) y una varianza baja en la relación ACE con ACG. Debido a lo anterior las pruebas tempranas han llegado a ser más efectivas y pueden identificar híbridos superiores y seleccionar principalmente basándose en la predicción de sus efectos de ACG (Reif *et al.*, 2005).

Melchinger y Gumber (1998) recomendaron el siguiente criterio para la identificación de nuevos patrones: (i) media alta en comportamiento y varianza genética alta en la población híbrida; (ii) buen comportamiento *per se* y buena adaptación de la población parental en el ambiente blanco y; (iii) poca depresión endogámica. Si el patrón heterótico es bien conocido, los materiales pueden clasificarse cruzándolos con probadores representativos de los grupos heteróticos opuestos.

El número de patrones heteróticos es variable y depende de la capacidad de las poblaciones para generar líneas parentales con buen comportamiento híbrido. Aun cuando es posible identificar híbridos superiores de líneas parentales dentro del mismo grupo heterótico, las posibilidades son mayores entre líneas desarrolladas de diferentes grupos heteróticos ya que el incremento en la divergencia de dos poblaciones de un patrón heterótico incrementa la probabilidad para seleccionar alelos complementarios favorables en diferentes loci (Betrán y Menz, 2004).

Índices de Selección

Las metodologías de selección empleadas en maíz por los fitomejoradores se basan normalmente en rendimiento y no siempre se obtiene el éxito deseado aun y cuando se tienen avances significativos en esta variable, se descuidan otras de importancia agronómica. La selección podría ser más efectiva si se consideran simultáneamente otros caracteres (Celis *et al.*, 1986).

En la actualidad existen varios métodos para la selección simultánea de varios caracteres, y los tres de mayor importancia son: selección en tándem, selección simultánea de caracteres independientes e índice de selección (IS) cada método tiene una eficiencia diferente y el que proporcione la ganancia genética máxima por unidad de tiempo y esfuerzo es el mejor (Hazel y Lush, 1942; Baker, 1986; Henning y Teuber, 1996).

Un índice de selección es una estrategia que permite al mejorador capitalizar simultáneamente la expresión de varios caracteres en el proceso de selección ya que por medio de este índice es posible maximizar la respuesta a la selección para un conjunto de caracteres (Cunningham, 1973).

El índice de selección es una función lineal del valor genético de dos o más características, cada una con un peso acorde con valor económico preasignado (Becker, 1985). La superioridad de la selección efectuada por el índice de selección aumenta conforme lo hace el número de caracteres que se desea mejorar (Finney, 1962)

El índice de selección puede resultar en un mejoramiento significativo en la eficiencia de la selección (Bänziger y Lafitte, 1997), ya que es un criterio para medir el mérito neto de mejoramiento de las unidades de selección (Hazel, 1943).

El uso de un índice permite superioridad marcada en un rasgo para compensar inferioridad moderada en el otro. En índices de selección, los segregantes inferiores en múltiples características se excluyen del ciclo de selección, lo cual no puede ser logrado directamente con tandem o selección truncada (Sharma y Duveiller, 2003).

Análisis SREG y Gráficos Biplot

El objetivo de los programas de mejoramiento es el desarrollo e implementación de híbridos para un ambiente blanco, con condiciones climáticas, tipo de suelo y prácticas de cultivo específicas. El comportamiento relativo de los genotipos puede cambiar a través de los ambientes, esto limita la exactitud de los estimados de rendimiento y complica la identificación de genotipos específicos para ambientes específicos (Crossa *et al.*, 1990).

Los análisis estadísticos tradicionales no son siempre efectivos al analizar efectos mayores y de interacción. El análisis de varianza (ANVA) tiene solamente un modelo aditivo e identifica la interacción como una fuente pero no la analiza. El análisis de componentes principales (ACP) es un modelo multiplicativo por lo tanto, no contiene fuentes para genotipo aditivo o efectos mayores de ambientes; y el análisis de regresión lineal (RL) es capaz de analizar los términos de interacción solo si los patrones se ajustan a un modelo de regresión específico (Zobel *et al.*, 1988).

La consecuencia de ajustar inapropiadamente los modelos estadísticos para datos de ensayos de rendimiento es que la interacción puede ser declarada como no significativa aunque un análisis más apropiado encontraría importancia agronómica y patrones estadísticamente significantes en la interacción (Zobel *et al.*, 1988). El análisis de efectos principales aditivos y la interacción multiplicativa (AMMI) es ordinariamente el modelo de primer

alternativa cuando los efectos mayores y la interacción son ambos importantes (Mandel, 1971).

Los modelos AMMI y de regresión en los sitios (SREG) se basan en un modelo lineal-bilineal en el que los efectos principales de genotipos y ambientes, considerados términos lineales, se explican mediante el análisis de varianza convencional; el componente bilineal se atribuye a la interacción genotipo x ambiente y se analiza mediante la técnica de componentes principales (Rodríguez *et al.*, 2005)

En el AMMI el término interacción genotipo x ambiente (IGA) es absorbido en los términos bilineales (efecto multiplicativo), mientras en el modelo SREG los genotipos se adicionan al término multiplicativo de la interacción genotipo ambiente esto permite la representación grafica (biplot) simultánea de genotipos y ambientes basada en el análisis de componentes principales. (Yan *et al.*, 2000; Burgueño *et al.*, 2003).

Generalmente se evalúan un gran número de genotipos en años y localidades y esto hace difícil determinar los patrones de respuesta a través de los ambientes sin la ayuda de una muestra grafica de los datos (Yan, 2002).

El concepto de biplot se basa en las ideas principales tales que cualquier tabla o matriz X de doble entrada que contenga n filas y m columnas puede ser vista como el producto de dos matrices: A , con n filas y r columnas, y B , con r

filas y m columnas. Sin embargo la matriz X puede ser siempre descompuesta en sus dos componentes matriciales A y B . Si r pasa a ser dos, la matriz X se refiere como una matriz de rango doble. Cada fila en la matriz A tiene dos valores que pueden mostrarse como un punto en una grafica bidimensional. Similarmente, cada columna en la matriz B tiene dos valores y también puede ser mostrada como un punto en una grafica bidimensional (Yan y Hunt, 2002a).

En un ensayo de rendimiento con G genotipos evaluados en E ambientes (combinación año x localidad), la media sobre las repeticiones resulta en una matriz de datos de doble entrada; genotipos por ambientes, lo cual puede mostrarse simultáneamente mediante un grafico biplot el cual se utiliza como una herramienta de diagnostico para elegir el modelo apropiado para el análisis de datos (Gabriel, 1971; Bradu y Gabriel, 1978).

Yan *et al.* (2000) propusieron un biplot construido de los primeros dos componentes principales derivado de datos de ambientes y rendimiento, éste muestra ambos efectos mayores de genotipo (G) y la interacción genotipo ambiente (GE) por lo que lo llamaron "biplot GGE".

Según Krivanek *et al.* (2005) el biplot derivado del modelo SREG es preferible sobre el biplot del modelo AMMI ya que éste incorpora el efecto del genotipo dentro del modelo y responde mas directamente la pregunta de cual entrada es el genotipo con mayor potencial y estabilidad.

Aunque la metodología GGE biplot fue desarrollada para análisis de datos de ensayos multi-regionales (MET), es aplicable a todos los tipos de datos de dos entradas que admiten una estructura de datos entrada por probador. En datos MET, los genotipos son entradas y los ambientes son probadores. En datos dialélicos cada genotipo es ambos, entrada y probador (Yan y Hunt, 2002a).

Yan *et al.* (2001) analizaron dos tipos de biplot GGE para datos de ensayos MET, el primero construido por el modelo de solución de mínimos cuadrados de sitios de regresión con los primeros dos componentes principales como efecto primario y secundario, respectivamente. El segundo construido con la solución de Mandel para sitios de regresión como el efecto primario y el CP1 extraído del residual de la regresión como efectos secundario. Indicando que ambos son efectivos en mostrar los patrones de los datos MET aunque el primero explica ligeramente más variación GGE, el segundo es más deseable porque siempre indica la media de rendimiento y estabilidad de los genotipos y la habilidad discriminatoria y representatividad de los ambientes de prueba.

La prueba máxima para una línea es la evaluación de su comportamiento en combinación híbrida donde se examinan ciertas características de importancia agronómica en localidades y repeticiones, el avance genético se espera sea mayor si se consideran simultáneamente varias características durante la selección con el uso de un índice de selección (IS); mayor aun serán las expectativas si este IS se calcula en base a valores genéticos.

Otra manera de incrementar el la eficiencia de la selección es considerar la estabilidad de los efectos favorables que presentan la líneas mediante el uso de los modelos lineales-bilineales tales como el AMMI o SREG los cuales son útiles para ensayos multi-regionales al analizar e interpretar la IGA.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

El presente trabajo de investigación incluyó como material genético 222 familias de hermanos completos (híbridos simples) formadas básicamente entre líneas S_2 y S_3 de dos grupos germoplásmicos, los cuales forman un patrón heterótico para el área de El Bajío cuya descripción se presenta a continuación:

Líneas enanas derivadas de una población de plantas braquíticas. Esta población 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.

Líneas tropicales. 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.

Las líneas empleadas de cada población, su nivel de endogamia, así como el número de veces que se emplearon como progenitores, y los testigos usados como referencia en las evaluaciones de las familias se muestran en el Cuadro 3.1.

Cuadro 3.1. Genealogía de las líneas enanas, líneas tropicales y testigos utilizados en los ensayos de rendimiento

	Líneas del GH Enano	NCP	Probadores del GH Tropical	NCP
1	(255-18-19-60-A-AxPE-112-3)-A-A-1	2	1 (6310 BULK-12x6320-6)-A-A-1	3
2	(255-18-19-60-A-AxPE-112-3)-A-A-3	4	2 (6310 BULK-12x6320-6)-A-A-2	6
3	(255-18-19-60-A-AxPE-112-3)-A-A-4	1	3 (6310 BULK-2xCML-181)-A-A-1	1
4	(LBCPC4xPE-114-3)-A-A-1	1	4 (6310 BULK-2xCML-181)-A-A-2	4
5	(LBCPC4xPE-114-3)-A-A-3	4	5 (6310 BULK-2xCML-181)-A-A-3	4
6	(LBCPC4xPE-114-3)-A-A-5	4	6 (6310 BULK-2xCML-181)-A-A-4	3
7	(LBCPC4xPE-114-3)-A-A-6	1	7 (6310 BULK-3x6310 BULK-12)-A-A-1	2
8	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xLBCPC4S4)-A-A-1	8	8 (AS 60xAN7 R25-3-1-2)-A-A-2	2
9	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xLBCPC4S4)-A-A-2	11	9 (AS 60xAN7 R25-3-1-2-A)-A-A-1	2
10	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xLBCPC4S4)-A-A-3	13	10 (AS 60xAN7 R25-3-1-2-A)-A-A-2	3
11	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-1	1	11 (AS-910 x C-221)-3-1-1	1
12	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-2	5	12 (AS-910 x C-221)-3-1-2	1
13	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-3	3	13 (AS-910 x C-221)-3-1-3	1
14	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-4	3	14 (AS-910 x C-221)-3-5-1	1
15	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-5	5	15 (AS-910 x C-221)-3-5-2	1
16	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-6	3	16 (AS-910 x C-221)-3-5-3	2
17	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-114-2)-A-A-4	2	17 (AS-910 x C-221)-3-5-4	2
18	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-114-2)-A-A-6	3	18 (AS-910 x C-221)-3-5-5	2
19	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-114-2)-A-A-7	3	19 (AS-910 x C-221)-3-5-6	1
20	(PE-112-3xPE-112-7)-A-A-1	2	20 (AS-910 x C-221)-4-1-4	1
21	(PE-112-3xPE-112-7)-A-A-2	14	21 (AS-910 x C-221)-4-3-3	1
22	(PE-112-3xPE-112-7)-A-A-3	15	22 (AS-910 x C-221)-4-4-4	1
23	(PE-112-3xPE-112-7)-A-A-4	13	23 (AS-910xC-221)-3-5-5	1
24	(PE-112-3xPE-112-7)-A-A-5	13	24 (CLM-373xAN7 R-25-3-1-2-A)-A-A-1	4
25	(PE-202-1xPE-112-7)-A-A-1	1	25 (CLM-373xAS 60)-A-A-6	4
26	(PE-202-1xPE-112-7)-A-A-4	2	26 (CLM-373xCML-318)-A-A-1	4
27	(PE-202-1xPE-112-7)-A-A-6	1	27 (CLM-373xCML-318)-A-A-2	2
28	(PE-202-1xPE-114-2)-A-A-1	8	28 (CLM-373xCML-8)-A-A-1	5
29	(PE-202-1xPE-114-3)-A-A-3	3	29 (CLM-373xP44C8 HC57-1-1-9)-A-A-2	5
30	(PE-202-1xPE-114-3)-A-A-4	1	30 (CLM-8xAN24-A-A)-A-A-1	3
31	(LBCPC4S4xMLS4-1)-1-A	1	31 (CML-181x6320-3)-A-A-2	2
32	(LBCPC4S4xMLS4-1)-5-A	1	32 (CML-181x6320-3)-A-A-3	1
33	(LBCPC4S4xMLS4-1)-6-A	1	33 (CML-373xAN7 R25-3-1-2-A)-A-A-1	6
34	(PE-104-6xPE-203-2)-1-A	1	34 (CML-373xAN7 R25-3-1-2-A)-A-A-10	5
35	(PE-104-6xPE-203-2)-2-A	1	35 (CML-373xAN7 R25-3-1-2-A)-A-A-11	3
36	(PE-104-6xPE-203-2)-3-A	1	36 (CML-373xAN7 R25-3-1-2-A)-A-A-2	3

Cuadro 3.1. Continuación...

82	CAFIME-176-1-1-1	1
83	CAFIME-176-1-1-2	1
84	CAFIME-176-1-2-4	2
85	CAFIME-176-2-2-1	1
86	CAFIME-176-2-2-2	2
87	CB 85 HC V524-4119HC-1-1-5-1	1
88	CB 85 HC V524-4119HC-1-1-5-4	2
89	CB 85 HC V524-4119HC-23-1	1
90	MH-1-5-1	1
91	MH-1-5-2	2
92	MH-2-1-2	1
93	S3-21-4	1
94	S3-28-1	3
95	S3-28-2	2
96	S3-28-3	1

NCP = número de cruzas en las que participó; GH = grupo heterótico

Metodología

Las líneas S_2 o S_3 dentro de cada población, se obtuvo mediante el esquema de pedigrí, básicamente se realizaron cruzas entre líneas complementarias de un mismo grupo, luego por autofecundación se generaron las poblaciones F_2 y mediante generaciones de autofecundación se obtuvieron las familias S_2 y S_3 , otra manera en que se obtuvieron algunas líneas fue autofecundando plantas dentro de las poblaciones en repetidas ocasiones. Para generar las familias de hermanos completos (FHC) se realizaron cruzamientos entre líneas de diferente grupo, en la localidad de Juventino Rosas Gto., durante el 2005.

También se incluyen familias donde participan diez líneas S_5 y dos cruzas simples del grupo enano, previamente seleccionadas por su aptitud combinatoria. En la evaluación se usaron como testigos, híbridos comerciales

recomendados para esta región como los son: el AN-447, 30G54, 30G88 y DK2060.

La estrategia de mejoramiento empleada, consistió en formar las familias de hermanos completos a partir de líneas S_2 y S_3 , donde cada línea del primer grupo se cruza con varias líneas del segundo grupo y viceversa.

Con los datos obtenidos por variable se estimaron valores de ACG por línea lo que permite seleccionar las de mejor valor para el mejoramiento poblacional, mientras que para mejorar el comportamiento del patrón heterótico se eligieron las FHC de comportamiento agronómico superior, en ellas se identificaron sus progenitores y se recombinaron, por separado, los representantes de cada grupo.

Con el fin de lograr mayor respuesta a la selección y simplificar este proceso se empleó un índice selección (IS) considerándolo como el único criterio que se toma en cuenta para la selección con base al orden de mérito de los IS por localidad, seleccionando los genotipos que presentaran el mejor promedio de índice que es la manera como convencionalmente se realiza.

Otra manera de elegir los genotipos fue con el auxilio del modelo lineal-bilineal de regresión en los sitios (SREG), seleccionando las líneas así como las FHC tomando en cuenta simultáneamente los efectos del IS, la interacción del IS x el ambiente y la estabilidad de los materiales.

Descripción de los ambientes empleados en la evaluación

Para la evaluación de las Familias de hermanos completos (FHC) y de los testigos se utilizaron tres localidades representativas de El Bajío (Celaya, Gto., Tlahuelilpan, Hgo. y El Prado, Galeana, N.L.) cuyas principales características se concentraron en el Cuadro 3.2.

Cuadro 3.2. 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
El Prado, Galeana, N.L.	1890	24° 12'	100° 05'	300	18
Tlahuelilpan, Hgo.	2040	20° 8'	99° 14'	675	18

Datos tomados de INEGI 2000

Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra

La siembra se realizó manualmente depositando dos semillas por golpe en cada experimento bajo el diseño de bloques incompletos con un arreglo alfa-látice con dos repeticiones por localidad en el ciclo primavera-verano del año 2006. La parcela experimental, fue de un surco, con 21 plantas a 0.19 m entre planta y planta y 0.85 m entre surcos. Las fechas de siembra por ambiente de evaluación fueron: el 26 de marzo de 2006 en El Prado, N. L.; en Celaya, Gto., el 2 de abril de 2006 y el 12 de abril de 2006 en Tlahuelilpan, Hgo.

Labores culturales

Fertilización. La fórmula aplicada en los tres 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

Floración masculina y femenina (FM y FF). 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.

Relación mazorca-planta (RMP). Relación que existe entre la altura de la planta y la inserción de la mazorca principal expresado en por ciento.

$$\text{RMP} = \left(\frac{AP}{AM} \right) \times 100$$

Prolificidad (PROL) Número de mazorcas cosechadas entre número de plantas cosechadas expresado en porcentaje:

$$\text{Prolificidad} = \left(\frac{\text{núm. de mazorcas}}{\text{núm. de plantas}} \right) \times 100$$

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 (CM). Es una calificación visual de las mazorcas cosechadas por parcela útil que considera llenado de grano, sanidad, tamaño y uniformidad. La escala es de 1 a 5 (1 muy buena, 5 muy mala).

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 (REND). 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).

$$PS = ((100 - \% H)/100) * PC$$

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.

Ajuste del rendimiento por covarianza

Como el número de plantas fue muy variable entre las parcelas dentro de experimentos debido principalmente a las condiciones ambientales y de

manejo, se realizó un análisis de covarianza para explicar la parte de la varianza del error debida a esta covariable. Una vez que se encontró significancia mediante la prueba de F y para que la comparación entre las medias sea válida estas se ajustaron mediante la siguiente formula:

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

Donde:

\hat{Y}_{ij} = rendimiento corregido por covarianza; Y_{ij} = rendimiento observado;

b_i = coeficiente de regresión ajustado; x = numero de plantas cosechadas por parcela y \tilde{A} = Promedio de plantas cosechadas en el experimento.

Análisis estadísticos

Análisis General

Los híbridos experimentales y testigos se analizaron bajo un diseño de bloques completos al azar a través de localidades, con la finalidad de observar diferencias estadísticas en las fuentes de variación relativas a localidad, bloques dentro de localidad, genotipos y genotipos por localidad. El modelo estadístico empleado para el análisis de varianza combinado fue como sigue:

$$Y_{ijk} = \mu + L_i + R_{j(i)} + G_k + GL_{ik} + \xi_{ijk}$$

Donde:

Y_{ijk} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; L_i = efecto de la i-ésima localidad; $R_{j(i)}$ = efecto de j-ésimo repetición dentro de la i-ésima

localidad; G_k = efecto del k-ésimo genotipos; GL_{ik} = efecto del k-ésimo genotipo por la i-ésima localidad; ξ_{ijk} = error experimental.

Se realizó la descomposición de la suma de cuadrados de genotipos, para explorar la contribución de los cada uno de los componentes a la variación total, en cruza simples, testigos, un contraste entre cruza simples vs testigos, cruza simple por localidad, testigo por localidad y contraste por localidad.

A su vez los híbridos simples experimentales (familias de hermanos completos) se dividieron en sus componentes: líneas (líneas enanas), probadores (líneas tropicales) y línea x probador. Siguiendo las instrucciones de Singh y Chaudary (1985), los datos se analizaron bajo una rutina SAS. SAS (SAS, 2006).

El modelo lineal del diseño empleado fue:

$$Y_{ijkl} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + L_k + P_l + LP_{kl} + \alpha L_{ik} + \alpha P_{il} + \alpha LP_{ikl} + \xi_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijkl} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; α_i = efecto de la i-ésima localidad; $\beta_{j(i)}$ = efecto de j-ésimo bloque dentro de la i-ésima localidad; L_k = efecto de la k-ésima línea; P_l = efecto del l-ésimo probador; LP_{kl} = efecto de la k-ésima línea en el l-ésimo probador; αL_{ik} = efecto de la k-ésima línea en la i-ésima localidad; αP_{il} = efecto del l-ésimo probador en la i-ésima localidad; αLP_{ikl} = efecto de la k-ésima línea en el l-ésimo probador en la i-ésima localidad; ξ_{ijkl} = error experimental.

La estructura de datos que originan estos modelos para el análisis de varianza aparece en el Cuadro 3.3.

Cuadro 3.3. Estructura del análisis de varianza combinado para las tres localidades

FV	GL
Localidades (Loc)	L-1
Bloques/Loc	(r-1)L
Genotipos (Gen)	t-1
CS	c-1
LE (línea)	j-1
LT (probador)	p-1
LE x LT	(j-1)(p-1)
Tes	e-1
CS vs Tes	(c-1)(e-1)
GenxLoc	(t-1)(L-1)
CS x LOC	(c-1)(L-1)
LE x Loc	(j-1)(L-1)
LTx Loc	(p-1)(L-1)
LE x LT x Loc	(l-1)(p-1)(L-1)
Tes x Loc	(e-1)(L-1)
CS vs TesxLoc	(c-1)(L-1)
Error	Diferencia
Total	$lrtcjp-1$

CS= cruza simples; LE= línea enana; LT=línea tropical y TES= testigos

Estimación de los efectos de ACG para líneas enanas (líneas)

$$g_i = \frac{Xi...}{pre} - \frac{X....}{lpre}$$

Estimación de los efectos de ACG para líneas tropicales (probadores)

$$g_j = \frac{X.j..}{lre} - \frac{X....}{lpre}$$

Estimación de los efectos de ACE de los híbridos

$$Sij = \frac{Xij..}{re} - \frac{Xi...}{pre} - \frac{X.j..}{lre} + \frac{X....}{lpre}$$

Donde:

g_i = Aptitud combinatoria general de las líneas enanas, g_j = aptitud combinatoria general de las líneas tropicales, S_{ij} = aptitud combinatoria específica de híbridos, l = número de líneas, p = número de probadores, r = repeticiones, e = número de localidades, $X_{ij..}$ comportamiento específico de la cruce de la i -ésima línea con el j -ésimo probador a través de repeticiones y localidades y; $X_{i...}$ = sumatoria del j -ésimo probador, $X_{.j..}$ = sumatoria de la i -ésima línea y $X_{....}$ = sumatoria total.

Índice de selección

Se utilizó el índice de selección (IS) propuesto por Barreto *et al.* (1991) que en este trabajo integró la expresión de 14 caracteres en un solo individuo y la selección se hizo atendiendo el orden al mérito del IS estimado en cada individuo, en espera de tomar decisiones mejor fundadas y potenciar la respuesta a la selección.

La estimación del IS se realizó por repetición dentro de cada localidad para, realizar un ANVA y hacer pruebas de hipótesis tales como: 1) al menos un individuo tendrá un IS diferente, 2) la interacción IS x ambiente será significativa y 3) realizar comparación de orden de los IS y seleccionar los estadísticamente superiores.

Los IS se calcularon por dos vías, para las líneas se emplearon los valores genéticos de la ACG como criterio de selección, mientras que para las

FHC el criterio para estimar los IS fueron los valores fenotípicos. En ambos casos se consideró el peso económico de las 14 variables registradas en cada individuo.

El procedimiento para el cálculo del IS fue siguiendo la metodología propuesta por Barreto *et al.* (1991) como sigue:

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

Donde:

IS = Índice de selección

$Y_{j...n}$ es la variable en unidades Z, $M_{j...n}$ es la meta de selección,

$I_{j...n}$ es la intensidad de selección

Debido a que las variables son de parámetros con unidades distintas; días, toneladas, centímetros, porcentajes, calificaciones visuales etc., fue necesario estandarizar todos los valores para que las distintas características pudieran combinarse mediante la siguiente formula:

$$Z = \frac{y_j - \bar{y}}{s}$$

Donde:

Z es el valor estandarizado, y_j es el valor observado para la entrada j , \bar{y} es el promedio de todas las entradas y S es la desviación estándar del grupo de entradas.

La meta de selección esta dada en unidades de desviación estándar del promedio, de esta manera valores positivos seleccionan aquellos genotipos que se encuentran por encima del promedio, valores negativos genotipos por debajo del promedio y valores de cero genotipos que se encuentran cercanos al promedio. Los valores de la meta de selección van de -3.0 a +3.0, ya que en una distribución normal el 99% de las observaciones se encuentran en este rango.

La intensidad de selección refleja la importancia relativa de las diferentes variables a usarse en la selección, es definida por el investigador y toma valores de 0 a 10. Mientras mas grande es el valor de la intensidad mayor peso se le da a la variable. En el cuadro 3.4 se muestran las intensidades utilizadas en las líneas enanas, líneas tropicales y en los híbridos.

Entre más cercano se encuentre el valor estandarizado de cada una de las variables a la meta deseada, más pequeño será el valor del IS calculado y más cerca se encontrará el genotipo de los criterios deseados siendo este IS por tanto superior, mientras más grande es al valor del IS, más lejos se

encuentra el genotipo de los criterios y el IS es por tanto inferior. El mejor genotipo es aquel que tiene el valor más pequeño de IS.

Una vez obtenido el IS por repetición, para cada híbrido y para la ACG de cada línea tanto enana como tropical, se procedió a caracterizar el desempeño de estos materiales, con base en el orden al mérito del IS mediante un análisis de varianza combinado a través de localidades, con el propósito de clasificar el comportamiento estadístico del IS en las localidades, repeticiones, genotipos y genotipos por localidad.

Cuadro 3.4. Intensidades utilizadas en cada tipo de material en las tres localidades de evaluación

VARIABLE	INTENSIDAD PARA LE y LT	INTENSIDAD PARA H
REND	10	10
AM	8	8
AP	8	8
AR	6	6
AT	6	6
CM	5	5
CP	5	5
FF	8	8
FM	8	8
MC	8	8
PF	5	5
PROL	8	8
RMP	9	10
SF	9	9

LE= Líneas enanas LT= Líneas tropicales H= Híbridos

El modelo estadístico empleado fue como sigue:

$$Y_{ijk} = \mu + L_i + R_{j(i)} + T_k + TL_{ik} + \xi_{ijk}$$

Donde: Y_{ijk} = variable respuesta; μ = efecto de la media general; L_i = efecto de la i -ésima localidad; $R_{j(i)}$ = efecto de j -ésimo repetición dentro de la i -ésima localidad; T_k = efecto del k -ésimo genotipo; TL_{ik} = efecto del k -ésimo genotipo por la i -ésima localidad; ξ_{ijk} = error experimental.

Identificación de líneas e híbridos superiores considerando simultáneamente los efectos lineales de los IS, así como la interacción IS x ambiente y la estabilidad de los materiales

Debido a la importancia y significancia de los efectos mayores y la interacción se utilizó el modelo de análisis lineal-bilineal SREG con el propósito de explicar mediante el análisis de varianza convencional el efecto mayor de ambiente y mediante la técnica de componentes principales y el grafico biplot analizar conjuntamente la interacción genotipo x ambiente más el efecto principal de genotipos.

El modelo SREG esta dado por:

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

Donde:

Y_{ij} = rendimiento del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente; μ_j = media en el ambiente j ; t = numero de componentes principales; 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 $\sim \text{DNI} (0, \frac{\sigma^2}{r})$.

Este modelo permite crear gráficas aceptadas profesionalmente y de fácil interpretación que permiten: a) Investigar la posible diferenciación del mega ambiente en ambientes objetivo; b) determinar el comportamiento de los híbridos en un ambiente específico; c) obtener la comparación de cualquier par de híbridos en un ambiente individual; y d) para identificar los materiales con mayor estabilidad.

Criterios de selección

Dentro de cada localidad se ubicaron los genotipos en orden ascendente en base al valor de IS obtenido, tanto líneas como híbridos; la selección se realizó tomando en cuenta dos aspectos, un valor de IS bajo y que este fuera relativamente constante a través de las localidades.

Para la elección de los mejores individuos a través de ambientes se considero la definición del genotipo ideal identificado por la gráfica biplot del modelo SREG propuesto por Yang y Hunt (2002) que dice: un genotipo deberá tener un alto potencial y alta estabilidad en un megambiente.

Otro factor considerado en la elección de las líneas destinadas al mejoramiento de los grupos germoplásmicos como al del patrón heterótico fue atendiendo la relación fraterna existente entre dichas líneas; seleccionando

aquellas que no guardan parentesco, esto con la intención de reducir la endogamia

La figura que permite esta selección es la que lleva un término adicional en los eigenvalores correspondiente a las coordenadas del promedio ambiental (CPA) este grafico también es denominado medias vs estabilidad, por dicha coordenada y el origen se trazó una línea que ocasionó la rotación de los ejes, así la estabilidad de los genotipos se midió por la distancia de las coordenadas de los genotipos con relación a la abscisa mientras que los genotipos mas estables fueron los más cercanos a esta línea.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de varianza general

Con la finalidad de cumplir los objetivos, probar las hipótesis planteadas y establecer la diferencia estadística existente entre los materiales genéticos, los ambientes y las interacciones posibles, se presentan los resultados del análisis de varianza combinado para las 222 cruzas de prueba y cuatro testigos a través de las localidades; Celaya, Gto., El Prado, Galeana, N. L., y Tlahuelilpan, Hgo., esto para cinco variables mas representativas de los materiales evaluados: floración masculina (FM), sincronía floral (SF), altura de planta (AP), relación mazorca planta (RMP) y rendimiento (REND) Cuadro 4.1.

En la fuente de variación localidades, se encontró diferencia significativa ($P \leq 0.01$) en las cinco variables, infiriéndose que es debido a las condiciones climáticas y edáficas de cada localidad, por consiguiente se considera que los ambientes de evaluación son diferentes, esto coincide con Zobel *et al.* (1988) quienes mencionan a las localidades como una de las tres fuentes comúnmente significantes y agronómicamente importantes en los ensayos de rendimiento

Cuadro 4.1. Cuadrados medios de 222 cruzas de prueba entre los grupos germoplásmicos enano con tropical y cuatro testigos, evaluados en Celaya, Gto., El Prado, Galeana, N.L. y Tlahuelilpan, Hgo. durante la primavera del 2006

FV	GL	FM (días)	SF (días)	AP (cm)	RMP (%)	REND (t/ha ⁻¹)
Localidades (Loc)	2	31582.53 **	13.33 **	250438.84 **	3325.43 **	1396.81 **
Bloques/Loc	3	69.39 **	3.55	58.17	6.66	17.95 **
Genotipos (Gen)	225	22.56 **	4.37 **	967.62 **	65.90 **	24.35 **
CS	221	22.41 **	4.30 **	933.29 **	53.68 **	23.97 **
LE	58	9.17 **	3.49 **	1295.62 **	44.15 **	25.79 **
LT	87	21.00 **	4.67 **	459.77 **	46.08 **	25.76 **
LE x LT	68	12.26 **	3.16 **	246.44	23.99	9.85 **
Tes	3	29.40 **	3.05	3810.20 **	522.41 **	18.04 **
CS vs tes	1	36.37 *	23.55 **	2.64	1389.14 **	125.30 **
GenxLoc	450	6.29 **	2.60 **	263.77	22.10	8.51 **
CS x Loc	456	6.00 **	2.52 **	262.32	21.67	8.21 **
L Ex Loc	116	5.57 **	3.20 **	221.38	20.81	5.72 *
LT x Loc	174	5.92 **	2.49 **	266.00	19.84 *	8.50 **
LE x LT x Loc	136	4.13	2.13 *	171.86	23.32	5.45
Tes x Loc	6	17.23 **	5.49 **	369.84	33.99	20.09 **
Error	792	4.03	1.67	248.38	20.21	4.48
Media		91.13	-2.21	238.83	55.88	15.54
Media Tes		90.55	-1.78	238.61	52.61	16.53
Media CS		91.18	-2.25	238.85	56.17	15.45
ES		4.06	1.72	6.48	1.84	4.52

CS= cruzas simples, LE= líneas enanas, LT= líneas tropicales; Tes= testigos; ES= Error estándar; GL= grados de libertad; *,**= significancia al 0.05 y 0.01 de probabilidad respectivamente; FM= floración masculina; SF= sincronía floral; AP= altura de planta; RMP= relación mazorca planta y REND= rendimiento de mazorca al 15% de humedad.

Para la fuente bloques dentro de localidad se encontraron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) solo para las variables días a floración masculina (FM) y rendimiento (REND) esto pudo deberse a que el lugar donde quedaron las repeticiones el terreno fue diferente, por lo que se considera que el diseño estadístico fue eficiente al minimizar la varianza del error, en las demás variables no se encontró diferencia estadística.

La fuente genotipos mostró diferencias estadísticamente significativas ($P \leq 0.01$) en todas las variables, tal situación fue ocasionada tanto por la diversidad de los tratamientos, donde se involucraron cruza simples y testigos comerciales, como por el diferente fondo genético de donde se constituyeron los híbridos experimentales cuyos progenitores provienen de dos grupos heteróticos divergentes.

La fuente genotipos fue particionada en los componentes cruza simples, testigos y el contraste entre estos para medir la variación de estos por separado. La fuente cruza simples aportaron mayor contribución a la varianza de los genotipos, así lo indica la suma de cuadrados que fue superior en todas las variables en relación a lo observado en los testigos.

Para la fuente CS (Cuadro 4.1) se observó diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para todas las variables bajo estudio, lo cual indica variabilidad genética entre las cruza, tal comportamiento puede ser debido a la habilidad combinatoria general asociada a efectos aditivos y de la habilidad combinatoria específica que depende de diferencias en frecuencias génicas para alelos con dominancia parcial a completa entre el material apareado Nestares *et al.* (1998). Esta variabilidad observada dará más oportunidad de realizar la selección de las cruza cuyos progenitores serán utilizados en el siguiente ciclo de SRR.

Debido a la variación entre las cruzas simples, en un estudio más detallado se dividieron los efectos de estas cruzas en línea enanas, líneas tropicales y su interacción, para determinar cuál de estas contribuye más a la expresión de la variable de respuesta y cual detecta mayor variabilidad.

La fuente “líneas tropicales” presentó diferencia estadística ($P \leq 0.01$) para las cinco variables lo que se atribuye a que cada línea tiene características propias y diferentes debido a su fondo genético, esto permitirá la identificación de las que exhiban el mayor potencial genético para ser progenitores del nuevo ciclo de selección. Además también tienen la posibilidad de ser empleados como progenitores potenciales de híbridos.

Los resultados también muestran que para las cinco variables la fuente líneas enanas mostró diferencias significativas ($P \leq 0.01$) lo cual sugiere que existe variabilidad entre ellas lo que permitirá seleccionar las que presenten mejores atributos, aun y cuando todas provienen de un mismo grupo germoplásmico, las que se recombinaran para constituir el siguiente ciclo de mejoramiento para la población *per se*.

En el presente estudio los efectos de las líneas contribuyen más que la interacción entre estas, esto se refleja en la contribución proporcional de cada una de estas fuentes de variación a la suma de cuadrados de las cruzas simples donde las líneas tanto tropicales como enanas presentan mayor contribución proporcional que la interacción en las variables SF, AP, RMP y

REND; por ejemplo en esta última variable la contribución fue de 33.9%, 50.85%, y 15.2% para líneas enanas, líneas tropicales e interacción respectivamente.

En cuanto al aporte que realizan las líneas, las del grupo tropical contribuyen en una relación aproximada de dos a uno con las líneas enanas a la suma de cuadrados de las cruzas simples para las variables REND, RMP, FM y SF no así en AP donde el grupo enano es el de mayor contribución.

Por otro lado, la significancia observada en las fuentes de variación líneas enanas y tropicales advierte una existencia de efectos aditivos. Sin embargo, la interacción también fue significativa para varias de las características (FM, SF y REND) indicando la existencia de ambos efectos; aditivos y no aditivos. Lo anterior, es deseable para los intereses del presente estudio, ya que con los efectos aditivos se mejoraran los grupos *per se*, mientras que con los efectos aditivos mas los no aditivos se mejorará el comportamiento del patrón heterótico.

En el caso de rendimiento, ambos grupos presentaron variación similar afirmaciones que se sustentan en valor numérico y significancia estadística de la suma de cuadrados medios (Cuadro 4.1), de lo anterior se puede observar que ambos grupos poseen suficiente variación genética para lograr ganancias aceptables tanto para mejoramiento poblacional así como para el mejoramiento de la cruce entre los dos grupos.

Por otra parte, los testigos mostraron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para todas las variables, excepto para SF la cual resulto no significativa. Las diferencias pueden atribuirse a que los testigos provienen de tres diferentes casas comerciales.

También se comparó el comportamiento de las cruzas contra los testigos mediante un contraste el cual mostró diferencia significativa de $P \leq 0.05$ para la variable FM y $P \leq 0.01$ para las variables SF, RMP y REND, donde la media de los testigos fue mejor a la de cruzas simples (Cuadro 4.1.). La altura de planta fue igual en ambos materiales, esto es importante ya que muestra que aunque esta característica es similar entre cruzas y testigos la relación mazorca planta no lo es y puede hacerse selección sobre ella.

Para la interacción de genotipos por localidad se encontraron diferencias significativas para las variables FM, SF y REND; lo cual muestra que los tratamientos tuvieron un ordenamiento diferente a través de los ambientes en estas variables, no así en AP y RMP. Esto mismo sucedió con la interacción de cruzas simples por localidad (Cuadro 4.1).

En la fuente de líneas enanas por localidad las variables FM y SF resultaron significativas al $P \leq 0.01$ y el rendimiento solo fue significativo al $P \leq 0.05$ mientras que las variables AP y RMP fueron no significativas. La significancia en la interacción línea tropical por localidad, como sucedió en las

líneas enanas, es indicativo que estas líneas cambiaron el orden relativo a través de ambientes en las variables FM, SF y REND ($P \leq 0.01$) igual que en la relación mazorca planta la cual tuvo una diferencia significativa $P \leq 0.05$.

Respecto a la interacción genotipo x ambiente, Ortiz *et al.* (2001) mencionan que cuando se presenta esta interacción, impide la selección de genotipos promisorios con amplia adaptación, lo mismo que reduce la heredabilidad del carácter y por consecuencia afecta el progreso en el mejoramiento a causa de la selección ineficiente en ambientes únicos.

Las cinco variables analizadas en el Cuadro 4.1 no fueron las únicas registradas, también fueron recopiladas otras nueve, ellas se emplearon para detectar diferencia estadística (variabilidad) entre líneas y cruza simple (FHC) y es de esperar un comportamiento similar en las nueve variables restantes que no se analizaron.

Considerando que la elección de genotipos sobresalientes en todas las variables es muy complicada y en ocasiones sesgada si se realiza de manera independiente o en tándem, por tal motivo se utilizó la metodología índices de selección (IS) de ponderación libre, que permite mejorar simultáneamente varias características, propuesto por Barreto *et al.* (1991).

Análisis del índice de selección de ponderación libre

Con los valores fenotípicos de las 14 variables registradas: AM, AP, AR, AT, CM, CP, FF, FM, MC, PF, PROL, RMP, REND y SF se calculó el IS para híbridos, y con los valores de ACG se calculó el IS para las líneas enanas y tropicales, utilizando la misma intensidad de selección pero modificando las metas según la variación detectada (Cuadro 4.3.) tratando siempre de obtener los parámetros deseados en las diferentes características, es decir si existía mucha variabilidad se tomaban metas mas grandes y viceversa, lo que se veía reflejado en pocos individuos con un IS diminuto ya que entre más pequeño sea este valor más cerca se encuentra el genotipo de los criterios deseados.

Con base en los índices de selección estimados por repetición con base en valores genéticos para las líneas y fenotípicos para los híbridos, se realizó un análisis de varianza combinado para cada material a través de los tres ambientes (Cuadro 4.2.)

El IS, considerando valores de ACG, en las líneas enanas y las líneas tropicales para la fuente de variación localidades resultó no significativa, tal situación puede ser atribuida a que al analizar efectos genéticos estos ya depuraron gran parte de los efectos ambientales. Para híbridos en la misma fuente localidades se detecto significancia ($P \leq 0.01$), esto como una consecuencia de que se trabajó con efectos fenotípicos y aunque también se estandarizaron todas la variables, el rango de valores observados entre localidades fue mas amplio.

Cuadro 4.2. Cuadrados medios de líneas de maíz enano, líneas tropicales e híbridos a través de tres localidades con base al índice de selección

FV	GL	LE	GL	LT	GL	HIBRIDOS
Localidades (Loc)	2	2.644	2	18.978	2	325.834 **
Bloques /Loc	3	36.644 **	3	3.574	3	364.961 **
Genotipos (Gen)	66	47.046 **	95	40.690 **	221	27.334 **
GenxLoc	132	12.114 **	190	12.371 **	442	14.737 **
Error	198	7.525	285	7.552	663	9.640
CV (%)		21.83		20.26		19.29
Media		12.57		13.57		16.10
Máximo		19.50		19.813		22.743
Mínimo		7.015		8.845		11.663
ES		1.120		1.122		1.268

GL= grados de libertad; CV= coeficiente de variación; **= significancia al 0.01 de probabilidad; LE= líneas enanas; LT= Líneas tropicales; ES= error estándar.

La fuente de variación bloques dentro de localidad resultó con diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) en las líneas enanas e híbridos, logrando detectar las diferencias ocasionadas por efecto del ambiente donde se evaluaron estos genotipos, tal efecto ya no se acumuló en el error, lo cual muestra que el diseño experimental empleado fue efectivo, no así en las líneas tropicales donde no se detectó diferencia. Al respecto, Bowman (2001) menciona que el error experimental puede exagerarse por un bloqueo inapropiado lo cual puede resultar en aceptar una hipótesis falsa o rechazar una verdadera.

Cuadro 4.3. Metas utilizadas por repetición para el cálculo del índice de selección en cada variable para híbridos, líneas enanas y líneas tropicales

VAR	HÍBRIDOS						LÍNEAS ENANAS						LÍNEAS TROPICALES					
	LOC1		LOC2		LOC3		LOC1		LOC2		LOC3		LOC1		LOC2		LOC3	
	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2
REND	1.8	1.3	1.3	1.5	1.5	1.5	0.9	1.0	0.9	0.9	0.8	1.0	1.0	1.3	1.0	1.2	1.3	1.2
AM	-1.9	-1.4	-1.7	-1.4	-1.7	-1.4	-1.2	-0.5	-1.1	-1.2	-1.0	-1.0	-1.3	-1.0	-1.3	-1.4	-1.0	-1.1
AP	-1.8	-1.0	-1.4	-1.6	-1.6	-1.7	-1.3	-0.4	-1.1	-1.0	-1.0	-1.1	-1.0	-0.8	-1.2	-1.1	-1.4	-1.0
AR	0.0	0.0	0.0	-0.4	-0.3	-0.3	-0.3	-1.3	-0.6	-0.8	-0.3	-0.5	-0.3	-0.3	-0.5	-0.5	-0.3	-0.5
AT	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	-0.4	-0.1	-0.2	-0.1	-0.1	-0.3	-0.3	-0.3	-0.1	-0.1	-0.2	-0.3
CM	-1.4	-1.5	-1.5	-1.8	-1.2	-1.2	-0.6	-0.7	-0.5	-0.6	-1.0	-1.1	-1.0	-1.2	-1.3	-1.2	-1.4	-1.6
CP	-1.9	-1.9	-1.9	-2.4	-0.7	-0.7	-1.0	-1.0	-1.0	-0.9	-0.8	-1.0	-1.2	-1.3	-1.0	-0.9	-1.1	-1.5
FF	-1.2	-1.2	-1.6	-1.6	-1.4	-1.5	-0.9	-0.6	-0.8	-0.8	-0.8	-0.9	-1.0	-1.0	-1.0	-1.0	-1.0	-1.2
FM	-1.2	-0.7	-1.5	-1.7	-1.3	-1.3	-1.0	-0.6	-0.8	-0.9	-0.8	-0.8	-1.0	-0.9	-1.3	-1.1	-1.0	-1.1
MC	0.0	0.0	-0.8	-0.8	-0.9	-0.9	-1.2	-0.8	-0.8	-1.1	-1.0	-1.2	-1.0	-0.9	-0.9	-0.9	-1.0	-1.0
PF	-0.1	-0.1	-0.3	-0.3	-0.8	-0.8	-0.3	-1.0	-0.4	-0.4	-0.8	-0.9	-0.2	-0.3	-0.3	-0.4	-0.9	-1.0
PROL	1.6	1.6	1.6	1.7	1.9	1.6	1.0	0.6	0.8	0.8	0.8	1.0	1.0	0.9	1.0	1.0	1.3	0.9
RMP	-1.5	0.0	0.0	-1.9	-1.5	-1.8	-1.3	-0.6	-0.9	-0.8	-0.8	-1.0	-0.9	-1.4	-1.2	-1.3	-0.9	-1.1
SF	0.0	0.0	0.6	1.0	1.7	1.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

VAR= variable; REND= rendimiento de mazorca al 15% de humedad; AM= altura de mazorca; AP= altura de planta; AR= acame de raíz; AT= acame de tallo; CM= calificación de mazorca CP= calificación de planta; FF= floración femenina; FM= floración masculina; MC= mala cobertura; PF= plantas con fusarium; PROL= prolificidad RMP= relación mazorca planta y SF= sincronía floral. LOC1, LOC2, LOC3= Localidades uno, dos y tres respectivamente y R1, R2, = repeticiones uno y dos respectivamente.

En la fuente de variación genotipos se observó diferencias estadística ($P \leq 0.01$) para líneas enanas, líneas tropicales e híbridos o cruza simples lo cual pone de manifiesto la variabilidad existente entre los IS de cada uno de los tipos de materiales, infiriéndose que esto es debido a su diferente valor genético y fenotípico; en el caso de cruza simples o FHC se puede inferir que la significancia estadística puede ser una consecuencia de la segregación gamética y recombinación diferencial, de acuerdo con Narro *et al.* (2003).

La interacción genotipos o tratamientos por localidad, resultó significativa lo cual indica que el comportamiento promedio de los IS cambió de orden a través de las localidades, por lo tanto se complica la interpretación de resultados porque el promedio deja de ser un criterio adecuado de selección.

Análisis SREG para identificar líneas e híbridos de adecuado IS y estables

Con la finalidad de que la selección de las líneas e híbridos se realice de manera integral considerando no solo los efectos principales del IS sino también la magnitud y el sentido de la interacción IS x ambiente se hizo uso del modelo lineal-bilineal SREG cuyos resultados generan elementos gráficos los cuales son sencillos de interpretar y hacen más eficiente la selección.

Los resultados obtenidos de líneas enanas, tropicales e híbridos mostraron interacción con el ambiente (Cuadro 4.3) pudiéndose utilizar una estrategia basada en modelos multiplicativos de los ensayos evaluados en

varios ambientes para explorar e interpretar los patrones de respuesta no solo de interacción, sino también de los IS como lo reportan Yan *et al.* en el 2000.

Por tal motivo y con el propósito de realizar una selección más efectiva de líneas e híbridos donde sea considerado conjuntamente el efecto lineal del IS y el efecto multiplicativo de interacción del IS x ambientes, se utilizó el modelo lineal-bilineal de regresión en los sitios (SREG), que permiten describir la interacción genotipo ambiente e identificar mega ambientes y materiales con el mejor comportamiento, apoyándose en un gráfico biplot generado por los paquetes estadísticos propuestos por Burgueño *et al.* (2003).

La Fig. 4.1 corresponde al biplot del modelo SREG donde se muestran los patrones de respuesta de los IS de líneas enanas, los tres ambientes de evaluación y de la interacción IS x ambientes, en este gráfico los valores de las localidades y genotipos son representados como vectores en un espacio bidimensional que se trazan desde el origen (0,0) para terminar en los puntos determinados por sus eigenvalores. Los genotipos ideales son los que presentan el menor valor con respecto al componente principal uno (ya que el mejor IS es el que exhibe el valor más bajo) y el mejor ambiente es aquel que muestre el vector de mayor longitud con respecto al mismo componente principal uno, los genotipos son mas estables cuanto mas cercanos estén al componente principal dos.

Las líneas enanas seleccionadas en base al valor de índice y estabilidad con el biplot y por no tener relación fraterna entre ellas son: 22, 54, 10, 26, 44, 14, 29, 36, 28 y 5 (ampliación del gráfico en la Figura 4.1A) estas se recombinarán para concluir el primer ciclo de selección del mejoramiento del grupo enano en forma *per se*. En este caso no fue necesaria la utilización del probador virtual para la interpretación del gráfico ya que este coincidió exactamente con el eje de las abscisas.

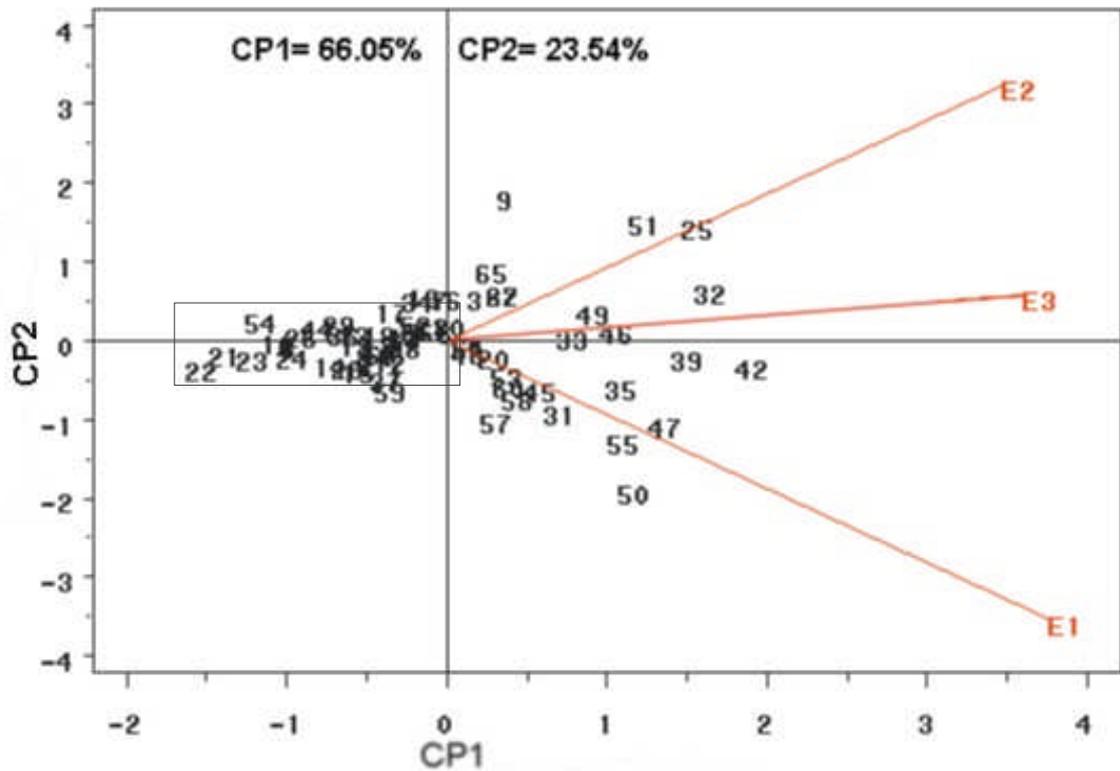


Figura 4.1. Biplot GGE para índices de las líneas enanas a través de las localidades

La Figura 4.1. detectó que los ambientes dos y tres no muestran interacción cruzada entre ellos ya que tienen el mismo signo respecto al

componente principal dos, lo cual significa que estos dos ambientes muestran capacidad de ordenamiento similar, lo cual se deduce por el ángulo pequeño que forman entre ellos y el origen y que la localidad tres es la mas representativa de la región de las tres evaluadas en el 2006. Al respecto Yan y Hunt (2002a) mencionan que el mejor ambiente es el que tiene el vector más largo y cero proyección sobre la ordenada por estar directamente asociadas estas características con poder discriminador y representatividad de los ambientes, respectivamente.

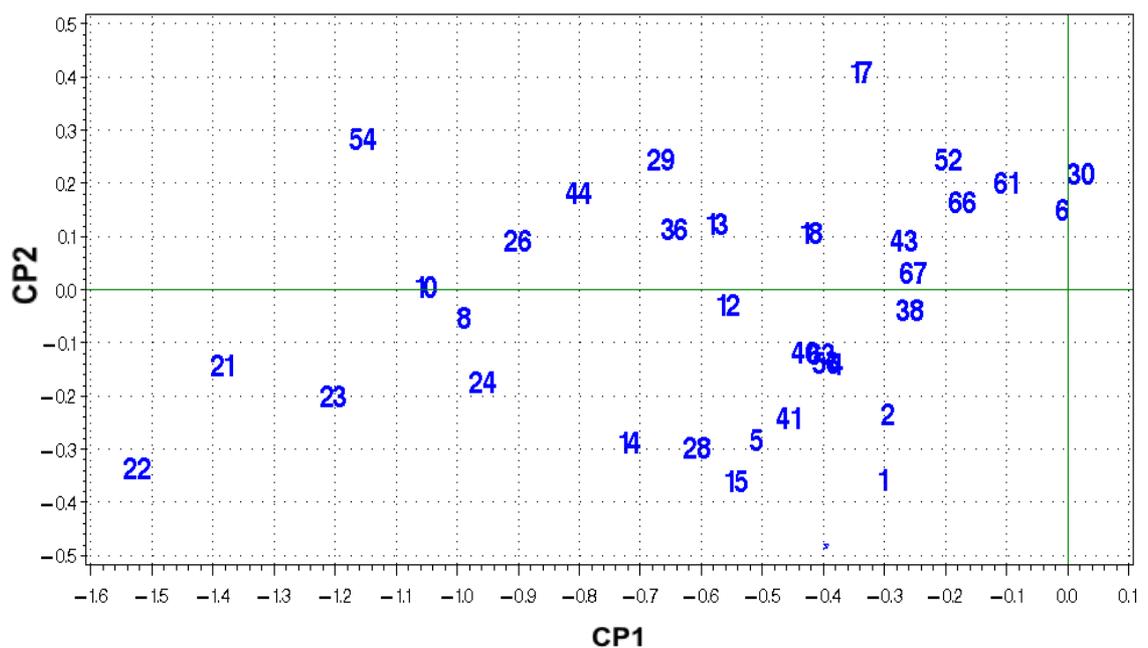


Figura 4.1A. Ampliación del recuadro de la Figura 4.1. donde se observan los genotipos superiores por su potencial genético y estabilidad

En la Figura 4.2 se observa el biplot donde se aprecia el patrón de respuesta del IS, de los ambientes para las líneas tropicales y de la interacción donde destacan por su valor genético expresado como un índice y por su

estabilidad varias líneas de las cuales se seleccionaron las siguientes: 34, 55, 33, 63, 52, 2, 69, 93, 87 y 96 por no existir relación fraterna entre ellas; estas se recombinarán para concluir el primer ciclo de selección de mejoramiento del grupo tropical en forma *per se*. Las líneas seleccionadas se pueden apreciar más claramente en la ampliación que se presenta en la Figura 4.2A donde también se observa la rotación del eje de las abscisas en función de la ubicación del probador virtual.

Los ambientes dos y tres no muestran interacción cruzada también aquí discriminan de manera similar los genotipos, como el observado en la líneas enanas.

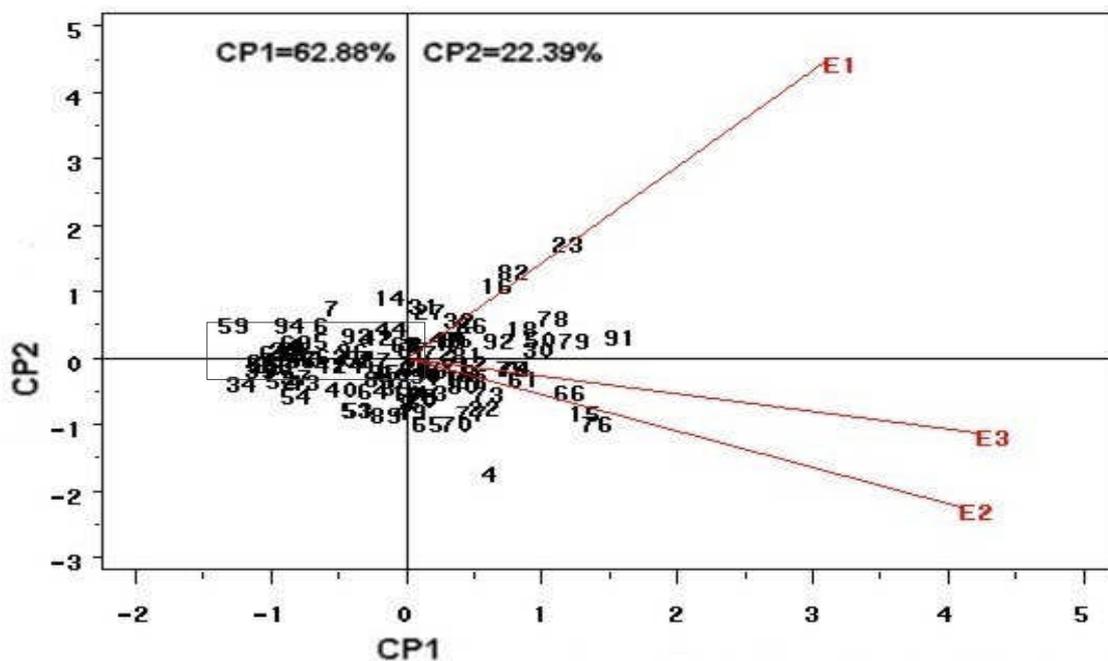


Figura 4.2. Biplot GGE para índices de las líneas tropicales a través de las localidades

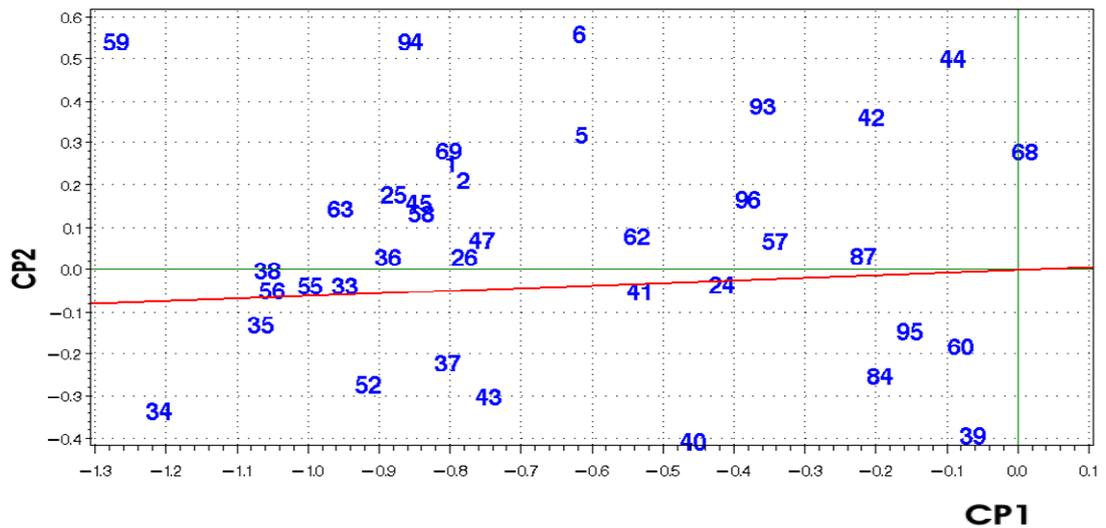


Figura 4.2A. Ampliación del recuadro de la Figura 4.2. donde se observan la ubicación de la línea del promedio de ambientes y los genotipos superiores por su potencial genético y estabilidad.

El método biplot SREG se considera efectivo ya que toma en cuenta no solo el valor genotípico sino también la estabilidad en la selección, además permite la exploración visual de los genotipos, ambientes y la relación entre estos mostrando la importancia de una técnica como esta. Estos resultados se obtuvieron gracias a que las líneas de ambos grupos mostraron un comportamiento constante a través de los ambientes.

En el caso de la selección de las FHC o híbridos experimentales sin la ayuda del grafico, es extremadamente difícil y poco eficiente, ya que al contrario de las líneas, prácticamente todos los híbridos mostraron un comportamiento diferencial a través de los ambientes por lo que en estas situaciones es imprescindible la utilización del grafico biplot para la selección de los sobresalientes.

La inconsistencia de los híbridos experimentales dificulta la identificación de los que son superiores; es por eso que se utilizó el modelo lineal-bilineal de regresión en los sitios (SREG) como lo proponen Yan *et al.* (2000) para aprovechar las ventajas que presenta el efecto de la interacción en el enfoque global de la selección y la interpretación complementada con elementos gráficos (Rodríguez *et al.*, 2005).

En la Figura 4.3 se muestra el comportamiento de los 222 híbridos experimentales que aparecen como puntos en la gráfica, los ambientes muestran el mismo comportamiento observado tanto para líneas enanas como tropicales, además aparece un recuadro donde estarían ubicadas las cruzas que son de interés respecto a potencial genético y estabilidad.

En la Figura 4.3A se amplía este recuadro para la identificación de los mejores genotipos por la definición del ambiente promedio cuyos valores de PC1 y PC2 son iguales a la media de los valores de PC1 y PC2 de todos los ambientes, con el cual se crea una línea que pasa directamente por el origen y la coordenada de este ambiente promedio, los mejores genotipos se definen ahora por su ubicación con respecto a esta línea así las 25 FHC seleccionadas son; 98, 118, 120, 107, 176, 113, 100, 92, 127, 137, 149, 56, 108, 8, 156, 124, 131, 195, 62, 206, 165, 79, 105, 88 y 49 por estabilidad y valor de índice; prefiriéndose los que sus líneas progenitoras no guardan relación fraterna dentro del GG al que pertenecen.

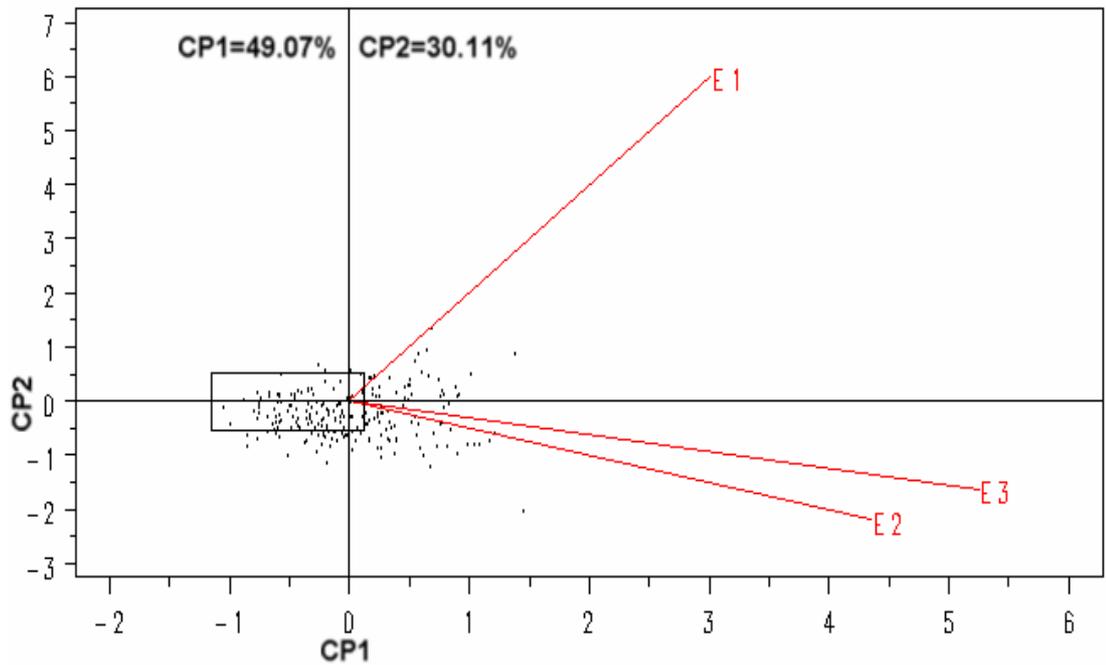


Figura 4.3. Biplot GGE para índices de los híbridos de líneas enanas por tropicales a través de las localidades

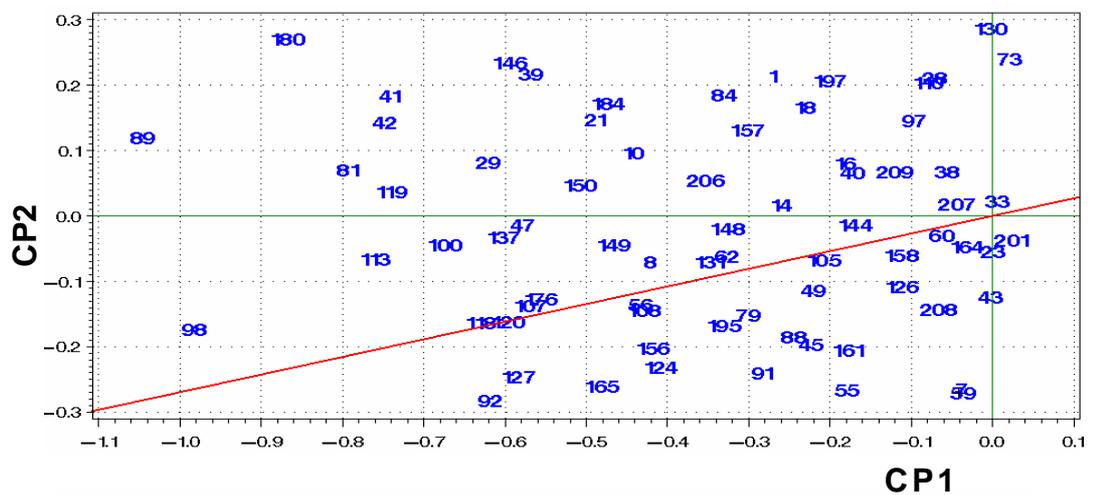


Figura 4.3A. Ampliación del recuadro de la Figura 4.3. donde se observan la ubicación de la línea del promedio de ambientes y los híbridos superiores por su potencial genético y estabilidad.

Los ambientes dos y tres discriminan de manera similar los genotipos por lo que en un momento dado pudiera eliminarse alguno de estos y los resultados seguirían siendo confiables tanto como si se utilizaran las tres localidades ya que estos se consideran como ambientes redundantes como los nombran Yan y Tinker (2005).

Selección de líneas para concluir el primer ciclo de SRR de mejoramiento poblacional *per se* con la metodología de IS

Los IS han sido y son herramientas estadísticas de gran ayuda en el mejoramiento de plantas para identificar los mejores individuos que reconstituirán la población en la conclusión de un ciclo de selección. Con la metodología de IS basada en los valores de la ACG por variable se espera mejorar sustancialmente el desempeño genético de los grupos *per se* e incrementar en cantidad y calidad la respuesta a la selección ya que el índice fue calculado en base a valores genéticos de cada una de las 14 variables agronómicas con lo que se elimina gran parte de la varianza no heredable.

En el Cuadro 4.4. Se muestran 25 líneas enanas preseleccionadas por localidad, de las cuales destacan en las tres localidades pero con diferente orden las líneas 22, 21, 23, 54, 10, 24, 26, 14 y 36. También se incluyen las líneas mas estables, con buenos valores de IS según el modelo SREG y sin relación fraterna entre ellas; estas deben ser necesariamente candidatas a ser recombinadas para mejorar el comportamiento *per se* del grupo heterótico al que pertenecen.

Cuadro 4.4. Concentración de líneas enanas con los mejores valores de IS evaluación hecha en el 2006

ORDEN	LE LOC1	LE LOC2	LE LOC3	LE SELECTAS CONVENCIONAL	ORDEN PROMEDIO	LE SELECTAS GRAFICO BILOT
1	21	22	22	21	3	22
2	54	21	54	22	4	54
3	22	23	10	23	5	10
4	29	59	44	10	7	26
5	23	28	21	54	7	44
6	9	24	23	24	9	14
7	26	8	18	26	10	29
8	10	14	15	14	15	36
9	8	10	24	36	15	28
10	19	37	2			5
11	65	26	8			
12	44	57	26			
13	24	5	41			
14	52	12	13			
15	17	29	36			
16	36	54	56			
17	12	15	14			
18	7	40	63			
19	13	1	4			
20	66	38	34			
21	14	45	1			
22	34	48	62			
23	16	41	3			
24	28	52	5			
25	43	36	37			

LE = Línea enana, LOC1 = Localidad uno, LOC2 = Localidad dos, LOC3= Localidad tres y PROM =promedio del orden en las tres localidades

Con el mismo criterio que se seleccionaron las líneas enanas se preseleccionaron 25 líneas tropicales (Cuadro 4.5.) por localidad; donde la línea número 34 obtuvo valores de índice bajos con orden de 1, 9 y 6 en las localidades uno, dos y tres respectivamente otras líneas que muestran un buen comportamiento promedio son la líneas: 52, 35, 56, 33, 55, 36, 63 y 26. Se presentan también las líneas tropicales de efectos de ACG (en base al IS) favorables y estables, estas características calculadas mediante el modelo SREG, cuya relación fraterna es nula.

Cuadro 4.5. Concentración de líneas tropicales con los mejores valores de IS evaluación hecha en el 2006

ORDEN	LT LOC1	LT LOC2	LT LOC3	LT SELECTAS CONVENCIONAL	ORDEN PROM	LT SELECTAS GRAFICO BILOT
1	34	59	2	34	5	34
2	54	38	59	35	9	55
3	4	63	94	56	12	33
4	51	35	55	33	13	63
5	53	37	56	63	15	52
6	65	33	34	52	15	2
7	52	62	7	55	16	69
8	35	54	6	36	16	93
9	89	34	1	26	21	87
10	37	25	69			96
11	38	58	25			
12	43	94	45			
13	56	45	36			
14	33	36	26			
15	40	69	58			
16	64	47	35			
17	49	1	63			
18	55	56	52			
19	70	42	33			
20	20	52	57			
21	36	5	47			
22	77	14	93			
23	8	7	5			
24	63	26	96			
25	26	55	43			

LT = línea tropical, LOC1 = Localidad uno, LOC2 = Localidad dos, LOC3 = Localidad tres y PROM =promedio del orden en las tres localidades.

Como la selección de estas líneas se realizó tomando en cuenta simultáneamente varios caracteres se espera que el mejoramiento genético sea más rápido (Smith, 1936 y Falconer, 1980). En este estudio aumenta la expectativa de ganancia genética pues los valores de los índices no son fenotípicos sino con base en los valores genéticos de las variables incluidas, estas líneas deberán considerarse por su buen desempeño para ser utilizadas en la siguiente fase del programa de mejoramiento.

Selección de FHC con base en los IS para a partir de ellas identificar las líneas de mayor poder de combinación, de cada población

El objetivo de la selección de FHC es mejorar el comportamiento de la cruce, puesto que en estas se exhibe la habilidad combinatoria general y la habilidad combinatoria específica asociadas a efectos aditivos y a las diferencias en frecuencias génicas para alelos con dominancia parcial a completa de los progenitores, respectivamente (Nestares *et al.*, 1998). Es decir todo lo que contribuye a la heterosis.

La información a cerca de cómo las líneas de diferentes GG combinan y se comportan en híbridos puede facilitar la selección de padres ya que la máxima prueba para el merito de una línea es su comportamiento en combinación híbrida donde la aditividad, la dominancia y la epítasis contribuyen a la expresión de heterosis. Tal es la razón por la cual las líneas destinadas al mejoramiento del patrón se seleccionaron en base al comportamiento de los híbridos tratando de explotar cualquier tipo de acción génica prevaeciente en ellas.

Se identificaron y seleccionaron las 25 FHC más sobresalientes por localidad, en base a su IS que incluye las 14 características agronómicas evaluadas, las líneas progenitoras de las familias selectas se recombinarán dentro de cada grupo heterótico para así explotar cualquiera que sea el grado

de dominancia de los genes bajo selección incluyendo también los efectos genéticos aditivos (Cuadro 4.6.)

Cuadro 4.6. Híbridos seleccionados en base al orden de IS, evaluación hecha en el 2006

ORDEN	LOC1			LOC2			LOC3			HIB CON POTENCIAL Y ESTABILIDAD		
	HIB	PE	PT	HIB	PE	PT	HIB	PE	PT	HIB	PE	PT
1	132	24	35	89	21	63	106	22	33	98	22	55
2	24	8	69	83	21	54	180	56	94	118	23	37
3	25	8	51	118	23	37	41	10	2	120	23	40
4	116	23	34	88	21	62	98	22	55	107	22	38
5	27	9	4	107	22	38	99	22	56	176	54	25
6	31	9	52	119	23	38	29	9	2	113	23	2
7	121	23	43	96	22	4	111	23	6	100	22	57
8	83	21	54	101	22	59	11	5	47	92	21	36
9	173	52	28	42	10	35	113	23	2	127	24	34
10	93	21	37	81	21	6	19	8	1	137	26	45
11	228	67	77	93	21	37	89	21	63	149	29	34
12	175	54	24	94	22	5	79	20	34	8	4	69
13	69	16	53	47	10	42	121	23	43	56	13	44
14	114	23	62	44	10	56	39	10	7	108	22	52
15	145	28	45	129	24	36	125	24	59	156	36	25
16	98	22	55	52	12	59	14	6	69	124	24	1
17	46	10	70	48	10	34	194	60	94	131	24	41
18	30	9	49	190	59	14	145	28	45	195	61	90
19	92	21	36	123	24	31	101	22	59	62	15	55
20	127	24	34	84	21	58	176	54	25	206	63	96
21	118	23	37	19	8	1	137	26	45	165	44	26
22	103	22	54	116	23	34	146	28	47	79	20	34
23	75	19	65	157	37	25	184	57	93	105	22	60
24	54	12	52	133	24	9	150	30	55	88	21	62
25	102	22	65	127	24	34	124	24	1	49	10	8

LOC1 = Localidad uno, LOC2 = Localidad dos, LOC3 = Localidad tres; HIB = Híbrido; PE = Progenitor enano; PT= Progenitor tropical.

Al respecto Betrán y Menz (2004) mencionan que después del mejoramiento inicial mediante selección intrapoblacional se sugiere un cambio a SRR para crear combinaciones alelicas complementarias favorables en ambos grupos heteróticos ya que estas combinaciones aprovecharan la heterosis enfatizando hacia efectos genéticos aditivos y no aditivos.

En el Cuadro 4.6. se presentan los 25 híbridos experimentales seleccionados en cada localidad en base al IS, la selección se realizó de esta manera ya que a ninguno de los híbridos con valor de índice aceptable (primeros 25 dentro de cada localidad) presentaron una consistencia a través de los ambientes, esto pudo deberse el hecho de trabajar con los valores fenotípicos para el cálculo del IS, la variabilidad entre los IS de las cruzas simples y las diferencias entre los ambientes de evaluación exhibió una alta interacción.

El número de híbridos seleccionados se realizó considerando la inclusión de al menos 7 líneas diferentes del grupo enano (22, 54, 26, 29, 4, 61, 44) y 7 líneas diferentes del grupo tropical (55, 25, 45, 34, 69, 90, 26), estas líneas se recombinarán por separado dentro del grupo al que pertenecen para constituir así el primer ciclo de selección del patrón heterótico.

V. CONCLUSIONES

De acuerdo a los objetivos planteados y los resultados obtenidos en el presente trabajo, se establecen las siguientes conclusiones:

Utilizando el IS como medida única e integral del comportamiento de los materiales y el modelo SREG para considerar la interacción con el ambiente, fue posible identificar las FHC agronómicamente superiores y estables. Lo que permitió identificar las líneas 22, 54, 26, 29, 4, 61 y 44 del GG enano y las líneas 55, 25, 45, 34, 69, 90 y 26 del GG tropical mismas que se recombinarán por aparte para que constituyan el primer ciclo de selección del patrón heterótico.

Las líneas sobresalientes por poseer la mejor combinación de efectos de ACG tomando en cuenta todas las variables agronómicas (IS) y ser consistentes en tales efectos fueron las líneas: 22, 54, 10, 26, 44, 14, 29, 36, 28 y 5 para el grupo enano, mientras que para el grupo tropical fueron: 34, 55, 33, 63, 52, 2, 69, 93, 87 y 96 estas serán utilizadas para mejorar el comportamiento de los GG en forma *per se* recombinándose dentro del grupo al que pertenecen.

La localidad más representativa de las tres utilizadas en el presente estudio fue El Mezquite, el Prado, Galeana N.L. quien también mostró mayor poder para discriminar líneas tropicales e híbridos mientras que para las líneas enanas Celaya, Gto. fue la localidad con mayor poder de discriminación.

Los modelos lineales-bilineales fueron efectivos para seleccionar progenitores con precisión en los resultados, ya que durante la selección además de los efectos genéticos lineales de la ACG se consideraron los efectos multiplicativos de la interacción genotipo x ambiente.

VI. RESUMEN

La selección recíproca recurrente (SRR) ha demostrado ser útil para mejorar el desempeño de patrones heteróticos establecidos, reportándose una menor respuesta en el mejoramiento de las poblaciones *per se*, con la idea de hacer más eficiente la estrategia original se han sugerido varias modificaciones, en el presente estudio se trabaja la modificación propuesta por De León *et al.* (2002) donde utilizan progenitores endogámicos con los propósitos de mejorar el comportamiento de los grupos *per se* mediante la selección y recombinación de líneas que muestren altos valores de ACG y mejorar el comportamiento del patrón heterótico con la recombinación de las líneas progenitoras de los híbridos experimentales de desempeño superior. El material genético se constituyó por 222 familias de hermanos completos, híbridos simples experimentales, formadas básicamente entre líneas S₂ y S₃ de los grupos germoplásmicos Enano y Tropical en la localidad de Juventino Rosas Gto., en el 2005. La evaluación de las familias de hermanos completos (FHC) y los cuatro testigos utilizados, AN-447, 30G54, 30G88 y DK2060 se realizó en tres localidades, representativas de El Bajío: Celaya, Gto., Tlahuelilpan, Hgo. y El Prado, Galeana N.L. durante el 2006. Los objetivos del presente trabajo fueron:

- 1) Identificar y seleccionar de los híbridos evaluados, aquellos que muestren un buen comportamiento agronómico y buena estabilidad cuyos progenitores serán

usados para el mejoramiento del patrón heterótico, *ii*) Seleccionar líneas de ambas poblaciones en base a efectos genéticos favorables, para mejorar el comportamiento *per se* de los GG, *iii*) Clasificar los ambientes de evaluación por su capacidad de discriminar genotipos e identificar cual de estos ambientes es más representativo del área de El Bajío y *iv*) Explorar la interacción genotipo por ambiente y considerarla durante la selección. Se registraron 14 variables agronómicas cuya expresión se integró por individuo en el índice de selección (IS) propuesto por Barreto *et al*, (1991) y la selección se realizó atendiendo el orden al merito del IS estimado en cada individuo, en espera de tomar decisiones mejor fundadas y potenciar la respuesta a la selección. Los IS se calcularon por dos vías, para las líneas se emplearon los valores genéticos de la ACG (calculados mediante el diseño línea por probador) como criterio de selección, mientras que para las FHC el criterio para estimar los IS fueron los valores fenotípicos. Por último se auxilió del modelo lineal-bilineal de regresión en los sitios (SREG), para seleccionar las líneas así como las FHC considerando simultáneamente los efectos del IS, la interacción del IS x ambiente y la estabilidad de los materiales. Entre los resultados más sobresalientes utilizando el IS como medida única e integral del comportamiento de los materiales y el modelo SREG para considerar la interacción con el ambiente, fue posible identificar las FHC agronómicamente superiores y estables. Lo que permitió identificar las líneas 22, 54, 26, 29, 4, 61 y 44 del GG enano y las líneas 55, 25, 45, 34, 69, 90 y 26 del GG tropical mismas que se recombinarán por aparte para que constituyan el primer ciclo de selección del patrón heterótico. Las líneas sobresalientes por poseer la mejor combinación de

efectos de ACG tomando en cuenta todas las variables agronómicas (IS), ser consistentes en tales efectos y no guardar relación fraterna dentro del GG al que pertenecen fueron las líneas: 22, 54, 10, 26, 44, 14, 29, 36, 28 y 5 para el grupo enano, mientras que para el grupo tropical fueron: 34, 55, 33, 63, 52, 2, 69, 93, 87 y 96, estas serán utilizadas para mejorar el comportamiento de los GG en forma *per se* recombinándose dentro del grupo al que pertenecen. La localidad más representativa de las tres utilizadas en el presente estudio fue El Mezquite, El Prado, Galeana N.L. quien también mostró mayor poder para discriminar líneas tropicales e híbridos mientras que para las líneas enanas Celaya, Gto. fue la localidad con mayor poder de discriminación. Los modelos lineales-bilineales fueron efectivos para seleccionar progenitores con precisión en los resultados ya que durante la selección además de los efectos genéticos lineales de la ACG se consideraron los efectos multiplicativos de la interacción genotipo x ambiente.

VII. LITERATURA CITADA

- Baker R. J.** 1986. Selection Indices in Plant Breeding. CRC Press Inc. Boca Raton, Florida, USA. 218 p.
- Bänziger M. and H. R. Lafitte.** 1997. Breeding tropical maize for low N and environments: II. The values of secondary traits for improving selection gains under low N. *Crop. Sci.* 37: 1110-1117.
- Barreto H. J., J. A. Bolaños y H. S. Córdova.** 1991. Índice de selección: guía para la operación del software. *Manual de Capacitación Regional.* Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Apdo. Postal, Guatemala.
- Betrán E. J. and M. Menz.** 2004. Corn Breeding *In: Inorganic, History, Technology, and Production*; edited by C. Wayne smith. pp. 305 – 379.
- Becker W. A.** 1985. Manual of Quantitative Genetics. 4th Edition. Academic Enterprises. Pullman, Washington. 170 p.
- Bowman D. T.** 2001. Common Use of the CV: A Statistical Aberration in Crop Performance Trial. *Journal of Cotton Science* 5:137-141.
- Bradu D. and K. R. Gabriel.** 1978. The biplot as a diagnostic tool for models of two-way tables. *Technometrics* 20:47–68.
- 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.
- Butruille V. D., H. D. Silva., S. M. Kaeppler and J. G. Coors.** 2004. Response to selection and genetic drift in three populations derived from the golden glow maize population. *Crop. Sci.* 44: 1527-1534.
- Celis A. H., J. D. Molina. G. y A. Martínez G.** 1986. Estimación de parámetros genéticos e índices de selección de la variedad de maíz (*Zea mays* L.) *Zac* 58. *Agrociencia.* Vol. 63:134-136.

- Comstock R. E., H. F. Robinson and P.H. Harvey.** 1949. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal* 41: 360-367.
- Crossa J., H. Gauch. Y R. Zobel.** 1990. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Sci.* 30:493-500.
- Cunningham E. P.** 1973. Multistage index selection. *Heredity* 31 (3): 430. U.K.
- Davis R. L.** 1927. Report of the plant breeder. Reports of Puerto Rico Agricultural Experimental Station. pp.14-15.
- De León C. H., S. Hernández S., D. Sámano G., A. De La Rosa L., Oyervides G. A. y Rincón S. F.** 2002. Mejoramiento de un patrón heterótico de maíz mediante selección recíproca recurrente. (en línea) http://www.uaaan.mx/DirInv/Avances_2002/Maíz/Selección.pdf.
- Falconer D. S.** 1980. Introducción a la Genética Cuantitativa. 13 impresión. Cía. Editorial Continental, S.A. México. p. 383.
- Finney D. J.** 1962. Genetic gains under three methods of selection. *Genet Res.* 3:417-423.
- Gabriel K. R.** 1971. The biplot graphical display of matrices whit applications to principal components analysis. *Biometrika* 58:453-467.
- Hallauer A. R.** 1975. Relation of gene action and type of tester in maize breeding procedures. *Proc. Annu. Corn Sorghum. Ind. Res. Conf.* 30: 150-165.
- Hallauer A. R.** 1992. Recurrent selection in maize. *Plant Breed. Red.* 9: 115-179.
- Hallauer A. R. and E. Lopez P.** 1979. Comparisons among testers for evaluating lines of corn. *Proc. Annu. Corn. Sorghum. Res. Conf.* 30: 150-165.
- Hallauer A. R; and J. B. Miranda Fo.** 1988. *Quantitative Genetics In Maize Breeding*, 2nd ed. Iowa state University Press, Ames, IA.
- Hazel L. N.** 1943. The genetic basis for constructing selection index. *Genetics* 28: 476-490.

- Hazel L. N. And J. L. Lush.** 1942. The efficiency of three methods of selection. Jour. Hered.33:393-399.
- Henning J. A. and L. R. Teuber.** 1996. Modified convergent improvement: A breeding method for multiple trait selection. Review and interpretation. Crop. Sci. 36: 1-8.
- Hull F. H.** 1945. Recurrent selection for specific combining ability in corn. Agron. J. 37: 134-145.
- Jenkins M. T.** 1940. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. Agron. J. 32: 55-63.
- Jenkins M. T. and A. M. Brunson.** 1932. Methods of testing inbred lines of maize in crossbred combination. J. Am. Soc. Agron. 24: 523 – 530.
- Krivanek A. F. H. Cordova and A. Ramirez.** 2005. Stability and Reliability Analysis of Lowland Tropical Quality Protein Maize (*Zea mays*) Three-way and Single-cross Hybrids. Disponible en <http://a-c-s.confex.com/crops/viewHandout.cgi?uploadid=623> (revisado 15 de agosto de 2007).
- Lee M.** 1995. DNA markers and plant breeding programs. Adv. Agron. 55: 265-344.
- Mandel J.** 1971. A new analysis of variance model for non-additive data. Technometrics 13: 1-18.
- Marquez S. F.** 1982. Modifications of cyclic hybridization in maize with single eared plants. Crop. Sci.22:314-319.
- Matzinger D. F.** 1953. Comparison of three types of testers for the evaluation of inbred lines of corn. Agron. J. 45. 493-495.
- McLean S. D., S. K. Vasal, S. Pandey, and G. Srinibasan.** 1997. The use of testers to exploit heterosis in tropical maize at CIMMYT. In: Book of abstracts. The genetics and exploitation of heterosis *In* crops; AN international Symposium. CIMMYT. Mexico, D.F., Mexico.
- 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). 1988. Madison, Wisconsin. Pp:29-44.
- Menz M. A., A. R. Hallauer and W. A. Russell.** 1999. Comparative response of two reciprocal recurrent selection methods in BS21 and BS22 maize populations. Crop Sci. 39:89–97.

- Moreno G. J., and A. R. Hallauer.** 1982. Combined S_2 and crossbred family selection in full-sib reciprocal recurrent selection. *Theor. Appl. Genet.* 61: 353-358.
- Narro L., Pandey. S., Crossa J., De León C. and Salazar F.** 2003. Using line x tester interaction for the formation of yellow maize synthetics tolerant to acid soils. *Crop Sci.* 43:1718-1728.
- Nestares G., Frutos. E. y Eyhérbide. G.** 1998. Evaluación de líneas de maíz flint colorado por aptitud combinatoria. *Revista PAB Pesquisa Agropecuaria Brasileira.* Vol. 34. Num. 8.
- Ortiz R., Wagoire W.W., Hill J., S. Chandra., Ortiz R. y Stolen O.** 2001. Heritability of and correlations among genotype-by-environment stability statistics for grain yield in bread wheat. *Theor Appl Genet* 103:469–474.
- Rawlings J. O., and D. L. Thompson.** 1962. Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop. Sci.* 2: 217-220.
- Reif J.C., A.R. Hallauer and A.E. Melchinger.** 2005. Heterosis and heterotic patterns in maize. *Maydica* 50: 215-223.
- Rodriguez P.J.E., Sahagún C. J., Villaseñor M. H. E., Molina G. J. D., Martínez G. A.** 2005. La Interacción genotipo X ambiente en la caracterización de áreas temporales de producción de trigo. *Agrociencia* 39:51-64.
- Rusell W. A. D. J. Blackburn and K. R. Lamkey.** 1992. Evaluation of modified reciprocal recurrent selection procedure for maize improvement. *Maydica* 37: 61-67.
- Russell W. A. and S.A. Eberhart.** 1975. Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent and testcross selection programs. *Crop. Sci.* 15:1-4.
- SAS Institute Inc.** 2006. Base SAS® 9.1.3 Procedures Guide, Second Edition, Volumes 1, 2, 3, and 4. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Sharma R.C. and E. Duveiller.** 2003. Selection index for improving helminthosporium leaf blight resistance, maturity, and kernel weight in spring wheat *Crop. Sci.* 43:2031–2036.
- Singh R. K. and Chaudary B. D.** 1985. Line x tester analysis. 3ª edición. *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis.* New Delhi, Ludhiana: Kalyani. Pp 205-214.

- Smith H. F.** 1936. A discriminant function for plant selection. *Biometrics. Ann. Eugen.* 7(2):240-250. U.K.
- Sprague G. F.** 1984. Organization of breeding programs. *Illinois Corn Breeders School* 16: 20-31.
- Yan W.** 2002. Singular value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. *Agron. J.* 94: 990-996
- Yan W. and L. A. Hunt.** 2002a . Biplot analysis of diallel data. *Crop Sci.* 42:21-30.
- Yan W., L. A. Hunt.** 2002b. Biplot analysis of multi-environment trial data *In: quantitative genetics, Genomics and Plant breeding* edited by M.S. Kang. pp. 289-303.
- Yan W., L. A. Hunt, Q. Sheng, and Z. Szlavnic.** 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40:597–605.
- Yan W. and Tinker N.A.** 2005. An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype x environment interaction. *Crop Sci.* 45: 1004-1016.
- 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., 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.
- Zobel R. W., M. J. Wright, and H.G. Gauch.** 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388-393.