

# **IDENTIFICACIÓN DE GERMOPLASMA CON ATRIBUTOS PARA DESARROLLAR HÍBRIDOS DE MAÍZ**

**ALBERTO ZENÓN PEÑA DATOLI**

## **T E S I S**

Presentada como Requisito Parcial para  
Obtener el Grado de:

**MAESTRÍA EN CIENCIAS EN  
FITOMEJORAMIENTO**



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA**

**“ ANTONIO NARRO ”**

**PROGRAMA DE GRADUADOS**

*Buenvista, Saltillo, Coahuila, México*

Octubre de 2008

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA  
“ ANTONIO NARRO ”**

**DIRECCIÓN DE POSTGRADO**

**IDENTIFICACIÓN DE GERMOPLASMA CON ATRIBUTOS  
PARA DESARROLLAR HÍBRIDOS DE MAÍZ**

**T E S I S**

*Por:*

**ALBERTO ZENÓN PEÑA DATOLI**

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

**MAESTRÍA EN CIENCIAS EN  
FITOMEJORAMIENTO**

**Comité Particular de Asesoría**

**Asesor principal:** \_\_\_\_\_  
**Dr. Humberto De León Castillo**

**Asesor:** \_\_\_\_\_  
**MC. Daniel Sámano Garduño**

**Asesor:** \_\_\_\_\_  
**Dr. Víctor M. Zamora Villa**

**Asesor:** \_\_\_\_\_  
**Dr. Mario E. Vázquez Badillo**

\_\_\_\_\_  
**Dr. Jerónimo Landeros Flores**  
Director de Postgrado

*Buenvista, Saltillo, Coahuila, México. Octubre de 2008.*

## AGRADECIMIENTOS

---

A **DIOS** por permitir la culminación de una meta más en mi vida, por su guía e iluminación en el camino recorrido y brindar solución a mis problemas. Gracias **Señor Nuestro...**

A mi **Alma Terra Mater (Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro”)** por brindarme una preparación profesional de calidad en el área del mejoramiento genético a través del Departamento de Fitomejoramiento y, por recibirme y abrigarme en su seno.

Al **Consejo Nacional de Ciencia Y Tecnología (CONACYT)** por el apoyo económico otorgado para la realización de los estudios de postgrado.

Mi más sincero agradecimiento al **Dr. Humberto De León Castillo** y **MC. Daniel Sámano Garduño** por brindarme la oportunidad de laborar con ellos, por sus enseñanzas, amistad, y consejos transmitidos siempre de una manera sencilla y humilde para conmigo.

Al **Dr. Víctor M. Zamora Villa** y **Dr. Mario E. Vázquez Badillo** por su enseñanzas, colaboración, sugerencias y disposición para la revisión de este trabajo de investigación.

A los profesores del programa de **Postgrado en Fitomejoramiento** que me han transmitido los conocimientos esenciales para un desarrollo profesional en el área del fitomejoramiento y afines.

Al **Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil”** por el apoyo brindado para llegar a buen término este trabajo.

A todos mis **amigos** y **compañeros**: Lulú, Cristina, Estela, Olga, Zaira, Cecilia, Yanci, Ing. Parga, Dr. Alfredo de la Rosa, Francisco, Rigoberto, Aimer, Alcalá, Javier, Melesio, Oscar, Víctor, David, Samuel, Cristóbal, Zafra y a todos aquellos con quienes compartí momentos inolvidables durante mi estancia en nuestra **“Alma Mater”**; sinceramente, gracias por su amistad...

## DEDICATORIAS

---

La presente tesis la dediqué a mi hermana *María Antonia Ramos Datoli* (†), a la que Dios no le concedió estar conmigo en este momento y ver consumir una etapa más de mi vida (*Descanse en Paz*). A ti hermana que siempre me inculcaste la *sencillez, humildad, dedicación y esfuerzo* por hacer las cosas lo mejor posible. Gracias por tu apoyo en vida y los momentos inolvidables que compartimos juntos en familia, nunca los olvidaré, aun cuando pase el tiempo siempre estarás en nuestro corazón y pensamientos...

*Solo seremos felices cuando cubremos conciencia de nuestro papel,  
aunque nos corresponda el más oscuro. Solo entonces podremos  
vivir en paz y morir en paz, porque quien da un sentido  
a la vida da un sentido a la muerte.*

Antoine de Saint-Exupery

### **A mis Padres:** *Guadalupe y Rigoberto*

Quienes con cariño, dedicación y paciencia me han orientado por el camino del bien, infundiéndome siempre la humildad, respeto, sinceridad y sencillez.

### **A mis Hermanos:** *María Antonia* (†), *Miguel, Aurelio y Vicente*

Con quienes he pasado momentos de alegría y tristeza; por todo su cariño, confianza y apoyo incondicional que me han brindado siempre.

### **A mi Sobrina:** *Maricarmen*

Por llegar a mi vida y llenarla de felicidad, alegría y amor; por tu ternura, sonrisas y por ser la luz que alumbraba mi camino y la estrella que ilumina mi ser.

### **A mis Tíos:** *Aurelia, Lino y Griselda*

Por los consejos y apoyo en todo momento.

**COMPENDIO****IDENTIFICACIÓN DE GERMOPLASMA CON ATRIBUTOS PARA  
DESARROLLAR HÍBRIDOS DE MAÍZ**

Por

**ALBERTO ZENÓN PEÑA DATOLI****MAESTRÍA EN CIENCIAS EN  
FITOMEJORAMIENTO****UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA “ANTONIO NARRO”**  
Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Octubre 2008**Dr. Humberto De León Castillo ---Asesor---**

**Palabras clave:** *Zea mays L.*, híbridos simples, índices de selección, modelo de regresión en los sitios.

Las metodologías de selección utilizadas en maíz hasta la actualidad, se han basado en el rendimiento y no siempre han conducido al éxito deseado; la respuesta a la selección podría ser maximizada y más efectiva si se consideran simultáneamente otros caracteres correlacionados con el rendimiento. Debido a esta situación, deben usarse procedimientos innovadores que puedan hacer más eficiente el esfuerzo dedicado al desarrollo de nuevos genotipos, mediante

el uso de estrategias como los índices de selección (IS) que considera la selección de genotipos en base al comportamiento simultáneo de varios caracteres. La interacción genotipo-ambiente (IGA) constituye otro factor determinante en la selección de genotipos; para interpretarla el modelo regresión en los sitios (SREG) representa una versátil herramienta, en especial cuando el ambiente contribuye más a la variación total en relación a la participación del genotipo y la IGA. Se estudió un grupo amplio de progenitores (líneas y cruzas simples) pertenecientes a diferentes grupos germoplásmicos (enano, ideotipo, élite, trópico y precoz) con adecuadas características *per sé*, pero que no se cuenta con información sobre su valor genético y potencial de combinación; Ante tal situación, el trabajo de investigación planteó los siguientes objetivos: **i)** Estimar el valor genético de potenciales progenitores (líneas y cruzas simples) derivadas de germoplasma diverso, y con base a sus descendientes híbridos, analizar su interacción con el ambiente, auxiliados con IS y modelos multiplicativos, respectivamente. **ii)** Estudiar los patrones de respuesta de híbridos experimentales a través de los ambientes de evaluación. **iii)** Identificar y seleccionar híbridos que en cruzamientos dirigidos manifiesten un comportamiento productivo superior. La valoración de 616 híbridos experimentales (151 simples y 465 triples) originados por cruzamientos entre líneas  $S_2$  (60) y  $S_3$  (137) de cinco grupos germoplásmicos y cuatro testigos comerciales (AN-447, P30G54, P30G88 y DK-2060) se realizó durante el año 2006 en los ambientes de Celaya, Gto., Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N. L., para con ello identificar híbridos potenciales y estables, progenitores con efectos favorables de ACG y clasificar ambientes por su poder discriminativo de

genotipos y con representatividad para la zona. Se generó un IS a partir de 12 variables, el cual se generó empleando valores genéticos para progenitores y fenotípicos para híbridos; la selección se apoyó en el mérito del IS y con ayuda del modelo SREG que enfatiza al mostrar simultáneamente los efectos lineales del genotipo y la interacción. Los híbridos simples seleccionados fueron los genotipos 98, 3, 136, 114, 9, 57, 132, 13, 105 y 41. Se seleccionaron las líneas 35, 55, 51 y 45 que participaron como probadores y mostraron un comportamiento favorable y consistente, mientras que las líneas 18, 19, 17, 15 y 14 solo fueron seleccionadas considerando el promedio del IS debido a que no mostraron interacción con el ambiente. Dentro de los híbridos triples se seleccionaron las cruzas: 515, 210, 579, 495, 485, 311, 612, 601, 262, 441, 590, 219, 408, 545, 230, 602, 202 y 271 por su alta expresión heterótica; por su potencial mostrado en su descendencia las líneas sobresalientes y consistentes fueron la 210, 164, 159, 158, 181 y 182, mientras que los probadores (cruzas simples) fueron el 9, 11, 8, 10 y 18 debido a sus efectos genéticos favorables. Los ambientes de Tlahuelilpan, Hgo., y El Prado, N. L., clasificaron de manera similar a los genotipos evaluados y Celaya, Gto., tuvo el mayor poder de discriminación de genotipos y además es representativo de la zona El Bajío.

**ABSTRACT**

**IDENTIFICATION OF GERMOPLASM WITH ATTRIBUTES FOR TO  
DEVELOP HYBRID OF CORN**

By

**ALBERTO ZENÓN PEÑA DATOLI**

**MASTER OF SCIENCE IN  
PLANT BREEDING**

**UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA “ANTONIO NARRO”**  
Buena Vista, Saltillo, Coahuila, México. October 2008

**Ph. D. Humberto De León Castillo ---Advisor---**

**Key words:** *Zea mays L.*, single hybrids, selection index, sites regression model.

Selection methodologies used until the present time in corn, have been based on the yield and they have not always driven to the wanted success; the selection response could be maximized and more effective if another characters correlated with yield are simultaneously considered. Due to this situation, innovative procedures must be used that can make the effort dedicated to the development of more efficient genotypes, through use of

strategies as selection index (SI) that consider the genotypes selection based on the simultaneous behavior of several characters. Genotype-environment interaction (GEI) constitutes other decisive factor in the genotypes selection; to interpret GEI the sites in the regression model (SREG) it represents a versatile tool, especially when the environment contribute more to the total variation in relation to the participation of the genotype and the GEI. A wide group of progenitors was studied (lines and single crosses) belonging to different germoplasm groups (dwarf, ideotype, elite, tropical and earliness) with appropriate characteristics *per se*, but without information about their genetic value and combination potential; With regard to this situation, the research work stated outline objectives the following: **i)** Estimate the genetic value of potential progenitors (lines and single crosses) derived from diverse germoplasm, and base on to their hybrid descendants, to analyze their interaction with the environment, aided with SI and multiplicative models, respectively. **ii)** Study the response patterns of experimental hybrid through out the evaluation environments. **iii)** Identify and select hybrids in directed crosses manifest that a superior productive performance. The valuation of 616 experimental hybrids (151 single and 465 three-way) originated by crosses among S<sub>2</sub> (60) and S<sub>3</sub> (137) lines of five germoplasmic groups and four commercial controls (AN-447, P30G54, P30G88 and DK-2060) was carried out during 2006 in the environments of Celaya, Gto., Tlahuelilpan, Hgo and El Prado, N. L., to identify potential and stable hybrids, progenitors with favorable effects of ACG and to classify environments for their discriminative power genotypes and with representativeness for the zone. An SI was generated based a 12 variables,

was generated using genetic values for progenitors and phenotypic for hybrid; was supported selection in SI value and with the aid of SREG model that emphasize to show lineal effects of genotype and interaction simultaneously. The selected single hybrids were genotypes 98, 3, 136, 114, 9, 57, 132, 13, 105 and 41. Lines 35, 55, 51 and 45 were selected, that participated as tester and showed a favorable and consistent performance, while lines 18, 19, 17, 15 and 14 alone were selected considering the average of SI because they didn't show interaction with environment. Among the three-way hybrids, crosses: 515, 210, 579, 495, 485, 311, 612, 601, 262, 441, 590, 219, 408, 545, 230, 602, 202 and 271 were selected for their high heterotic expression; for their shown potential in descendant were excellent and consistent the lines 210, 164, 159, 158, 181 and 182, while the testers (single crosses) were the 9, 11, 8, 10 and 18 due to their favorable genetic effects. Environment Tlahuelilpan, Hgo., and El Prado, N. L., classified in a similar way the evaluated genotypes and Celaya, Gto., have the biggest discrimination power of genotypes and also it is representative of El Bajío zone.

## ÍNDICE DE CONTENIDO

---



---

	<b>Pág.</b>
<b>ÍNDICE DE CUADROS</b> .....	xi
<b>ÍNDICE DE FIGURAS</b> .....	xii
<b>I. INTRODUCCIÓN</b> .....	1
1.1 Objetivos.....	3
1.2 Hipótesis.....	4
<b>II. REVISIÓN DE LITERATURA</b> .....	5
2.1 Híbridos simples.....	5
2.2 Aptitud combinatoria.....	7
2.3 Desarrollo de líneas.....	9
2.4 Probadores.....	11
2.5 Patrones heteróticos.....	12
2.6 Índices de selección.....	15
2.7 Interacción genotipo-ambiente.....	18
<b>III. MATERIALES Y MÉTODOS</b> .....	22
3.1 Material genético.....	22
3.2 Metodología.....	24
3.3 Descripción de los ambientes de evaluación.....	27
3.4 Diseño de siembra, parcela experimental y fechas de siembra.....	28
3.5 Labores culturales.....	28
3.6 Datos agronómicos registrados.....	29
3.7 Rendimiento ajustado por covarianza.....	33

3.8	Análisis estadísticos.....	34
3.8.1	Diseño experimental.....	34
3.8.2	Diseño genético.....	36
3.8.3	Índice de selección de ponderación libre.....	37
3.8.4	Análisis de regresión en los sitios “SREG”.....	42
3.9	Criterios de selección.....	43
<b>IV.</b>	<b>RESULTADOS Y DISCUSIÓN.</b> .....	<b>46</b>
4.1	Análisis de varianza general.....	46
4.2	Análisis de índice de selección de ponderación libre.....	51
4.2.1	Análisis de varianza para híbridos simples a partir de IS.....	52
4.2.2	Análisis de varianza para híbridos triples a partir de IS.....	54
4.3	Selección por “SREG” de híbridos simples y sus respectivos progenitores de óptimo IS y estables.....	56
4.3.1	Probadores (líneas).....	57
4.3.2	Híbridos simples.....	59
4.4	Selección por “SREG” de híbridos triples y sus respectivos progenitores de óptimo IS y estables.....	61
4.4.1	Líneas.....	62
4.4.2	Probadores (cruzas simples).....	64
4.4.3	Híbridos triples.....	65
4.5	Selección de híbridos prometedores y progenitores superiores por IS y modelo “SREG”.....	67
4.5.1	Híbridos simples.....	67
4.5.2	Híbridos triples.....	68
<b>V.</b>	<b>CONCLUSIONES</b> .....	<b>71</b>
<b>VI.</b>	<b>RESUMEN</b> .....	<b>72</b>
<b>VI.</b>	<b>LITERATURA CITADADA</b> .....	<b>74</b>
<b>VII.</b>	<b>APÉNDICE.</b> .....	<b>82</b>

## ÍNDICE DE CUADROS

<b>Cuadro</b>	<b>Pág.</b>
3.1 Genealogía de líneas y probadores de híbridos simples y testigos comunes empleados en la evaluación de los ensayos de rendimiento en el 2006.....	25
3.2 Genealogía de líneas y probadores de híbridos triples utilizados en la evaluación de los ensayos de rendimiento en el 2006.....	26
3.3 Situación geográfica y características climáticas de los ambientes de evaluación, Celaya, Gto, Tlahuelilpan, Hgo. y El Prado, N. L.....	27
3.4 Estructura del análisis de varianza combinado para los tres ambientes.....	35
4.1 Cuadrados medios de 151 híbridos simples y 465 híbridos triples derivados de cinco grupos germoplásmicos y cuatro testigos, evaluados en Celaya. Gto, Tlahuelilpan, Hgo. y El Prado, N. L., durante el 2006.....	47
4.2 Cuadrados medios de híbridos simples y respectivos progenitores con base en el IS a través de ambientes.....	53
4.3 Cuadrados medios de híbridos triples y respectivos progenitores con base en el IS a través de ambientes.....	55
4.4 Concentración de híbridos y progenitores seleccionados con base en el IS y el modelo "SREG".....	69
A1 Metas e intensidades utilizadas para la estimación del IS en cada variable para líneas, probadores e híbridos simples evaluados durante el 2006.....	83
A2 Metas e intensidades utilizadas para la estimación del IS en cada variable para líneas, probadores e híbridos triples evaluados durante el 2006.....	84

## ÍNDICE DE FIGURAS

---

<b>Figura</b>	<b>Pág.</b>
4.1 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para probadores de híbridos simples.....	57
4.2 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para híbridos simples.....	60
4.2A Proyección del recuadro de la Figura 4.2 donde se aprecia el probador virtual y los híbridos simples potenciales y estables.....	61
4.3 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para líneas de híbridos triples.....	62
4.3A Proyección del recuadro de la Figura 4.3 donde se aprecia el probador virtual y las líneas superiores y consistentes.....	63
4.4 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para probadores de híbridos triples.....	64
4.5 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS de híbridos triples.....	66
4.5A Proyección del recuadro de la Figura 4.5 donde se aprecia el probador virtual y los híbridos triples superiores y estables.....	67

## I. INTRODUCCIÓN

Actualmente el aumento en el rendimiento de maíz es debido primordialmente a la utilización cada vez más frecuente de semillas de híbridos comerciales (Paterniani, 1990) porque poseen altos rendimientos; además, la mayoría de ellos presenta resistencia a plagas y enfermedades, una mayor adaptación y un porte adecuado para aprovechar mayores densidades de siembra, características que los hacen tener una mejor aceptación por los productores. Por esta razón, el uso de semilla mejorada es un elemento clave en muchos países en desarrollo para alcanzar niveles competitivos en la producción (Espinosa *et al.*, 2002).

Para los productores la mejor alternativa, es sembrar híbridos simples. Sin embargo, según Preciado y Terrón, (1997) en México este tipo de híbrido no es muy comercializado, entre las causas se encuentra el costo elevado de la semilla, ya que ambos progenitores son líneas endogámicas, que son débiles y poseen un bajo potencial de rendimiento, mayor interacción con el ambiente, un difícil manejo en grandes superficies y por la susceptibilidad que presentan a plagas y enfermedades; por lo que en la actualidad los híbridos triples siguen siendo una buena opción.

Para generar e identificar un híbrido que reúna las características deseables, los programas de mejoramiento necesitan conocer las relaciones genéticas entre los progenitores, ya que es de gran utilidad para planificar los híbridos (Nestares *et al.*, 1999; Betrán *et al.*, 2003; Malacame y San Vicente, 2003). Por tales cuestiones, es necesario y de suma importancia contar con información de los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) para la elección eficiente de los progenitores que darán origen a los mejores híbridos.

Aunque la ACG y ACE son aspectos importantes, la problemática con la que se enfrenta el mejorador es para que característica tomar estos valores (ACG y ACE). Para ello existen procedimientos como el índice de selección que representa un método eficiente para el mejoramiento en forma simultánea de varias características cuantitativas (Smith, 1936). En este trabajo se generó un índice con base en los valores de ACG de 12 variables agronómicas para seleccionar los mejores progenitores.

Con la anterior propuesta se esperan mejores resultados en la selección, más aún si se considera durante el proceso los efectos de la interacción genotipo-ambiente (IGA). La selección de genotipos con los mejores IS que interaccionen lo menos posible con el ambiente, es uno de los principales retos en este trabajo y la evaluación de los genotipos a través de distintos ambientes, permite este objetivo (Gordón *et al.*, 2006).

Es elemental usar procedimientos que minimicen el esfuerzo dedicado al desarrollo de híbridos más eficiente y que permitan la reducción de las etapas de evaluación para la identificación de híbridos superiores.

En el programa de mejoramiento genético del área de El Bajío del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” (IMM) de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), se cuenta con un grupo amplio de líneas y cruzas simples pertenecientes a diferentes grupos germoplásmicos con adecuadas características *per sé*, pero se desconoce su valor genético y potencial de combinación. Ante esta situación, este trabajo de investigación tiene la finalidad de evaluar una serie de cruzas simples y triples para estimar su comportamiento fenotípico y el valor genético de los progenitores involucrados, persiguiendo los siguientes objetivos:

### **1.1 Objetivos**

- 1)** Estimar el valor genético de líneas y cruzas simples derivadas de germoplasma diverso, y con base en sus descendientes híbridos, analizar su interacción con el ambiente, auxiliados con índices de selección y modelos multiplicativos, respectivamente.
  
- 2)** Estudiar los patrones de respuesta de híbridos experimentales a través de los ambientes de evaluación.

- 3) Identificar y seleccionar híbridos que manifiesten un comportamiento superior.

## 1.2 Hipótesis

- a) La variabilidad genética del germoplasma y la utilización de adecuadas herramientas estadísticas, permitirá identificar progenitores (líneas y cruzas simples) con buenos valores genéticos e híbridos experimentales de comportamiento superior.
- b) El evaluar en varios ambientes, fortalecerá la oportunidad de identificar híbridos y progenitores con efectos genéticos favorables y estables.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### 2.1 Híbridos simples

La agricultura maicera de México se ha basado en híbridos dobles, los cuales han desempeñado un brillante papel. Sin embargo, es una etapa que en la actualidad debemos superar, puesto que disponemos de materiales que son necesarios para el desarrollo de los híbridos simples utilizados a nivel de los países desarrollados, líneas de alto grado de endogamia y capaces de dar adecuados rendimientos que pueden hacer rentable el negocio de los híbridos simples para el productor (Bejarano, 2003).

Un viraje de la tecnología de híbridos multiparentales hacia la de híbridos biparentales estará determinada por el comportamiento *per sé* de las líneas a ser utilizadas como parentales hembras de híbridos simples (Vasal *et al.*, 1997c). Los acontecimientos en el mundo desarrollado han sido contundentes al adoptar la tecnología de híbridos simples. Esto ha sido posible mediante la producción de líneas endocrías vigorosas y altamente rendidoras.

Un factor crucial que influye en los costos de producción de diferentes tipos de híbridos, es la capacidad de producción de semilla del progenitor

hembra. La técnica usada en la producción de híbridos proporciona una ventaja de los costos a favor de los híbridos dobles y trilineales. El progenitor hembra de un híbrido simple es una línea endogámica, la cual, por efecto de la depresión de endogamia es normalmente de bajo rendimiento de semilla, y requiere normalmente una mayor proporción de plantas progenitoras macho en la producción del híbrido, incrementando aún más los costos de producción por unidad de área (Espinosa *et al.*, 2003).

Durante el proceso de selección y prueba de líneas se logran identificar algunas con alto potencial de producción de semilla comercial. Jenkins (1978) sugiere que para el caso de híbridos simples, los progenitores deben poseer buena producción y baja proporción de semilla descartable (progenitor hembra) y alto nivel productivo de polen (progenitor macho), así los costos de producción se reducirían considerablemente al obtener una alta producción final de semilla.

Dentro de las bondades de los híbridos simples figura que son fáciles de generar e involucran menos fases en la producción de semilla que los híbridos multiparentales; la producción de semilla de híbridos simples se requiere tres etapas, mientras que los triples y dobles se requieren cinco y ocho respectivamente (Vasal *et al.*, 1997c). El período de tiempo destinado a la identificación de nuevos híbridos se reduce drásticamente y se puede dedicar esfuerzos y recursos adicionales de una manera agresiva al desarrollo de líneas más vigorosas y productivas.

Vasal *et al.* (1994) menciona que en cualquier programa de hibridación deberán formarse híbridos simples, pero éstos tendrán como hembras a líneas con un alto nivel de rendimiento y con tamaño de grano aceptable. Para estos híbridos se necesita identificar líneas como probadores que sirvan como un progenitor fijo en la formación de nuevos híbridos. La metodología de formación de estos híbridos es mucho más fácil y también ayuda a generar nuevos híbridos en un menor tiempo.

## **2.2 Aptitud combinatoria**

La aptitud combinatoria se divide en dos categorías: *aptitud combinatoria general* (ACG) y *aptitud combinatoria específica* (ACE). La ACG es el comportamiento promedio de una línea en una serie de combinaciones híbridas; y la ACE se refiere al comportamiento de dos líneas en determinada cruz (Valdés *et al.*, 2000).

El procedimiento estándar para el desarrollo de híbridos involucra pasos definidos que deben seguirse en el estudio de la aptitud combinatoria de líneas y en la predicción del comportamiento en cruces, especialmente su capacidad para producir buena cantidad y calidad de semilla (Vasal *et al.*, 1997a). Por lo anterior deben ser líneas vigorosas, de buen rendimiento y características agronómicas que favorezca su empleo en la formación de híbridos y la multiplicación de semilla comercial.

El aspecto práctico del mejoramiento del maíz por hibridación está basado en el desarrollo de líneas endogámicas y la evaluación de su aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) para la obtención de híbridos comerciales de alto rendimiento (Lobato *et al.*, 2002).

Mediante el conocimiento de la aptitud combinatoria de los progenitores, el mejorador logrará una mayor eficiencia en su programa de mejoramiento, pues le permite seleccionar líneas con un buen comportamiento promedio en una serie de cruzamientos e identificar combinaciones híbridas específicas con un comportamiento superior a lo esperado, con base en el promedio de líneas que intervienen en el cruzamiento (Gutiérrez *et al.*, 2004).

Por otro lado, permite conocer la forma en que actúan los genes de un carácter dado; si la acción es aditiva o no aditiva, y la importancia relativa de cada una. Es posible obtener un rápido avance en la mejora genética si se usan los genotipos de alta aptitud combinatoria (Elizondo, 2000).

Para un programa de mejoramiento que obtiene nuevas variedades a través de hibridaciones, es de suma importancia la elección de los progenitores que resulten en combinaciones híbridas superiores. Una forma de realizar esta selección es a través de la evaluación de la aptitud combinatoria de los genotipos a utilizar, lo que dará información sobre cuáles de estos serán los

más adecuados para mejorar él o los caracteres de interés (Rivas y Barriga, 2002).

La información de aptitud combinatoria de las fuentes de germoplasma y de los progenitores derivados de ellas es un requerimiento importante en un programa de hibridación, además de considerar su respuesta heterótica para incrementar la eficiencia en el programa (Vasal *et al.*, 1990). Para obtener un nivel alto de heterosis debemos combinar progenitores endocriados y no endocriados o una combinación de ambos, y además que pertenezcan a grupos heteróticos opuestos.

Douglas (1982) menciona que el éxito del mejoramiento genético está determinado por el producto final, en este caso será el híbrido. Allard (1980) y Brauer (1985) indican que con el mejoramiento genético se logra valorizar a las líneas progenitoras de los híbridos por medio de las pruebas ACG y ACE logrando con ello determinar la capacidad de las líneas para producir híbridos superiores cuando se cruzan con otras líneas (Quemé *et al.*, 1990).

### **2.3 Desarrollo de líneas**

Uno de los principales objetivos de los programas de mejoramiento en maíz es desarrollar líneas endocriadas que puedan tener un uso potencial como parentales de híbridos de excelente comportamiento.

Los progenitores de cualquier híbrido deben ser líneas vigorosas, de buen rendimiento y características agronómicas que favorezcan su empleo en la formación de híbridos y la multiplicación de semilla comercial (Espinosa *et al.*, 1998).

Vasal *et al.* (1997b) afirman que en un programa orientado al desarrollo de híbridos, la identificación de buenos progenitores es de igual importancia a la creación de híbridos superiores. Es necesario enfatizar no solo en la aptitud combinatoria de las líneas, sino también el comportamiento de líneas endogámicas *per sé*, especialmente su capacidad para producir buena cantidad y calidad de semilla.

Dentro de las estrategias en el desarrollo de progenitores el reciclaje de líneas tiene un papel de suma importancia y que este se puede realizar de diferentes maneras pero siempre dentro del mismo grupo heterótico (Vasal *et al.*, 1994). Durante la etapa de desarrollo de líneas, según la tolerancia de endocria de las poblaciones se requiere un reciclaje de líneas a un nivel más temprano.

En la formación de híbridos, deben considerarse tres aspectos: 1) adaptabilidad de los híbridos para su uso comercial, 2) adaptabilidad y rendimientos de líneas progenitoras de híbridos y 3) tecnología de producción mediante la cual expresen al máximo su potencial genético como grano para el caso de híbridos, y como semilla para el caso de las líneas o cruces

progenitoras (Sierra *et al.*, 1992). La evaluación de líneas permite seleccionar aquellas con buen rendimiento *per sé* adicional a la selección para ACG y ACE.

## 2.4 Probadores

En un programa enfocado a la obtención de híbridos de maíz, los probadores pueden ser usados para varios propósitos y es necesario producir y usar los probadores adecuados de acuerdo a los objetivos que se pretendan alcanzar.

Resulta muy conveniente contar con probadores que permitan evaluar, valorizar e identificar líneas nuevas con características superiores y que directamente puedan utilizarse como progenitores de híbridos comerciales, si se trata de una línea o una cruce simple sobresaliente; son también de vital importancia en un programa de mejoramiento, ya que sin ellos no se tendrían las bases necesarias para identificar los materiales sobresalientes o más productivos (Gómez *et al.*, 2002; Rivas *et al.*, 2000).

Jugenheimer (1981) afirma que la clase de probador que se debe usar para la evaluación de líneas puras en combinaciones híbridas depende principalmente sí la información deseada es sobre aptitud combinatoria general o específica; las variedades de polinización libre y sintéticos debido a su heterogeneidad generalmente se usan para determinar la aptitud combinatoria general, mientras que las cruces simples constituyen excelentes probadores para determinar la aptitud combinatoria específica. Por otra parte, menciona que

los probadores deben seleccionarse por su capacidad para determinar cuales líneas combinan bien con otras.

Los probadores son utilizados para establecer modelos heteróticos, mejoramiento entre poblaciones, formación y mejoramiento de nuevos grupos heteróticos, evaluación de la aptitud combinatoria de las líneas e identificación de las combinaciones específicas de híbridos (Sierra *et al.*, 1997; Paliwal, 2001). Por otra parte, estos autores mencionan que una línea endocriada como probador será útil para evaluar la aptitud combinatoria y para la identificación de combinaciones de cruzas simples específicas y un probador híbrido simple podrá ser útil para las combinaciones de tres vías.

Narro *et al.* (2003) mencionan que para seleccionar probadores e identificar líneas sobresalientes, se necesitan métodos más fáciles para estudiar la ACG y la ACE de genotipos. Las dificultades de elección de un probador para identificar líneas superiores es el enmascaramiento de los efectos de la interacción de probadores y las líneas e interacciones genotipo-ambiente en el comportamiento de las pruebas de cruza.

## **2.5 Patrones heteróticos**

Para facilitar el uso de la heterosis y predecir el comportamiento de los híbridos, es necesario el establecimiento y uso de grupos heteróticos. El trabajo de afiliación de genotipos ha sido necesario debido a que no se ha podido correlacionar suficientemente el comportamiento de las líneas *per se* con el

comportamiento de la progenie híbrida para características importantes agronómicamente, principalmente rendimiento (Hallauer, 2000).

La información sobre grupos de individuos que exhiben una consistente respuesta heterótica en sus cruzamientos permite asignar mejor los recursos y concentrar esfuerzos en combinaciones híbridas con mayor probabilidad de resultar promisorias (Ordás, 1991).

Un grupo heterótico se define como un grupo de individuos relacionados o no, que provienen de la misma o diferente población pero que muestran similar comportamiento en aptitud combinatoria y heterosis cuando se cruzan con individuos de otro grupo genéticamente diferente; y un patrón heterótico se definen como un par de grupos heteróticos complementarios que al cruzarse producen descendencia que exhibe una alta heterosis y un excelente desempeño de híbridos (Melchinguer y Gumber, 1998).

Por su parte, Lee (1995) define a un grupo heterótico como una colección de germoplasma, y que cuando los integrantes son cruzados con otros miembros de un germoplasma diferente a esta agrupación, tiende a exhibir un alto grado de heterosis que cuando es cruzada con un miembro de su mismo grupo; y el patrón heterótico esta definido por dos grupos heteróticos recíprocos.

No obstante de su gran importancia en el mejoramiento de maíz, los patrones heteróticos no fueron establecidos en forma sistemática, sino empíricamente relacionando la heterosis observada en cruzamientos con el origen de los progenitores (Nestares *et al.*, 1999). En las especies que exhiben heterosis, el conocimiento de la aptitud combinatoria del germoplasma en cruzamientos con probadores genéticamente divergentes permite su clasificación en grupos heteróticos determinados.

Por éstas y otras razones se tiene un gran interés en la caracterización de la diversidad genética entre y dentro de los grupos heteróticos existentes, así como también la información sobre aptitud combinatoria y patrones heteróticos de compuestos de base amplia, poblaciones base y líneas para maximizar su uso en el desarrollo de híbridos (Beck *et al.*, 1991).

Para facilitar el uso de la heterosis y predecir el comportamiento de los híbridos es necesario el establecimiento, uso de grupos heteróticos y explotación de patrones heteróticos. La clasificación de germoplasma dentro de grupos heteróticos y la asignación de nuevas líneas a grupos heteróticos es vital en los programas de hibridación en maíz (Malacarne y San Vicente, 2003).

El conocimiento de las relaciones genéticas entre las líneas en los programas destinados a obtener híbridos de maíz es de gran utilidad para la planificación de los cruzamientos que darán origen a los híbridos (Betrán *et al.*,

2003; Nestares *et al.*, 1999) para el desarrollo de nuevas líneas y para la asignación de líneas a grupos heteróticos (Pinto *et al.*, 2003).

Después de haber establecido patrones heteróticos en un programa de mejoramiento, es posible optimizar e incrementar la respuesta heterótica a través de selección, y por otra parte, también permiten la elección de probadores basada en el origen de las líneas (Preciado *et al.*, 2005). Las líneas derivadas de fuentes con patrones heteróticos definidos tienden a complementarse una con otra maximizando la respuesta heterótica del híbrido.

## **2.6 Índices de selección**

El principal reto del fitomejorador es seleccionar las mejores plantas, aunque el criterio de lo que es mejor dependa de lo que se desea mejorar; generalmente significa la mejor calidad genética (Xu, 2003). Ahora bien, las metodologías de selección hasta ahora empleadas en maíz, se basan en rendimiento y no siempre han conducido al éxito deseado; la respuesta a la selección podría ser más efectiva si se consideran simultáneamente otros caracteres correlacionados con el rendimiento (Celis *et al.*, 1986).

Para el mejoramiento de características múltiples existen tres métodos de selección: selección en tándem, niveles independientes de rechazo, e índices de selección. Cada método tiene una eficiencia diferente y el que proporcione la ganancia genética máxima por unidad de tiempo y esfuerzo es el mejor (Baker, 1996; Henning y Teuber, 1996).

El índice de selección es el método más eficiente para el mejoramiento en forma simultánea de varias características cuantitativas mediante selección; Smith (1936) fue el primero que sugirió el uso del concepto de una función discriminante como una forma lógica y sistemática de selección de líneas para mejorar simultáneamente varias características cuantitativas; siendo el objetivo principal del índice de selección maximizar el promedio del valor genético de una población.

Becker (1985) define al índice de selección como una función lineal del valor genético de dos o más características, cada una con un peso acorde con un valor económico pre-asignado. La superioridad de la selección efectuada por índice de selección aumenta conforme lo hace el número de caracteres que se desea mejorar (Ossa, 2003).

La utilización de estos métodos de selección depende de las correlaciones genéticas entre las características de interés; el uso de índices de selección teóricamente es mayor que la de los otros dos métodos, sobre todo cuando el número de características por mejorar aumenta, o disminuye cuando existe alguna correlación negativa entre las características de interés (Stonecypher, 1970; Lin, 1978). Con correlaciones negativas entre ellas, el mejoramiento de unas causará el deterioro de otras (Valencia y Vargas, 2001).

Searle (1965) manifiesta que la mejor forma de capitalizar las correlaciones genéticas entre caracteres es construir un índice que combine la información de

varios de ellos. Así mismo, Cunningham (1973) señala que por medio de un índice es posible maximizar la respuesta a la selección para un conjunto de caracteres.

El conocimiento de las interrelaciones entre rendimiento y los caracteres considerados como componentes de rendimiento podría mejorar la eficiencia de los programas de mejoramiento a través del uso apropiado de índices de selección (Mohammadi *et al.*, 2003).

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

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

## 2.7 Interacción genotipo - ambiente (IGA)

El estudio de la interacción genotipo-ambiente (IGA) es un punto de mucha importancia en la etapa final del mejoramiento genético, siendo uno de los factores determinantes en la selección y recomendación de genotipos evaluados en pruebas regionales de rendimiento, debido a que los patrones de respuesta de los genotipos no son uniformes a través de los diversos ambientes donde se evalúan.

La respuesta diferencial de los genotipos a las condiciones ambientales cambiantes se denomina comúnmente “interacción genotipo-ambiente”; es un fenómeno de relevante preocupación para los fitomejoradores y más cuando su magnitud es grande, ya que dificulta la elección y recomendación de genotipos estables a ambientes específicos y origina un lento progreso genético en la selección (Magari y Kang, 1993; Coutiño y Vidal, 2003; De León, *et al.*, 2005).

Gordón *et al.* (2006) menciona que la IGA ocurre cuando hay respuestas diferentes de los genotipos en relación con la variación del ambiente e indica que la selección de genotipos que interaccionen lo menos posible con el ambiente, ha sido uno de los principales objetivos en los programas de mejoramiento genético; la evaluación de los genotipos a través de distintos ambientes, principalmente en ambientes contrastantes, es una de las prácticas usuales para la recomendación de nuevos materiales a los productores de una región o zona específica.

En la evaluación de un alto número de genotipos y ambientes, los métodos multivariados (Rea y De Sousa, 2002) y de ordenación suelen ser utilizados para interpretar la naturaleza de la IGA, al situar en evidencia las asociaciones presentes entre genotipos y ambientes y por la caracterización que realizan de los ambientes (Thomson y Cunningham, 1979).

Para el análisis de la IGA se han desarrollado diversos métodos que permiten caracterizar los genotipos con base en su estabilidad o baja interacción; existen modelos estadísticos empleados para el análisis de ensayos de genotipos evaluados en varios ambientes, que son útiles para estimar patrones de respuesta de los ambientes y genotipos, y también permiten un claro entendimiento de la IGA para lograr predicciones más precisas del rendimiento (Vargas y Crossa, 2000).

Una útil herramienta para la interpretación y evaluación visual de los patrones de respuesta genética, ambiental y de la IGA de los ensayos evaluados en varios ambientes son los gráficos denominados “biplot”, que son una representación gráfica del comportamiento simultáneo de los factores de interés (Crossa *et al.*, 1991; Yan *et al.*, 2001). Originalmente propuestos por Gabriel (1971), los “biplot” representan una excelente alternativa para analizar la IGA de una manera resumida de una gran cantidad de datos a través de un gráfico.

El avance en el conocimiento ha permitido el uso de metodologías más expeditas, como es el “Análisis de efectos principales aditivos y las interacciones multiplicativas”, denominado AMMI por sus siglas en inglés (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction) propuesto por Zobel *et al.* (1988) el cual se basa en la combinación de dos técnicas de análisis de información: el análisis de varianza (ANVA) y el análisis de componentes principales (ACP). El AMMI consiste en realizar un ANVA de la forma convencional y obtener las medias de genotipos, de ambientes y la general del experimento, posteriormente la IGA (residual no aditivo del modelo del ANVA) se ajusta a un modelo multiplicativo de ACP, cuyo fin es reducir la dimensionalidad de la información, de tal manera que se manejen solo dos o tres ejes para su representación.

Debido a la gran facilidad de manejo y a la interpretación gráfica de la información, el método AMMI ha sido usado por diversos investigadores (Crossa *et al.*, 1990); normalmente explica mayor cantidad de variación con dos o tres componentes principales que aquella que explica el ANVA en su fuente de variación correspondiente.

Una propuesta para explorar la respuesta de los genotipos a ambientes específicos es el uso del modelo de regresión en los sitios (SREG), siendo el mismo que el modelo AMMI, sólo que en este, para el análisis de componentes principales se consideran de manera simultánea los efectos genéticos con los efectos de la interacción genotipo-ambiente (Yan *et al.*, 2000).

En la actualidad, el modelo SREG es conocido como “biplot” GGE, debido a que enfatiza al mostrar de manera conjunta y simultánea los patrones de respuestas originados por los efectos del componente principal de los genotipos (G) y los de la interacción genotipo ambiente (GE) en la evaluación de ensayos (Yan, 2002; Burgueño *et al.*, 2003). Una aportación interesante del modelo SREG es que permite agrupar ambientes y genotipos con semejante comportamiento e identificar de forma gráfica cuál es el genotipo con mayor potencial dentro de cada subgrupo de ambientes.

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

#### 3.1. Material genético

El material genético utilizado para la presente investigación incluyó 620 híbridos, de los cuales 151 son simples y 465 triples, generados por cruzamientos entre líneas S<sub>2</sub> (60) y S<sub>3</sub> (137) derivadas de cinco grupos germoplásmicos con adaptación a la región de El Bajío incluyendo cuatro híbridos comerciales como testigos.

A continuación se presenta una breve descripción de cada uno de los grupos germoplásmicos utilizados:

**Grupo 1. (Grupo Enano).** Líneas de plantas braquílicas, se caracterizan por soportar altas densidades de siembra, muestra una gran plasticidad de adaptación, respuesta excelente en combinaciones híbridas y a insumos agrícolas. Exhiben madurez diversa por lo que se pueden encontrar familias de ciclo precoz a intermedio, entrenudos cortos debajo de la mazorca, hojas breves y erectas, espigas compactas y grano dentado.

**Grupo 2. (Grupo Ideotipo).** Líneas constituida por plantas con excelentes atributos agronómicos, que se originó de la transformación de plantas enanas a plantas normales por medio de un programa continuo de retrocruzadas, donde el donador fue una población de amplia y selecta base genética con adaptación al área de El Bajío. El grupo incluye individuos de altura intermedia, hojas cortas y erectas, espiga compacta, madurez intermedia, alto índice de cosecha y perfecta adaptación a regiones con altitudes de 1000 a 2000 msnm.

**Grupo 3. (Grupo Élite).** Líneas derivadas de la recombinación de híbridos comerciales de reciente liberación para el área de El Bajío, incluye híbridos con excelentes atributos agronómicos y genéticos de las diferentes empresas semilleras que impactan el mercado de esta área. El grupo es de reciente formación, se mantiene alta expectativa de éxito en el uso de este germoplasma al que continuamente se le inyecta nuevo germoplasma élite.

**Grupo 4. (Grupo Trópical).** Integrado por líneas que se han derivado de poblaciones con un origen 100% trópical, de ciclo variado, altamente seleccionadas y que no fueron derivadas de una población común. Por ser un grupo de diferente origen geográfico a la región de El Bajío no ha sido mejorado en el área.

**Grupo 5. (Grupo Precoz).** Población formada a partir de líneas élite del programa de mejoramiento del Bajío, eran líneas muy tardías por tal razón se sometieron a un programa de selección gamética con cuatro donadores de

precocidad (Zacatecas 58, Cafime, VS 201 y Zapalote Chico). Se derivaron 1000 líneas de este programa, que se sometieron a un intenso programa de selección *per sé* y de aptitud combinatoria quedando 10 líneas  $S_5$  sobresalientes, las cuales se recombinaron y constituyeron la población de referencia.

La genealogía del material utilizado en el presente estudio se muestra en los Cuadros 3.1 y 3.2 que corresponde a los progenitores (líneas y probadores) que dieron origen a los híbridos simples e híbridos triples, respectivamente.

### **3.2. Metodología**

La generación de líneas ( $S_2$  o  $S_3$ ) dentro de cada grupo germoplásmico se obtuvo mediante el esquema de pedigrí; se realizaron cruzas entre líneas complementarias de un mismo grupo, posteriormente por autofecundación se formaron las poblaciones  $F_2$  y por medio de generaciones sucesivas de autofecundación se generaron dichas líneas. Es importante mencionar que algunas líneas fueron generadas autofecundando directamente plantas dentro de los grupos.

La selección de las líneas por su desempeño agronómico se realizó simultáneamente a la generación de cruzas simples en Juventino Rosas, Gto., durante el Verano de 2005.

**Cuadro 3.1.** Genealogía de líneas y probadores de híbridos simples y testigos comunes empleados en la evaluación de los ensayos de rendimiento en el 2006.

LINEAS		PROBADORES		PROBADORES	
1	232-10-11-1-A-A	1	(PN-304-2xPN-305-2)-5-A	31	(E-90xE-18)-A-A-4
2	PE-114-3-A-A-4	2	(PN-308-2x53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)-2-A	32	(E-90xE-18)-A-A-5
3	(255-18-19-60-A-AxPE-112-3)-A-A-1	3	(PN-304-2xCML-318)-1-A	33	(E-196xE-174)-A-A-1
4	(255-18-19-60-A-AxPE-112-3)-A-A-4	4	(PN-304-2x53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)-2-A	34	(E-196xE-174)-A-A-2
5	(LBCPC4S4xPE-114-3)-A-A-1	5	(PN-305-2xCML-318)-1-A	35	(E-174xE-94)-A-A-2
6	(LBCPC4S4xPE-114-3)-A-A-3	6	(MPNC1P)-1-A	36	(E-174xE-94)-A-A-4
7	(LBCPC4S4xPE-114-3)-A-A-5	7	(PE-108-3xPE-210-1)-5-A	37	(E-174xE-94)-A-A-7
8	(LBCPC4S4xPE-114-3)-A-A-6	8	PN-305-2-A-1	38	(E-174xE-94)-A-A-8
9	(PE-202-1xPE-114-2)-A-A-1	9	PN-305-2-A-4	39	(E-174xE-103)-A-A-2
10	(PE-202-1xPE-112-7)-A-A-1	10	PN-311-2-A-1	40	(E-174xE-197)-A-A-1
11	(PE-202-1xPE-112-7)-A-A-4	11	PN-311-2-A-3	41	(E-174xE-197)-A-A-2
12	(PE-202-1xPE-112-7)-A-A-6	12	PN-301-4-A-2	42	(E-174xE-197)-A-A-3
13	(PE-202-1xPE-114-3)-A-A-1	13	PN-301-4-A-3	43	(E-174xE-197)-A-A-4
14	(PE-202-1xPE-114-3)-A-A-3	14	PN-301-4-A-4	44	(MLNx232-10-11-1 RC4 1N-13-12)-A-A-1
15	(PE-202-1xPE-114-3)-A-A-4	15	PN-301-4-A-5	45	(MLNx232-10-11-1 RC4 1N-13-12)-A-A-2
16	(PE-112-3xPE-112-7)-A-A-1	16	PN-302-2-A-1	46	(MLNx232-10-11-1N-13-1-A-1-2)-A-A-1
17	(PE-112-3xPE-112-7)-A-A-2	17	PN-302-2-A-2	47	(MLNx232-10-11-1N-13-1-A-1-2)-A-A-2
18	(PE-112-3xPE-112-7)-A-A-3	18	PE-208-2-A-1	48	(MLNx232-10-11-1N-13-1-A-1-2)-A-A-3
19	(PE-112-3xPE-112-7)-A-A-4	19	(E-75xE-90)-A-A-1	49	(MLNx232-10-11-1N-13-1-A-1-2)-A-A-4
20	(PE-112-3xPE-112-7)-A-A-5	20	(E-75xE-90)-A-A-2	50	(MLNx232-10-11-1N-13-1-A-1-2)-A-A-5
21	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xLBCPC4)-A-A-2	21	(E-90xE-195)-A-A-2	51	(MLS4-1 RC4N-7-1-1x53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)-A-A-1
22	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xLBCPC4S4)-A-A-3	22	(E-90xE-195)-A-A-5	52	(53-36-37-N-10-2-A-1-1-Ax255-18-19 RC4N-20-2-1)-A-A-1
23	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-114-2)-A-A-7	23	(E-90xE-195)-A-A-6	53	(53-36-37-N-10-2-A-1-1-Ax255-18-19 RC4N-20-2-1)-A-A-2
24	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-1	24	(E-90xE-195)-A-A-7	54	(53-36-37-N-10-2-A-1-1-Ax255-18-19 RC4N-20-2-1)-A-A-3
25	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-2	25	(E-90xE-195)-A-A-8	55	(53-36-37-N-10-2-A-1-1-Ax255-18-19 RC4N-20-2-1)-A-A-4
26	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-3	26	(E-90xE-195)-A-A-9	<b>TESTIGOS</b>	
27	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-4	27	(E-90xE-195)-A-A-10	1	AN-447
28	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-5	28	(E-90xE-195)-A-A-11	2	P30G54
29	(MLS4-1 RC4N-7-1-1xPE-112-7)-A-A-6	29	(E-90xE-95)-A-A-2	3	P30G88
30	(CML-373xAN7 R25-3-1-2-A)-A-A-1	30	(E-90xE-95)-A-A-3	4	DK-2060

**Cuadro 3.2.** Genealogía de líneas y probadores de híbridos triples utilizados en la evaluación de los ensayos de rendimiento en el 2006.

LINEAS	LINEAS	LINEAS
1 (PN-304-2xPN-305-2)-1-A	47 (AS-910xC-221)-3-1-3	93 PN-301-4-A-3
2 (PN-304-2xPN-305-2)-4-A	48 (AS-910xC-221)-3-5-1	94 PN-301-4-A-4
3 (PN-304-2xPN-305-2)-5-A	49 (AS-910xC-221)-3-5-2	95 PN-301-4-A-5
4 (PN-304-2xPN-308-3)-2-A	50 (AS-910xC-221)-3-5-3	96 PN-302-2-A-1
5 (PN-304-2xPN-308-3)-3-A	51 (AS-910xC-221)-3-5-4	97 PN-302-2-A-2
6 (PN-304-2xPN-308-3)-5-A	52 (AS-910xC-221)-3-5-5	98 PE-208-2-A-1
7 (PN-308-2x53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)-2-A	53 (AS-910xC-221)-3-5-6	99 PE-208-2-A-2
8 (PN-304-2xCML-318)-1-A	54 (AS-910xC-221)-4-1-2	100 CAFIME-176-1-1-1
9 (PN-304-2xCML-318)-3-A	55 (AS-910xC-221)-4-1-3	101 CAFIME-176-1-1-2
10 (PN-305-2xCML-318)-4-A	56 (AS-910xC-221)-4-1-4	102 CAFIME-176-1-1-3
11 (PN-305-2xCML-318)-6-A	57 (AS-910xC-221)-4-3-3	103 CAFIME-176-1-2-1
12 (PN-305-2xPN-318-4)-1-A	58 (AS-910xC-221)-4-4-1	104 CAFIME-176-1-2-2
13 (PN-305-2xPN-318-4)-2-A	59 (AS-910xC-221)-4-4-2	105 CAFIME-176-1-2-3
14 (PN-305-2xPN-318-4)-6-A	60 (AS-910xC-221)-4-4-4	106 CAFIME-176-2-2-1
15 (PN-305-2xPN-318-4)-7-A	61 S3-9-1	107 CAFIME-176-2-2-2
16 (PN-305-2xPN-318-4)-9-A	62 S3-19-2	108 CAFIME-176-3-2-1
17 PN-308-1-A-A	63 S3-19-3	109 CB 85HCS V524-4119HC-1-1-5-1
18 PN-323-A-1	64 S3-19-5	110 CB 85HCS V524-4119HC-1-1-5-4
19 PN-323-A-3	65 S3-21-2	111 CB 85HCS V524-4119HC-1-1-5-7
20 PN-323-A-5	66 S3-21-3	112 CB 85HCS V524-4119HC-1-1-5-9
21 PN-323-A-6	67 S3-21-4	113 (E-174xE-103)-A-A-3
22 PN-323-A	68 S3-28-1	
23 LEOPRECOZ-1	69 S3-28-2	
24 LEOPRECOZ-2	70 S3-28-4	
25 LEOPRECOZ-3	71 S3-30-1	
26 LEOPRECOZ-4	72 S3-35-3	
27 LEOPRECOZ-5	73 S3-40-1	
28 LEOPRECOZ-6	74 S3-40-4	
29 LEOPRECOZ-7	75 CB 85HCS V524-4119HC-14-1	
30 LEOPRECOZ-8	76 CB 85HCS V524-4119HC-23-1	
31 LEOPRECOZ-9	77 CB 85HCS V524-4119HC-23-3	
32 LEOPRECOZ-10	78 CB 85HCS V524-4119HC-32-1	
33 LEOPRECOZ-11	79 CB 85HCS V524-4119HC-32-2	
34 LDEPD-2-3	80 CB 85HCS V524-4119HC-43-3-2	
35 PE-112-7-A-A-1	81 CB 85HCS V524-4119HC-49-1	
36 PE-112-7-A-A-2	82 CB 85HCS V524-4119HC-49-2	
37 PE-112-7-A-A-3	83 CB 85HCS V524-4119HC-186-1	
38 PE-114-3-A-A-1	84 PN-305-2-A-1	
39 PE-114-3-A-A-2	85 PN-305-2-A-2	
40 PE-114-3-A-A-3	86 PN-305-2-A-3	
41 MH-2-1-1	87 PN-305-2-A-4	
42 MH-2-1-2	88 PN-305-2-A-5	
43 MH-1-5-1	89 PN-311-2-A-1	
44 MH-1-5-2	90 PN-311-2-A-2	
45 (AS-910xC-221)-3-1-1	91 PN-311-2-A-3	
46 (AS-910xC-221)-3-1-2	92 PN-301-4-A-2	
		<b>PROBADORES</b>
		1 (PE-115-3xMLS4-1)
		2 (LBCPC4S4xPE-115-3)
		3 (LBCPC4S4xMLS4-1)
		4 (18-19-60-A-AxLBCPC4S4)
		5 (MLS4-1x18-19-60-A-A)
		6 (MLS4-1x232-10-11-A-A)
		7 (PE-115-3xMLS4-1)
		8 (LBCPC4S4xMLS4-1)
		9 (MLS4-1x18-19-60-A-A)
		10 (255-18-19-60-A-AxLBCPC4S4)
		11 (PE-112-3xPE-114-2)
		12 (PE-114-2xPE-112-3)
		13 (232-10-11-1N-13-1-A-1-2-AxMLS4-1 RC4N-7-1-1)
		14 (E-94xE-90)
		15 (E-94xE-195)
		16 (E-103xE-90)
		17 (E-103xE-174)
		18 (PE-114-2xAN24-A-A-A)
		19 (255-18-19-60-A-AxE-94)
		20 (LBCPC4S4xE-195)
		21 (LBCPC4S4xE-94)
		22 (PE-202-AxE-90)
		23 (E-195xMLS4-1 RC4N-7-1-1)

La metodología de formación de los híbridos simples consistió en que cada línea seleccionada se cruzó con al menos dos líneas de diferente fondo genético para poder estar en condiciones de estimar su ACG. Para el caso de híbridos triples, las líneas se cruzaron con híbridos simples élite del programa de mejoramiento genético de El Bajío.

En la evaluación de los materiales generados (cruzas simples y triples), se utilizaron los siguientes cuatro testigos que son híbridos comerciales de explotación para esta zona: AN-447, P30G54, P30G88 y DK-2060.

### 3.3. Descripción de los ambientes de evaluación

La evaluación del desempeño de los híbridos experimentales y testigos comerciales se realizó en tres ambientes representativos de la zona denominada El Bajío. En el Cuadro 3.3 se muestran las características principales de los sitios de evaluación correspondientes a Celaya, Gto., Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N. L.

**Cuadro 3.3.** Situación geográfica y características climáticas de los ambientes de evaluación, Celaya, Gto., Tlahuelilpan, Hgo. y El Prado, N. L.

<b>Ambiente</b>	<b>Latitud Norte</b>	<b>Longitud Oeste</b>	<b>Altitud (msnm)</b>	<b>Temperatura Media Anual (°C)</b>	<b>Precipitación Media Anual (mm)</b>
Celaya, Gto.	20° 32'	100° 49'	1754	21.0	597
Tlahuelilpan, Hgo.	20° 08'	99° 14'	2040	18.0	675
El Prado, N. L.	24° 12'	100° 05'	1890	18.0	300

### **3.4. Diseño de siembra, parcela experimental y fechas de siembra**

La siembra en cada experimento se llevo acabo de manera manual depositando dos semillas por golpe y el diseño de siembra utilizado fue un bloques incompletos con un arreglo de alfa-látice con dos repeticiones por ambiente durante el ciclo Primavera-Verano 2006. Los ensayos de rendimiento de los híbridos simples y triples se establecieron por separado dentro de cada ambiente de evaluación.

La parcela experimental fue de un surco de 0.85 m de ancho, con 21 plantas a 0.19 m entre planta y planta. Las fechas de siembra por ambiente de evaluación fueron: El Prado, N. L., el 26 de Marzo de 2006; en Celaya, Gto., el 2 de Abril de 2006; y en Tlahuelilpan, Hgo., el 12 de Abril de 2006.

### **3.5. Labores culturales**

#### **Fertilización**

En Tlahuelilpan, Hgo., no se efectuó dicha fertilización debido a que el ciclo anterior en ese lote se sembró alfalfa que añade nutrientes importantes al suelo y por otra parte, los riegos del cultivo fueron con aguas negras las cuales aportan muchos minerales. Por el contrario, para Celaya, Gto y El Prado, N. L., si fue necesaria la fertilización con una formulación de 180-90-00 kg ha<sup>-1</sup> de nitrógeno y fósforo respectivamente, todo el fósforo y solo la mitad del nitrógeno se aplicó al momento de la siembra, el resto del nitrógeno se aplicó al primer cultivo.

## **Riegos**

Las aplicaciones fueron variables y de acuerdo a la humedad disponible en cada sitio de evaluación, el único común fue a la siembra.

## **Control de malezas**

En los tres ambientes se utilizó un herbicida pre-emergente denominado Primagram Gold<sup>®</sup> (cuyo ingrediente activo es S-Metalaclor + Atrazina) a razón de 4 L ha<sup>-1</sup> aplicado después del riego de siembra y un cultivo a los 40 días de la siembra.

## **Cosecha**

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

### **3.6. 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).

**Sincronía floral (SF)**

Diferencia expresada en días transcurridos entre la floración masculina y floración femenina, para este trabajo se tomó como base a la floración masculina.

**Altura de planta (AP)**

Distancia en metros entre la base de la planta y hasta la hoja bandera. Después del estado lechoso del grano.

**Altura de mazorca (AM)**

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 planta y la inserción de la mazorca principal expresado en porcentaje.

$$RMP = \left( \frac{\textit{Altura de planta}}{\textit{Altura de mazorca}} \right) \times 100$$

**Acame de raíz (AR)**

Porcentaje de plantas acamadas por parcela, considerando como tal las que presentaban una inclinación mayor de 30° con respecto a la vertical.

**Acame de tallo (AT)**

Porcentaje de plantas por parcela que presentaron el tallo quebrado por debajo de la mazorca principal.

**Mala cobertura (MC)**

Por ciento de plantas cuya mazorca no estaba cubierta totalmente por las brácteas (totomoxtle) 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, evaluadas con respecto al total de las plantas establecidas.

**Calificación de planta (CP)**

Calificación visual de las plantas por parcela útil que considera porte, sanidad y uniformidad. La escala va de 1 a 5 (1 muy buena y 5 muy mala).

**Calificación de mazorca (CM)**

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

**Prolificidad (PROL)**

Número de mazorcas cosechadas entre número de plantas cosechadas expresado en porcentaje.

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

**Peso de campo**

Peso expresado en kilogramos del total de las mazorcas cosechadas por parcela útil.

**Por ciento de humedad**

Para obtener este dato, se tomó un número de mazorcas representativas de la parcela, de las cuales se desgranó de 3 a 5 hileras para obtener cerca de 100 gramos; esta muestra se somete a medición en un aparato *Dickie John*, que determina la humedad del grano. Esta actividad se realizó al momento de la cosecha.

**Rendimiento (RTO)**

Es la producción estimada por parcela experimental reportada en t ha<sup>-1</sup> de mazorcas al 15.5 % de humedad. Este dato se obtuvo al multiplicar el peso seco (PS) por un factor de conversión (FC).

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

Donde:

**% H** = Porcentaje de humedad del grano a la cosecha por parcela y

**PC** = Peso de campo en kg.

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

**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<sup>-1</sup>; y **10000**= Valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m<sup>2</sup>.

### 3.7 Rendimiento ajustado por covarianza

Debido a que el número de plantas cosechadas fue variable entre parcelas dentro de experimentos se realizó un análisis de covarianza, con el fin de estimar el efecto de esta variable en la expresión final del rendimiento. Cuando se determinó que la covariable mostró significancia mediante la prueba de F, el rendimiento se ajustó mediante la fórmula siguiente:

$$\hat{Y}_{ij} = Y_{ij} - b_i (x_i - \mu)$$

Donde:

$\hat{Y}_{ij}$  = rendimiento ajustado por covarianza;  $Y_{ij}$  = rendimiento sin ajuste del i-ésimo tratamiento;  $b_i$  = coeficiente de regresión estimado;  $x_i$  = número de plantas cosechadas en el i-ésimo tratamiento; y  $\mu$  = promedio de número de plantas por experimento.

### 3.8. Análisis estadísticos

#### 3.8.1. Diseño experimental

El desempeño de los híbridos experimentales y testigos se analizaron bajo un diseño de bloques completos al azar combinado a través de ambientes, con la finalidad de detectar las diferencias estadísticas en las fuentes de variación correspondientes al modelo estadístico. El modelo estadístico para el análisis de varianza combinado fue el siguiente:

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

Donde:  $Y_{ijk}$  = variable de respuesta;  $\mu$  = efecto de la media general;  $A_i$  = efecto del i-ésimo ambiente;  $R_{j(i)}$  = efecto de la j-ésimo bloque dentro del i-ésimo ambiente;  $G_k$  = efecto del k-ésimo genotipo;  $GA_{ik}$  = efecto del k-ésimo genotipo por el i-ésimo ambiente;  $E_{ijk}$  = error experimental.

Para explorar la aportación de cada uno de los componentes a la variación total se realizó el desglose de la suma de cuadrados de genotipos en híbridos simples, híbridos triples y testigos, un contraste entre híbridos simples vs híbridos triples, híbridos simples e híbridos triples vs testigos. El modelo correspondiente se presenta a continuación:

$$Y_{ijklm} = \mu + A_i + R_{j(i)} + S_k + T_l + U_m + AS_{ik} + AT_{il} + AU_{im} + E_{ijklm}$$

Donde:  $Y_{ijk}$  = variable de respuesta;  $\mu$  = efecto de la media general;  $A_i$  = efecto del i-ésimo ambiente;  $R_{j(i)}$  = efecto del j-ésimo bloque dentro del i-ésimo ambiente;  $S_k$  = efecto del k-ésimo híbrido simple;  $T_l$  = efecto del l-ésimo híbrido triple;  $U_m$  = efecto del m-ésimo testigo;  $AS_{ik}$  = efecto del k-ésimo híbrido simple por el i-ésimo ambiente;  $AT_{il}$  = efecto del l-ésimo híbrido triple por el i-ésimo ambiente;  $AU_{im}$  = efecto del m-ésimo testigo por el i-ésimo ambiente;  $E_{ijklm}$  = error experimental.

La estructura de los modelos empleados para el análisis de varianza involucrando los 3 ambientes se muestra en el Cuadro 3.4.

**Cuadro 3.4.** Estructura del análisis de varianza combinado para los tres ambientes.

FV	GL
Ambientes (A)	A-1
Bloques / A	(r-1) A
Genotipos (G)	g-1
HS	a-1
HT	b-1
T	c-1
HS, HT vs T	1
HS vs HT	1
G x A	(g-1)(A-1)
HS x A	(a-1)(A-1)
HT x A	(b-1)(A-1)
T x A	(c-1)(A-1)
Error	Diferencia
Total	Irgab-1

HS=híbridos simples; HT=híbridos triples; T=testigos; FV=fuente de variación; GL=grados de libertad.

### 3.8.2. Diseño genético

La estimación de efectos genéticos de los híbridos experimentales (simples y triples) se analizó bajo el modelo genético de línea por probador, siguiendo la estrategia propuesta por Singh y Chaudhary (1985), ya que permitió particionar a los híbridos en sus componentes: línea, probador y línea por probador. La información recopilada se estudió bajo la rutina para SAS de Bartolome y Gregorio (2000), con el objetivo de estimar la aptitud combinatoria de líneas, probadores y la cruce entre ellos, bajo el siguiente modelo lineal:

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

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

La estimación de los efectos genéticos de ACG tanto de híbridos simples como híbridos triples se realizó mediante las siguientes formulas:

- Estimación de efectos de ACG para líneas:

$$L_i = \frac{X_{i...}}{pra} - \frac{X_{....}}{lpra}$$

- Estimación de efectos de ACG para probadores:

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

- Estimación de efectos de ACE para híbridos:

$$H_{ij} = \frac{X_{ij..}}{ra} - \frac{X_{i...}}{pra} - \frac{X_{.j..}}{lra} + \frac{X_{....}}{lpra}$$

Donde:  $L_i$ = aptitud combinatoria general de líneas;  $P_j$ = aptitud combinatoria general de probadores;  $H_{ij}$ = aptitud combinatoria específica de híbridos;  $l$ = número de líneas;  $p$  = número de probadores;  $r$  = repeticiones;  $a$  = número de ambientes;  $X_{i...}$ = sumatoria de la  $i$ -ésima línea;  $X_{.j..}$ = sumatoria del  $j$ -ésimo probador;  $X_{ij..}$ = comportamiento específico de la cruce de la  $i$ -ésima línea con el  $j$ -ésimo probador a través de repeticiones y ambientes; y  $X_{....}$ = sumatoria total.

### 3.8.3. Índice de selección de ponderación libre

Con el plan de tener una estrategia más precisa para el manejo del germoplasma en el programa de mejoramiento genético, la selección de los genotipos se efectuó en base en la inclusión simultánea de varios caracteres con la asistencia del método de “**índices de selección**” (IS) de Barreto *et al.* (1991).

Este procedimiento permitió establecer decisiones mayormente fundamentadas y orientadas hacia la obtención de una mejor respuesta en el proceso de selección. En esta investigación se evaluaron 14 caracteres en cada individuo, la elección de los mejores se realizó tomando en cuenta el *índice* estimado para cada genotipo.

La metodología para la estimación de los IS fue dando seguimiento a la propuesta planteada por Barreto *et al.* (1991):

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

Donde: **IS** = Índice de Selección;  $Y_{j...n}$  = Variable en Unidades Z (estandarizadas);  $M_{j...n}$  = Meta de Selección;  $I_{j...n}$  = Intensidad de Selección;

La **intensidad de selección** se refiere a la importancia relativa de las diversas variables a utilizarse en la selección. Este valor puede ser diferente para cada variable, según el criterio del investigador y toma valores en rango de 1 a 10. Un valor de intensidad grande (10) representa una mayor importancia y un valor pequeño (1) representa menor peso económico a la variable en cuestión.

La **meta de selección** de cada variable esta referida a las unidades de desviación estándar del promedio que se desea lograr en la selección. La meta toma valores de -3 a +3, con valores positivos se seleccionan genotipos por

arriba del promedio de la población para la variable en cuestión; por el contrario, con valores negativos aquellos numéricamente por debajo del promedio y para elegir genotipos cercanos al promedio se utilizan metas con valores de cero.

Dado la naturaleza del parámetro de medición distinto que poseen las variables descriptivas a analizar (toneladas, centímetros, días, porcentajes, etc.), resultó de suma importancia estandarizar todos los valores para que las distintas variables pudieran combinarse, esto se realizó con la ayuda de la siguiente formula:

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

Donde: **Z**= Valor estandarizado;  $Y_j$  = Valor observado;  $\bar{Y}$  = Promedio; y  
**S**= Desviación estándar;

El valor estandarizado de cada una de las variables mientras más cerca se encuentre de la meta deseada, más pequeño es el valor del IS calculado y se acerca más al genotipo con los criterios deseados (superior), por el contrario, mientras mas grande es el valor del IS más alejado se esta del genotipo con los criterios establecidos (inferior). El genotipo que contenga el valor de IS más pequeño es considerado el mejor.

Para la construcción de los IS se consideró estimarlos por repetición dentro de cada localidad, para posteriormente realizar un análisis de varianza

convencional con los valores obtenidos. Los valores empleados para el cálculo de IS fueron distintos para las líneas, probadores e híbridos; como criterio de selección en líneas y probadores se emplearon los valores genotípicos (ACG), mientras que para los híbridos experimentales los valores fenotípicos. Para ambos criterios se consideró el peso económico de las 14 variables registradas en cada genotipo.

Previó al cálculo del IS mediante el programa se detectaron correlaciones en ciertas variables, por lo que se procedió a excluirlas del análisis final; siendo estas FF y AM, debido a que mostraban una correlación con FM y AP, respectivamente. Por otra parte, para la asignación de intensidades y metas correspondientes para los híbridos simples y triples, así como de sus respectivos progenitores (líneas y probadores) se consideraron aspectos de importancia para cada una de las variables empleadas.

En cuanto a las intensidades, se considero la importancia relativa de cada característica analizada en los progenitores e híbridos, a las cuales se le otorgo un valor con el objetivo de tener una selección apropiada de genotipos y evitando el desecho de germoplasma potencial. La intensidad empleada para la selección de las líneas y probadores de híbridos simples fue la misma que se utilizó para los híbridos triples; por el contrario, para la elección de los híbridos experimentales sufrieron una modificación de acuerdo con los intereses pertinentes del programa de mejoramiento (Cuadros A1 y A2).

Las metas deseadas para líneas y probadores se establecieron considerando el número de genotipos que mostraban diferencia estadística en cada una de las características involucradas, tomando en cuenta valores positivos o negativos de ACG, según correspondía el interés en cada carácter; y para los híbridos se realizó un ordenamiento de manera ascendente (DF, SF, AP, RMP, AR, AT, MC, PF, CP, CM) o descendente (RTO y PROL), según la importancia de cada variable.

Después de la estimación del IS por repetición para las líneas, probadores e híbridos experimentales, tanto de híbridos simples como híbridos triples, se continuó con la valorización del comportamiento del IS de los genotipos mediante un análisis de varianza convencional a través de ambientes, con la finalidad de determinar diferencias estadísticas en los ambientes, repeticiones, genotipos y genotipos x ambiente. El modelo estadístico utilizado fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + R_{j(i)} + I_k + AI_{ik} + E_{ijk}$$

Donde:  $Y_{ijk}$  = variable de respuesta;  $\mu$  = efecto de la media general;  $A_i$  = efecto del i-ésimo ambiente;  $R_{j(i)}$  = efecto del j-ésimo bloque dentro del i-ésimo ambiente;  $I_k$  = efecto del k-ésimo genotipo;  $AI_{ik}$  = efecto del k-ésimo genotipo por el i-ésimo ambiente;  $E_{ijk}$  = error experimental.

Las metas e intensidades empleadas para la selección de las líneas y probadores, tanto para híbridos simples como triples, se muestran en el apartado de apéndice en los Cuadros A1 y A2, respectivamente.

#### **3.8.4. Análisis de regresión en los sitios (SREG)**

Una vez generados los valores de IS de cada uno de los componentes (líneas, probadores y la cruza correspondiente) para cada híbrido experimental (simples y triples) se procedió a realizar un análisis exploratorio de su comportamiento con la finalidad de conocer los patrones de respuesta de los híbridos experimentales, de los ambientes y de la interacción de los híbridos con los ambientes, así como tener una mayor apreciación de en que ambiente los híbridos muestran su mejor desarrollo y una clasificación de los ambientes por su aptitud para discriminar a los genotipos.

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

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

Donde:  $Y_{ij}$  = rendimiento del i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente;  $\mu_j$  = media en el ambiente j; c= número de componentes principales;  $\lambda_k$  = raíz cuadrada del vector característico del k-ésimo eje del ACP;  $\alpha_{ik}$  = calificación del ACP para el k-ésimo eje del i-ésimo genotipo;  $\gamma_{jk}$  = calificación del ACP para el k-ésimo eje del j-ésimo ambiente;  $R_{ij}$  = residual del modelo con  $\sim \text{DNI} (0, \frac{\sigma^2}{r})$ .

### 3.9. Criterios de selección

Para la identificación de las mejores líneas, probadores e híbridos (simples y triples) se realizó atendiendo a un ordenamiento de manera ascendente dentro de cada ambiente en base al valor de IS estimado; un valor pequeño de IS y constante a través de los ambientes permitió hacer selección hacia dichos genotipos considerándolos como superiores.

Otro principio para la selección de los mejores genotipos a través de ambientes se realizó empleando el modelo SREG propuesto por Yan y Hunt (2002) de acuerdo con el planteamiento de Yan *et al.* (2001) infiriendo que los genotipos y ambientes ideales son aquellos que tienen el vector de mayor longitud con relación al primer componente principal y que estén más cercanos al origen del segundo componente principal por su asociación directa con la estabilidad.

El biplot producido por el modelo SREG sufrió una modificación con el objetivo de descubrir a los genotipos de mayor estabilidad; el gráfico generado adquirió un término adicional al considerar los eigenvalores correspondientes a las coordenadas del promedio ambiental (CPA) denominado “**probador virtual**” (P).

Por la nueva coordenada y considerando el origen se trazó una línea que ocasionó la rotación de los ejes y de esta manera la estabilidad de los genotipos se midió por la distancia de las coordenadas de los materiales con relación a la abscisa y los genotipos más estables fueron los más cercanos a esta línea P (Yan y Hunt, 2002).

Para la explicación de los resultados ofrecidos por el biplot GGE del modelo lineal-bilineal SREG propuesto por Yan *et al.* (2001) se le realizó una adecuación importante a la rutina de Burgueño *et al.* (2003) con el objetivo de poder discutir los análisis en los que se considera a los valores de IS de cada genotipo, debido a que la metodología propuesta por Barreto *et al.* (1991) afirma que el mejor individuo es aquel que posee el valor más pequeño de IS.

Esta adecuación consistió en cambiar el signo de las instrucciones que generan los vectores de los ambientes, con la cual estos fueron trasladados a una posición opuesta, sin perder el sentido para lo que inicialmente fue planteado el modelo.

De esta manera, es posible darle una explicación y sentido más claro y conciso sobre el comportamiento del IS de los genotipos, el comportamiento específico del IS a un ambiente en particular y finalmente estar en condiciones de seleccionar los genotipos prometedores con la ayuda de esta herramienta estadística gráfica.

## IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 4.1 Análisis de varianza general

El análisis involucró a las variables de floración masculina (FM), sincronía floral (SF), altura de planta (AP), relación mazorca-planta (RMP), prolificidad (PROL) y rendimiento (RTO), y para todas estas la fuente de variación ambientes detectó diferencias estadísticamente significativas ( $P \leq 0.01$ ), reflejando así condiciones diferentes para cada ambiente de evaluación (Cuadro 4.1); de acuerdo con Gordón *et al.* (2006) en la evaluación de genotipos a través de distintos ambientes, principalmente contrastantes, es una práctica usual para la recomendación de nuevos materiales a los productores de una región o zona específica.

En la fuente de variación bloques dentro de ambiente se encontraron diferencias estadísticas ( $P \leq 0.01$ ) para las variables FM, AP y RMP, por otro lado, solo se encontró diferencia ( $P \leq 0.05$ ) para PROL; sin embargo, para SF y RTO no se detectó diferencia significativa, otorgando esto a que los bloques se comportaron de manera similar en el ambiente de evaluación y el bloqueo no permitió detectar diferencias para estas variables.

**Cuadro 4.1.** Cuadrados medios de 151 híbridos simples y 465 híbridos triples derivados de cinco grupos germoplásmicos y cuatro testigos, evaluados en Celaya, Gto., Tlahuelilpan, Hgo. y El Prado, N. L., durante el 2006.

FV	GL	FM (días)	GL	SF (días)	GL	AP (cm)	RMP (%)	GL	PROL (%)	GL	RTO (t ha <sup>-1</sup> )
Ambientes (A)	2	373382.950 **	2	19.598 **	2	908850.733 **	19006.507 **	2	77793.328 **	2	8446.546 **
Bloques / A	3	34.197 **	3	4.680	3	2766.037 **	164.390 **	3	1370.019 *	3	26.835
Genotipos (G)	619	66.969 **	619	4.092 **	619	2063.670 **	81.849 **	619	1038.349 **	619	30.147 **
HS	150	48.659 **	150	5.574 **	150	2309.382 **	67.927 **	150	714.412 **	150	22.053 **
HT	464	63.378 **	464	3.135 **	464	1360.632 **	55.399 **	464	920.361 **	464	25.865 **
T	3	95.103 **	3	12.626 **	3	11694.360 **	1123.046 **	3	21365.881 **	3	4.046
HS, HT vs T	1	82.431 *	1	11.503 *	1	10711.708 **	3613.728 **	1	36098.402 **	1	1276.594 **
HS vs HT	1	4064.933 **	1	171.750 **	1	264007.782 **	5921.083 **	1	14738.374 **	1	2573.118 **
G x A	1238	11.871 **	1238	2.392 **	1238	483.955 **	36.023 **	1238	604.881 **	1238	17.204 **
HS x A	300	8.995 **	300	2.729 **	300	438.004 **	27.535	300	613.6397 **	300	15.065 **
HT x A	928	12.636 **	928	2.181	928	460.311 **	37.737 **	928	534.188 **	928	14.472 **
T x A	6	18.356 *	6	7.116 **	6	2094.534 **	114.199 **	6	5166.751 **	6	65.639 **
Error	2149	4.969	2148	1.959	2159	291.787	29.374	2160	513.046	2151	10.647
Media		95.871		-2.285		223.008	55.089		119.181		15.133
Media HS		97.575		-1.934		208.029	53.212		114.834		13.528
Media HT		95.177		-2.436		227.773	56.167		119.508		15.481
Media T		97.018		-1.985		223.955	51.221		128.224		16.584
CV (%)		2.325		-61.247		7.660	9.838		18.606		21.562

\*, \*\* = significancia al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente; HS=híbridos simples; HT=híbridos triples; T=testigos; FV=fuente de variación; GL=grados de libertad; CV=coeficiente de variación; FM=floración masculina; SF=sincronía floral; AP=altura de planta; RMP=relación mazorca-planta; PROL=prolificidad; RTO=rendimiento al 15 % de humedad.

La fuente genotipos presentó diferencias significativas ( $P \leq 0.01$ ) para todas las variables en estudio. Las diferencias son atribuidas a la divergencia en el fondo genético de los grupos germoplásmicos que dieron origen a los híbridos experimentales y por la diversidad de materiales involucrados, en donde se incluyeron híbridos simples, híbridos triples y testigos comerciales.

Todas las variables analizadas mostraron diferencias estadísticas ( $P \leq 0.01$ ) para las fuentes HS y HT (Cuadro 4.1) tales diferencias son atribuidas a la diversidad genética de los progenitores tanto de híbridos simples como híbridos triples involucrados, con ello demuestra la presencia de una amplia variación entre los híbridos, generando la pauta para efectuar selección. La variabilidad genética es esencial para programas de mejoramiento continuo a fin de obtener un éxito en la selección de los mejores individuos (Oyervides *et al.*, 1985). La mayor contribución a la variación de los genotipos lo mostró la fuente HT, se puede constatar a través de la suma de cuadrados que fue superior en todas las variables en comparación a lo observado en HS y testigos.

Por otro lado, los testigos mostraron diferencias estadísticas ( $P \leq 0.01$ ) para la mayoría de las variables, exceptuando a la variable rendimiento, la cual no fue significativa. Dichas diferencias expresadas pudieran deberse a que los materiales proceden de diferentes empresas semilleras; con ello se confirma la amplia diversidad e inconsistencia en el comportamiento de híbridos liberados y explotados comercialmente por las empresas en nuestro país.

Al comparar los híbridos experimentales (híbridos simples y triples) contra los testigos se detectó diferencia significativa para las variables FM, SF, AP, PROL y RTO lo que indica dicho contraste es una clara diversidad entre los materiales que dará paso a una selección de los cruzas experimentales superiores.

Las medias de RTO, RMP y PROL de los testigos reportaron mejores valores que los de híbridos experimentales; por otro lado, existe similitud en los valores para SF y FM entre testigos y cruza simple, pero estos últimos poseen el mejor comportamiento promedio para AP de todos los materiales evaluados. Las diferencias detectadas se consideraran para realizar selección sobre los caracteres agronómicos de importancia tomando en cuenta que los promedios de las demás variables de los híbridos experimentales son aceptables debido a que no existe una marcada lejanía con respecto a los promedios de los testigos.

También se contrastó híbridos simples contra híbridos triples detectándose diferencias estadísticas al  $P \leq 0.01$  de probabilidad para todas las variables en estudio, donde la media de rendimiento, prolificidad y floración masculina fueron mejores en las cruza triples; por el contrario las cruza simples presentaron valores superiores para las variables SF, AP y RMP. Se observa una enorme variación en las variables estudiadas para ambos tipos de cruza, a causa del diverso fondo genético que dio origen a los híbridos experimentales; esto

representa un deseable acontecimiento para efectuar una selección dirigida hacia los híbridos prometedores para el programa de mejoramiento genético.

En la interacción genotipos por ambiente se encontraron diferencias ( $P \leq 0.01$ ) para todas las variables, infiriéndose así que los genotipos mostraron un orden relativo diferente a través de los ambientes involucrados. De igual manera ocurrió con el desglose realizado para dicha interacción (HSxA, HTxA y TxA) ya que dichas fuentes mostraron diferencias y solo para los híbridos triples en SF no se encontró tal significancia. Con el Cuadro 4.1 se deduce que los híbridos triples mostraron una mayor interacción con el ambiente, ya que en las seis variables tiene una aportación del 71 % a la variación total de la interacción considerando la suma de cuadrados correspondientes.

Los híbridos simples solo aportaron el 22 % a la variación y por consecuencia estos muestran menor interacción con el ambiente, que de acuerdo con Preciado y Terrón (1997) representan una excelente alternativa para tener mayor producción por unidad de superficie; por otro lado, por su alto potencial productivo se recomienda el uso de tales híbridos, en los cuales se aprovecha el efecto heterótico de cruzar progenitores de relativa divergencia genética (Melchinger, 1997).

Sin embargo, durante el proceso de la selección es importante considerar, no solo los efectos lineales del genotipo y el ambiente, sino también la interacción genotipo x ambiente ya que a través de ella se detecta la eficacia de

la selección en función de la adaptación genotípica a través de ambientes, lo cual evita la necesidad de desarrollar programas de mejoramiento específicos para cada ambiente en particular (Wong *et al.*, 2006).

El Cuadro 4.1 se muestra un análisis de varianza con el estudio de seis variables, pero no fueron las únicas registradas, ya que se copilaron datos de otras ocho; las cuales se emplearon para determinar las diferencias entre los híbridos experimentales, es de suponer un comportamiento similar en las variables restantes que no se analizaron por no asumir una distribución normal.

La selección de los mejores individuos para un programa de mejoramiento genético es acción de trascendental importancia, pero para elegir a los más sobresalientes con base en características múltiples resulta ser de relativa complejidad. Para esto, los índices de selección constituyen un procedimiento útil que permite separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres y con ello facilita la selección de los mejores individuos (Cerón y Sahagún, 2005). Debido a esto se empleo la metodología de índices de selección propuesta por Barreto *et al.* (1991), la cual permite mejorar simultáneamente varias características.

#### **4.2 Análisis del Índice de selección de ponderación libre**

La estimación del índice para híbridos experimentales (simples y triples) se generó con base en los valores fenotípicos de 12 variables registradas: FM, SF, AP, AR, AT, MC, PF, CP, CM, RMP, PROL y RTO; mientras que para las líneas

y probadores se utilizaron los efectos genéticos de aptitud combinatoria general (ACG) de las mismas variables tomadas en consideración.

Para visualizar el comportamiento de los híbridos experimentales con base en su valor de IS y de esta manera detectar a los mejores híbridos y progenitores superiores se realizó un análisis de varianza para cada tipo de cruce debido a que se estimaron los IS para líneas, probadores e híbridos de las cruces simples y triples, ya que no resultaría correcto considerarlos de manera conjunta, por lo cual se separaron en los correspondientes componentes.

#### **4.2.1 Análisis de varianza para híbridos simples a partir del IS**

A través de los tres ambientes se efectuó un análisis de varianza combinado para cada tipo de híbrido con base en los IS por repetición. En el Cuadro 4.2 se muestran los resultados del análisis de varianza obtenido para híbridos simples y sus progenitores.

Se trabajo con valores de ACG para progenitores (líneas y probadores) debido a que estos explican la proporción de la varianza genotípica debida a los efectos aditivos de los genes (Hoegenmeyer y Hallauer, 1976) y estos efectos genéticos estimados ya desecharon el componente de efecto ambiental.

A pesar de la aseveración anterior, la fuente ambientes mostró diferencias ( $P \leq 0.01$ ) para líneas y probadores (líneas) al usar como información de análisis

al IS, demostrando con ello una gran variación en los valores de IS obtenidos para cada ambiente empleado. Para el caso de los híbridos (cruzas simples) en dicha fuente de variación, los valores fenotípicos mostraron una diferencia estadística semejante que conlleva a pensar en un comportamiento similar al de sus progenitores.

**Cuadro 4.2.** Cuadrados medios de híbridos simples y respectivos progenitores con base en el IS a través de ambientes.

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>Líneas</b>	<b>GL</b>	<b>Probadores</b>	<b>GL</b>	<b>Híbridos</b>
Ambientes (A)	2	13.758 **	2	26.126 **	2	337.185 **
Bloques / A	3	0.985	3	1.398	3	5.366
Genotipos (G)	23	57.516 **	33	22.961 **	150	26.489 **
GxA	46	4.429	66	7.555 **	300	8.232 **
EE	69	3.158	99	4.545	450	5.572
Media		10.515		10.296		12.375
Mínimo		3.212		4.336		3.992
Máximo		20.273		20.738		26.802
CV (%)		16.900		20.707		19.075

\*\*=significancia al 0.01 de probabilidad; FV= fuente de variación; GL=grados de libertad; EE=error experimental; CV=coeficiente de variación.

Para líneas, probadores e híbridos en la fuente de variación bloques dentro de ambientes no se detectó significancia, indicando con ello la ausencia de diferencias por efecto de los sitios de evaluación en los materiales estudiados. Con dichos resultados es importante resaltar que tal efecto se acumulo en el error experimental, lo que indica que el diseño no resultó tan efectivo para estudiar el comportamiento del IS.

La fuente de variación genotipos mostró diferencias estadísticas ( $P \leq 0.01$ ) para líneas, probadores e híbridos, dicha situación es atribuida a la gran

diversidad presente entre los IS en cada material. De esta manera, considerando el valor de IS como un parámetro, que incluye a un conjunto de datos de diversas características y al conocimiento de la diversidad genética presente, ya sea que se utilicen los valores genotípicos o fenotípicos, puede ser un auxiliar confiable en la elección de fuentes de germoplasma principalmente para el desarrollo de nuevos híbridos (Morales *et al.*, 2005).

La fuente GxA resultó significativa ( $P \leq 0.01$ ) para probadores e híbridos, no siendo así para líneas, en la que no se encontró diferencia, tal significancia del comportamiento en los IS se debió a que los genotipos no siempre conservaron la mejor posición con su valor de IS a través de cada ambiente. Los resultados revelan que los genotipos manifiestan diferente comportamiento de IS al ser evaluados en diferentes ambientes. Con la diferencia presente en los materiales, la selección requiere de la ayuda de herramientas que consideran los efectos de esta interacción en el análisis, para lo cual se pueden utilizar los modelos multiplicativos que han demostrado su efectividad en trabajos reportados por Zobel *et al.* (1988); Yan *et al.* (2000) y Vargas *et al.* (2001).

#### **4.2.2 Análisis de varianza para híbridos triples a partir del IS**

Para los híbridos triples también se efectuó un análisis de varianza combinado a partir de los índices por repetición a través de los ambientes de evaluación. Se pueden verificar dichos resultados del análisis realizado para dichos híbridos y sus respectivos progenitores en el Cuadro 4.3.

**Cuadro 4.3.** Cuadrados medios de híbridos triples y respectivos progenitores con base en el IS a través de ambientes.

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>Líneas</b>	<b>GL</b>	<b>Probadores</b>	<b>GL</b>	<b>Híbridos</b>
Ambientes (A)	2	1156.618 **	2	93.867 **	2	40.259 **
Bloques / A	3	3.840	3	4.325	3	115.736 **
Genotipos (G)	81	29.885 **	21	28.921 **	464	16.562 **
GxA	162	8.438 **	42	7.603 **	928	9.694 **
EE	243	4.590	63	3.021	1392	6.702
Media		12.180		11.513		13.812
Mínimo		4.335		4.946		4.694
Máximo		24.062		20.676		33.976
CV (%)		17.590		15.097		18.744

\*\*=significancia al 0.01 de probabilidad; FV= fuente de variación; GL=grados de libertad; EE=error experimental; CV=coeficiente de variación.

En líneas, probadores e híbridos (cruzas triples) se detectó significancia ( $P \leq 0.01$ ) en la fuente de variación ambientes, a consecuencia de una diversificación en el rango de valores de IS a través de los tres ambientes, a lo cual se imputa tales diferencias detectadas.

Solo híbridos resultó con diferencia estadística ( $P \leq 0.01$ ) en la fuente de variación bloques dentro de ambientes, y no siendo de igual forma para sus respectivos progenitores (líneas y probadores) que no mostraron significancia alguna. Esto muestra un efecto ambiental sobre el desarrollo y comportamiento diferencial de los híbridos experimentales en dichos sitios de evaluación.

En la fuente de variación genotipos, tanto para líneas, probadores e híbridos se encontró diferencias estadísticas ( $P \leq 0.01$ ) otorgando tal significancia a la heterogeneidad entre los IS de cada componente. Esto se atribuye a las claras diferencias entre los estimados de ACG y valores

fenotípicos, por lo que el estudio de la variabilidad fenotípica y genética de los genotipos considerando el IS es de gran importancia para definir cuales serán utilizados en programas de mejoramiento más específicos (García *et al.*, 2002).

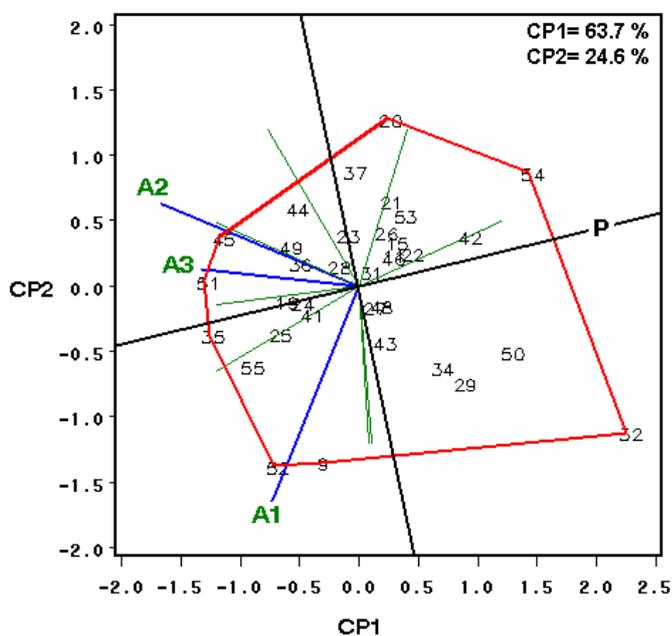
Para híbridos (cruzas triples) y progenitores de éstos, se encontró diferencia al  $P \leq 0.01$  de probabilidad en la interacción GxA; manifestándose de esta manera un comportamiento promedio de los IS variante en orden a través de los sitios de evaluación; por lo cual, para ensayos de rendimiento en diferentes ambientes el comportamiento de los genotipos representa un reto elemental, este fenómeno conocido como interacción genotipo-ambiente ha sido analizado por diversos métodos estadísticos debido a que las evaluaciones en varios ambientes complica la selección y la identificación de genotipos superiores (Crossa *et al.*, 1990; Eskridge, 1990; Flores *et al.*, 1998).

#### **4.3. Selección por SREG de híbridos simples y sus respectivos progenitores de óptimo IS y estables**

La respuesta del comportamiento en los probadores (líneas) y los híbridos (cruzas simples) evaluados mostraron interacción con el ambiente, no siendo de igual manera para líneas las cuales no interactuaron con los sitios de evaluación y debido a esta situación, no fue necesario realizar el análisis exploratorio mediante el modelo SREG para interpretar dicho comportamiento de los materiales, ya que con ello demuestran una aceptable consistencia a través de los ambientes (Cuadro 4.2).

### 4.3.1 Probadores (Líneas)

La Figura 4.1 pertenece al gráfico biplot GGE para probadores, en donde es posible apreciar los patrones de respuesta de los genotipos, los ambientes y la IGA. Los genotipos superiores o ideales según Barreto *et al.* (1991) son los que poseen el valor de IS más bajo y al analizar estos resultados con el modelo SREG propuesto por Yan *et al.* (2000) que indica que el mejor individuo es aquel que posea el vector de mayor longitud con respecto al primer componente principal, para lo cual resultó indispensable la rotación de los vectores ambientales hacia el cuadrante negativo para estar en condiciones de interpretar el biplot GGE con base en los IS obtenidos.



**Figura 4.1.** Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para probadores de híbridos simples. CP1 y CP2=Primero y segundo componente principal; A1=Celaya, Gto; A2=Tlahuelilpan, Hgo; A3=El Prado, N. L.; P=Coordenadas del probador virtual.

Para la correcta interpretación del gráfico biplot y una selección eficaz de los genotipos superiores en base al valor de IS se realizó una rotación del eje de las abscisas originando la nueva abscisa denominada “probador virtual” (**P**) que favorece la correcta ubicación de genotipos sobresalientes, los probadores 25, 45, 35, 51 y 55 son considerados como los genotipos ideales debido a que se encuentran cerca del P y con ello demostrando una mayor consistencia a través de los ambientes. Según lo reportado por Yan *et al.* (2001) que indica que los mejores genotipos son aquellos que se encuentren lo más cerca del componente principal por asociarse de manera directa con la estabilidad.

Con el biplot correspondiente podemos observar que los probadores de mejor comportamiento asociados a ambientes específicos, son el 52 para el ambiente de Celaya, Gto., y el 45 y 51 para los Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N. L., respectivamente; mostrando que dichos genotipos tienen una mejor conducta promedio o consistencia en base a su valor de IS a través de cada ambiente en particular.

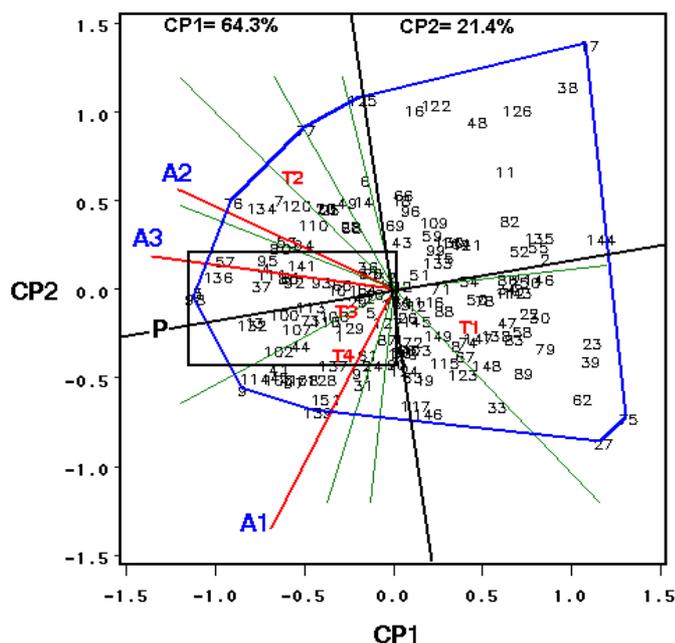
Con respecto a los ambientes, el ambiente ideal debe ser considerado desde dos puntos de vista, el primero sería aquel que muestre mayor poder discriminador y el segundo sería el que sea más representativo de todos los ambientes involucrados; Yan (2002) sugiere que el mejor ambiente es el que posee el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

El biplot de la Figura 4.1 deduce que el ambiente de Celaya, Gto., es el de mayor discriminación y el más representativo para la zona (mega-ambiente) lo es El Prado, N. L.; se observa que los ambientes Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N. L., no muestran una interacción cruzada ya que se encuentran dentro del mismo cuadrante con respecto al componente principal dos, pero si lo manifiestan con Celaya, Gto.

#### **4.3.2 Híbridos simples**

La gran cantidad de germoplasma (híbridos simples), el comportamiento diferencial y la inconsistencia a través de ambientes de los genotipos valorados obstaculiza la selección eficiente y segura de los más prometedores, aquí es donde radica la enorme importancia del modelo de regresión en los sitios (SREG) como lo plantea Yan *et al.* (2000) ya que posibilita la selección mediante una visión amplia de figuras gráficas e ilustrativas de los genotipos sobresalientes y estables.

En la Figura 4.2 se puede apreciar el patrón de respuesta del IS, de los ambientes y de la interacción para los híbridos simples; para lo cual el análisis permitió seleccionar a los híbridos de potencial productivo adecuado y estabilidad aceptable correspondiendo a los genotipos 98, 3, 132, 13, 100, 107, 73, 113, 118 y 106 (Figura 4.2A) que superan en gran medida a los testigos empleados para este trabajo como se aprecia en el gráfico correspondiente.

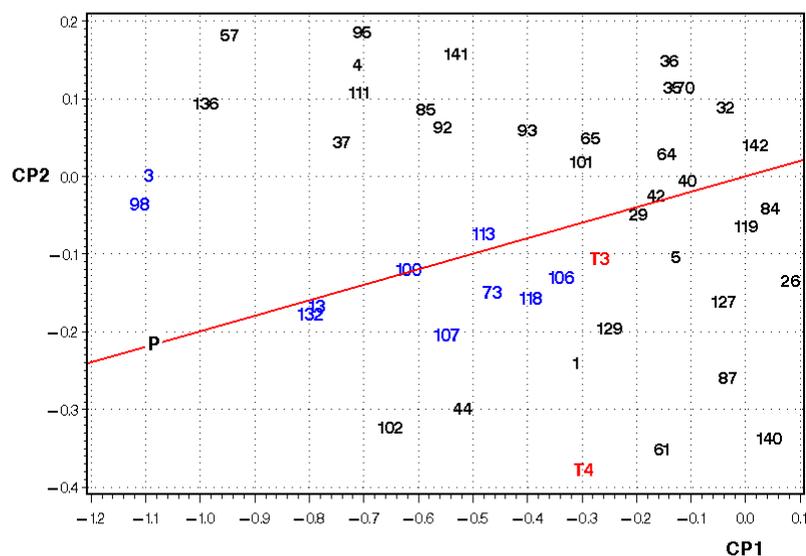


**Figura 4.2.** Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para híbridos simples. CP1 y CP2= Primero y segundo componente principal; A1=Celaya, Gto.; A2=Tlahuelilpan, Hgo; A3=El Prado, N.L.; P= Coordenadas del probador virtual.

El ambiente de Celaya, Gto., sigue siendo el mejor para discriminar a causa de la longitud vectorial reportada. El ángulo tan reducido generado entre los vectores ambientales y el origen de los ambientes Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N. L., revela que ambos tienden a jerarquizar de manera similar a los genotipos, deduciéndose la posibilidad de prescindir de uno de ellos sin perder precisión en los resultados, según lo reportado por Yan y Rajcan (2002) en un estudio de ensayos multiregionales.

Otra interesante propiedad de este biplot de acuerdo con Yan *et al.* (2000) es que los genotipos y ambientes que caen dentro de un mismo sector están asociados y el genotipo que se ubica en el vértice del polígono de ese sector, es el que más se asocia con el ambiente en función de su IS. De esta manera

posibilita una predicción eficaz de cuales individuos muestran el mejor desempeño con los ambientes en particular.



**Figura 4.2A.** Proyección del recuadro de la Figura 4.2 donde se aprecia el probador virtual y los híbridos simples potenciales y estables.

Así, los genotipos que se encuentran en la misma parte del sector son los materiales que producen efectos de IS estables con el ambiente asociado. Con base en la afirmación, los híbridos con asociación en particular se tiene que el 9, 136 y 139 son para el ambiente de Celaya, Gto y el 98 para los ambientes de Tlahuelilpan y El Prado, N. L.

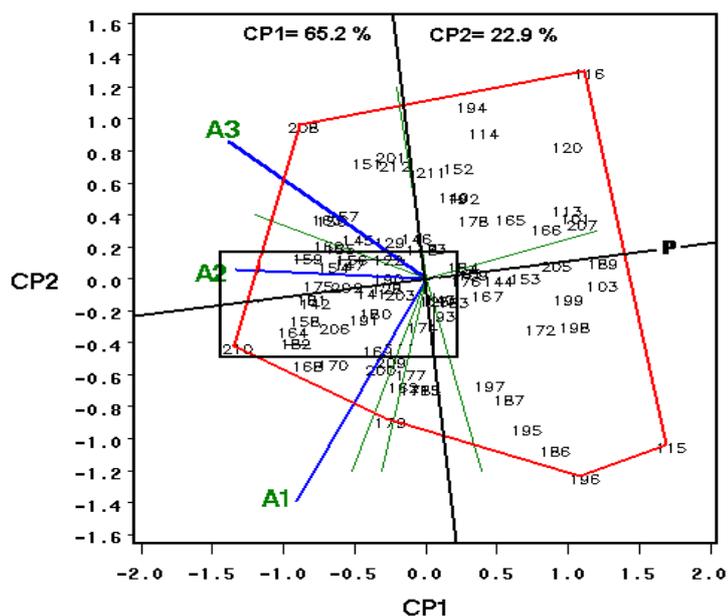
#### **4.4 Selección por SREG de híbridos triples y sus respectivos progenitores de óptimo IS y estables**

Debido a que para este tipo de cruzas en particular se detectaron diferencias estadísticas para la interacción genotipo x ambiente en cada uno de los componentes de genotipos (líneas, probadores e híbridos), según lo

muestra el Cuadro 4.3., por lo cual, se procedió a efectuar los análisis biplot correspondientes para cada componente.

#### 4.4.1 Líneas

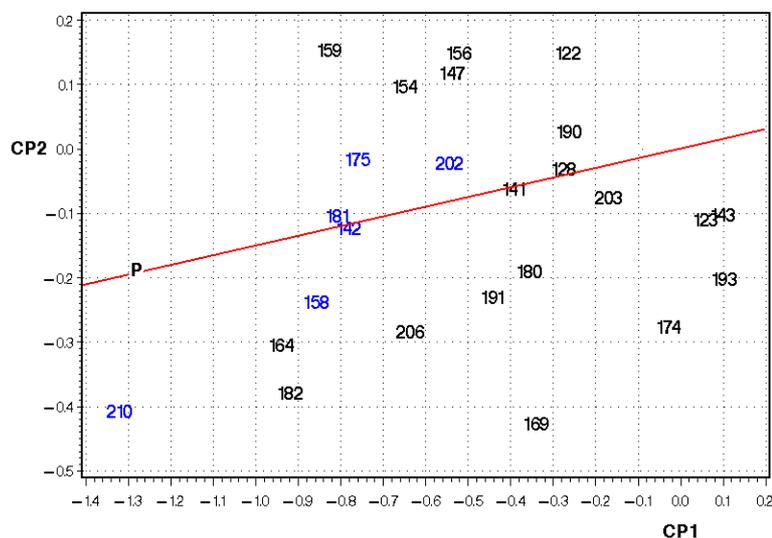
En la Figura 4.3 podemos visualizar el comportamiento de los genotipos con base en su IS a través de los tres ambientes para las líneas de los híbridos triples. En la gráfica biplot se puede visualizar que la línea 210 tiene un sobresaliente comportamiento de IS en el ambiente de Celaya, Gto., de manera semejante lo es la línea 208 que tiene un excelente comportamiento en El Prado, N. L.



**Figura 4.3.** Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para líneas de híbridos triples. CP1 y CP2=Primero y segundo componente principal; A1=Celaya, Gto; A2=Tlahuelliapan, Hgo; A3=El Prado N. L.; P=Coordenadas del probador virtual.

En una ampliación (Figura 4.3A) realizada del biplot anterior se puede observar el comportamiento superior de líneas con una adecuada consistencia

a través de los ambientes siendo la 210, 158, 142, 181, 175 y 202 ubicadas alrededor del probador virtual.



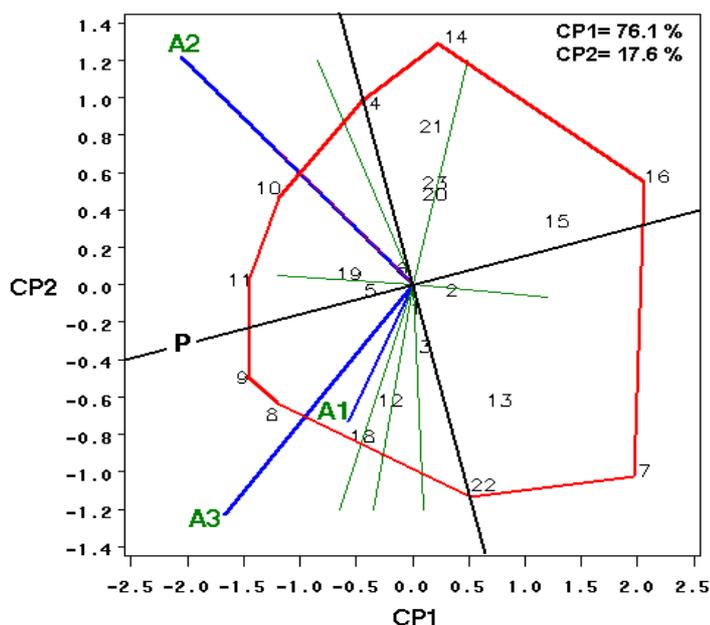
**Figura 4.3A.** Proyección del recuadro de la Figura 4.3 donde se aprecia el probador virtual y las líneas superiores y consistentes.

Los ambientes muestran un patrón de comportamiento similar como en los casos anteriores; en este caso no es la excepción de que el ambiente de Celaya, Gto., ostenta un excelente poder discriminatorio por su longitud vectorial en comparación con los otros dos ambientes empleados.

No se detecta interacción cruzada en los ambientes de Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N. L., dejando en claro que poseen un poder similar de discriminación de las líneas, siendo esta la que más interesa al fitomejorador; por el contrario el ambiente Celaya, Gto y El Prado, N. L., guardan una importante interacción cruzada y por consecuencia ordenan de manera diferente a las líneas (Crossa *et al.*, 2002).

#### 4.4.2 Probadores (Cruzas simples)

Una distribución heterogénea y dispersa en el comportamiento de IS mostraron los probadores (cruzas simples) y tal conducta observada implica mayor dificultad en la selección de los genotipos. La superioridad y consistencia a través de ambientes se detectó considerando el probador virtual generado y con el cual permitió identificar que los genotipos 9 y 11 son los mejores probadores según lo ilustrado en la Figura 4.4 correspondiente al biplot para los probadores de híbridos triples.



**Figura 4.4.** Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para probadores de híbridos triples. CP1 y CP2= Primero y segundo componente principal; A1=Celaya, Gto; A2=Tlahuelilpan, Hgo; A3=El Prado, N. L.; P=Coordenadas del probador virtual.

En este biplot se distingue una clasificación de probadores muy peculiar, debido a que se puede notar que ahora los ambientes de Celaya, Gto y El Prado, N. L., tres tienden a categorizar a los genotipos de manera similar, y el

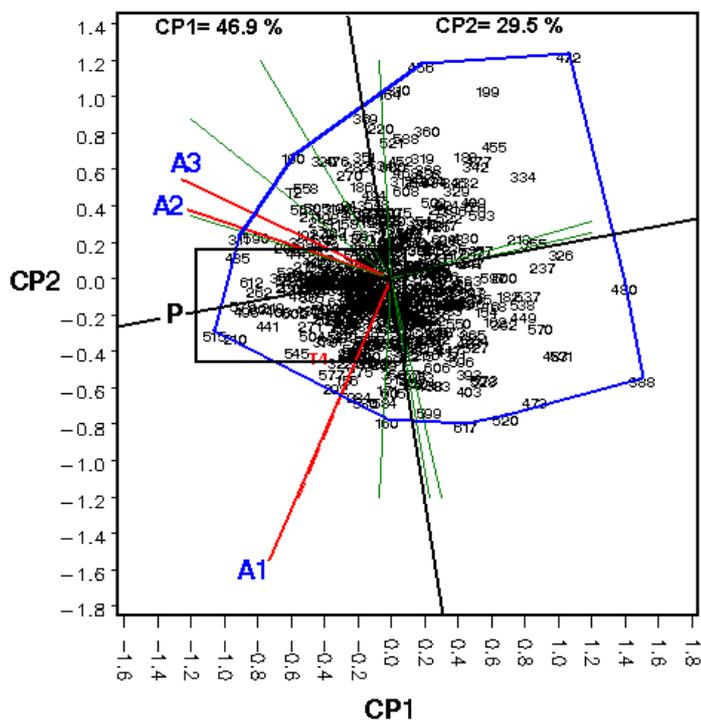
ambiente de Tlahuelilpan, Hgo., realiza una mejor discriminación de individuos, además de poseer interacción cruzada con los otros ambientes.

Para probadores con adecuados IS y comportamiento superior específico en los ambientes tenemos que el 9 y 8 lo son para Celaya, Gto y El Prado, N. L., y el 10 lo fue para Tlahuelilpan, Hgo.

#### **4.4.3 Híbridos triples**

Considerando la inconsistencia a través de los ambientes y la gran cantidad de híbridos triples experimentales estudiados se empleo el modelo lineal-bilineal de regresión en los sitios (SREG) como lo plantea Yan *et al.* (2000) para con ello tener una alta confiabilidad en la selección de los más prometedores. La Figura 4.5 ofrece una panorámica del comportamiento de IS estimado para híbridos triples, en el que se puede ver que la gran cantidad de individuos evaluados dificulta la observación de los mejores, con lo cual se procedió a realizar una proyección que brindo una mayor visibilidad de los híbridos (Figura 4.5A).

De manera gráfica se visualiza que Celaya, Gto., manifiesta el mejor poder discriminativo de individuos en comparación con los otros ambientes utilizados; por el contrario para Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N. L., no expresan interacción cruzada al posicionarse en el mismo cuadrante y al ángulo tan pequeño generado entre ambos sitios confirma una igual clasificación de híbridos.

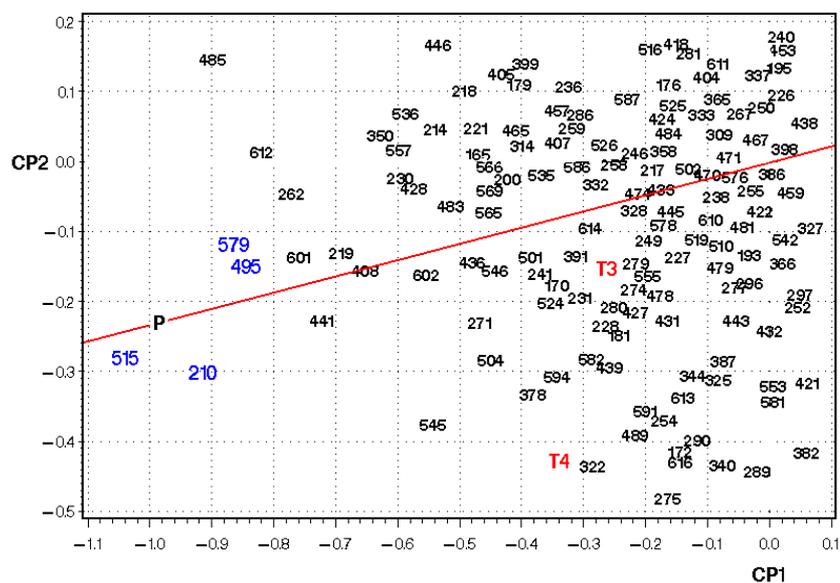


**Figura 4.5.** Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para híbridos triples. CP1 y CP2= Primero y segundo componente principal; A1=Celaya, Gto; A2=Tlahuelilpan, Hgo; A3=El Prado, N. L.; P=Coordenadas del probador virtual.

Por otra parte, resulta interesante ubicar a los materiales que poseen un comportamiento superior específico a cierto ambiente y así efectuar una recomendación con la mayor seguridad de que estos se desarrollan bien en dichos ambientes. Para el ambiente de Celaya, Gto., se observa que los híbridos de mejor comportamiento son el 515 y 210, para Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N. L., el 311, 590, 485 y 190, respectivamente.

Con la Figura 4.5A se tiene un mayor enfoque y apreciación que permitió identificar visualmente a los híbridos con aceptable comportamiento y adecuada estabilidad correspondiendo a los genotipos 515, 210, 579 y 495; por otra parte,

es conveniente resaltar que los testigos utilizados fueron superados por las cruza experimentales seleccionadas como se observa en el biplot.



**Figura 4.5A.** Proyección del recuadro de la Figura 4.5 donde se aprecia el probador virtual y los híbridos triples superiores y estables.

#### 4.5 Selección de híbridos prometedores y progenitores superiores utilizando la metodología de IS y el modelo “SREG”

En el Cuadro 4.4 se muestran los híbridos experimentales (simples y triples) y los progenitores (líneas y probadores) seleccionados por su comportamiento superior a través de los ambientes con base en el valor promedio de IS y el modelo SREG.

##### 4.5.1 Híbridos simples

Dentro de los híbridos simples (151) se ubicaron a los 15 mejores mediante las dos metodologías empleadas; de esta manera se tiene

identificados a los genotipos comunes correspondiendo solo a 10 híbridos, siendo los genotipos 98, 3, 136, 114, 9, 57, 132, 13, 105 y 41; en el Cuadro 4.4 se observa que estos individuos cambiaron de orden con cada procedimiento y ofrece una idea concisa de que existe un comportamiento diferencial de estos a través de los ambientes, pudiéndose deber a que se utilizaron los valores fenotípicos en la estimación del IS y posiblemente a la contribución que realizó el ambiente en el comportamiento final del genotipo.

Por otra parte, cabe resaltar que en las líneas a causa de no presentar interacción con el ambiente no fue modelado su comportamiento con el biplot GGE y solo fueron seleccionadas considerando su promedio de IS, siendo detectadas la 18, 19, 17, 15 y 14 como las superiores. Para los probadores (líneas) se considero elegir a los cinco mejores correspondiendo a los materiales 35, 55, 51 y 45, respectivamente, seleccionados por ambas metodologías.

#### **4.5.2 Híbridos triples**

Debido a la gran cantidad de híbridos triples (465) evaluados se optó por seleccionar únicamente a los 25 híbridos experimentales superiores; podemos apreciar que los 18 genotipos comunes elegidos utilizando los métodos de IS y el SREG son el 515, 210, 579, 495, 485, 311, 612, 601, 262, 441, 590, 219, 408, 545, 230, 602, 202 y 271 (Cuadro 4.4).

**Cuadro 4.4.** Concentración de híbridos y progenitores seleccionados con base en el IS y el modelo SREG.

ORDEN	HS						HT					
	IS			SREG			IS			SREG		
	H	L	P	H	P	H	L	P	H	L	P	
1	98	18	35	98	35	515	210	9	515	210	9	
2	3	19	55	3	51	210	164	10	210	182	11	
3	136	17	51	136	55	579	159	8	579	164	8	
4	114	15	36	57	25	495	158	11	495	158	10	
5	9	14	45	9	45	485	181	18	485	142	18	
6	57			114		311	129		311	181		
7	132			132		612	154		612	159		
8	13			13		601	208		262	175		
9	76			37		262	128		590	206		
10	105			102		441	182		601	202		
11	37			41		590			441			
12	41			105		219			408			
13	134			100		408			219			
14	45			92		350			602			
15	111			107		545			230			
16						230			545			
17						557			504			
18						602			271			
19						428			202			
20						536			446			
21						202			200			
22						214			241			
23						483			180			
24						271			218			
25						242			191			

HS=híbrido simple; HT=híbrido triple; L=líneas; P=probadores; H=híbridos.

En este cuadro se puede apreciar también el mejor desempeño mostrado por las líneas y probadores que participaron en la formación de los híbridos triples. Se seleccionaron las 10 mejores líneas y los cinco probadores superiores (cruzas simples); las líneas 210, 164, 159, 158, 181 y 182 tienen un comportamiento consistente considerando dichas estrategias y de esta manera

ofrece una certidumbre debido a que estas seis líneas están presentes en las dos metodologías de selección.

Las mejores cruzas simples utilizadas como probadores a pesar de que en este caso particular dichos materiales tenían una inconsistencia de orden en su promedio de IS a través de los ambientes, pero aun con este comportamiento, se identificaron a los cinco mejores correspondiendo a los materiales 9, 10, 8, 11 y 18 que aparecen como superiores.

Las metodologías empleadas permitieron la identificación y selección de progenitores (líneas y probadores) e híbridos experimentales sobresalientes y consistentes, tanto para los híbridos simples como triples con una adecuada eficiencia y confiabilidad, no solo prestando importancia a los efectos lineales del genotipo, sino también considerando los efectos multiplicativos de la IGA; y de esta manera se infiere que ambos procedimientos ofrecen una aceptable seguridad en la selección de los genotipos prometedores.

## **V. CONCLUSIONES**

El uso de las metodologías de índices de selección y el modelo SREG permitieron la identificación de 20 líneas y cinco cruzas simples como progenitores de nuevos híbridos; además se seleccionaron 15 híbridos simples y 25 híbridos triples por su potencial superior.

Los híbridos simples mostraron una menor interacción con el ambiente en comparación con las cruzas triples; tal ventaja es de notable importancia al expresar un comportamiento superior y estable a través de los ambientes y ofreciendo una mayor aceptación y seguridad en la explotación por productores.

El ambiente de Celaya, Gto., mostró poseer la mayor capacidad de discriminación de genotipos; mientras que los ambientes de Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N. L. clasificaron de manera similar a los materiales al no mostrar interacción cruzada entre ellos, pero si la exhibieron con Celaya, Gto.

Se considera eficiente realizar análisis de varianza con base en los IS para la toma de decisiones con la máxima precisión en la selección de los genotipos superiores.

## VI. RESUMEN

Se estudió un grupo amplio de progenitores (líneas y cruzas simples) pertenecientes a diferentes grupos germoplásmicos (enano, Ideotipo, élite, trópico y precoz) con adecuadas características *per sé*, pero que se desconoce su valor genético y potencial de combinación. Ante este entorno, se plantearon los siguientes objetivos: **i)** Estimar el valor genético de las líneas y cruzas simples, y con base a sus descendientes híbridos evaluados en varios ambientes, analizar su efecto de interacción con el ambiente; **ii)** Estudiar los patrones de respuesta de híbridos experimentales a través de los ambientes de evaluación; y **iii)** Identificar y seleccionar híbridos que en cruzamientos dirigidos manifiesten un comportamiento productivo superior. El material genético incluyó 620 híbridos experimentales (151 simples y 465 triples) originados por cruzamientos entre líneas  $S_2$  (60) y  $S_3$  (137). La evaluación de los híbridos experimentales y 4 testigos comerciales (AN-447, P30G54, P30G88 y DK-2060) se realizó en los ambientes de Celaya, Gto., Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N. L., durante el año 2006. La estimación del índice de selección (IS) se realizó por repetición, para híbridos experimentales se integró por valores fenotípicos de 12 caracteres agronómicos registrados; mientras que para los progenitores se utilizaron los efectos de ACG de las mismas variables. La selección se apoyó

en el mérito del IS de cada genotipo y con ayuda del modelo de regresión (SREG) en los sitios que enfatiza al considerar simultáneamente los efectos del genotipo, la IGA y la estabilidad de los genotipos. Los resultados relevantes al considerar como criterios de selección el IS y el modelo SREG permitieron seleccionar 15 líneas que mostraron un comportamiento favorable y consistente a través de los ambientes y otras cinco líneas identificadas solo considerando su valor adecuado de IS debido a que no mostraron interacción con el ambiente; por otro lado, se identificaron cinco cruza simples superiores que fungieron como probadores de los híbridos triples, que debido a sus efectos genéticos favorables podrán ser participes en la formación de nuevos híbridos potenciales. Los híbridos simples prometedores identificados corresponde a los genotipos 98, 3, 136, 114, 9, 57, 132, 13, 105 y 41 y dentro de los triples el 515, 210, 579, 495, 485, 311, 612, 601, 262, 441, 590, 219, 408, 545, 230, 602, 202 y 271 que debido a sus atributos agronómicos deseables y alta expresión heterótica representan una prometedora alternativa para su posible explotación. El ambiente que demostró el mayor poder de discriminación de genotipos fue Celaya, Gto., siendo por consecuencia el más representativo de los tres ambientes utilizados; y los ambientes de Tlahuelilpan, Hgo y El Prado, N.L. clasificaron de manera similar a los genotipos evaluados al no exhibir interacción cruzada en la mayoría de los resultados del biplot GGE.

## VII. LITERATURA CITADA

- Allard, R. W. 1980.** Principios de la mejora genética de plantas. Traducción al español por José L. Montoya. Editorial OMEGA, SA. Barcelona. España.
- Baker, R. J. 1996.** Selection Indices in Plant Breeding. CRC Press Inc. Boca Raton, Florida, USA. 218 p.
- Barreto, H. J., J. A. Bolaños y H. S Córdova. 1991.** Índice de selección: guía para lo operación del software. *Manual de Capacitación Regional*. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Apdo. Postal, Guatemala.
- Bartolome, V. and G. Gregorio. 2000.** An interactive macro program for line x tester analysis. International Rice Research Institute (IRRI). Los Baños, Philippines.
- Beck, L. D., S. K. Vasal and J. Crossa. 1991.** Heterosis and combining ability among subtropical and temperate intermediate-maturity maize germoplasm. *Crop Sci.* 31:68-73.
- Becker, W. A. 1985.** Manual of Quantitative Genetics. 4<sup>th</sup> Edition. Academic Enterprises. Pullman, Washington, USA. 188 p.
- Bejarano, A. 2003.** Desarrollo de híbridos simples de maíz. Seminarios INIA-CENIAP. (En línea): <http://www.ceniap.gov.ve/seminarios/abejarano.htm> (revisado 02/Diciembre/2007).
- Betran, F. J., J. M. Ribaut, D. Beck and D. González D. L. 2003.** Genetic diversity, specific combining ability and heterosis in tropical maize under stress and non-stress environments. *Crop Sci.* 43:797-806.
- Brauer, H. O. 1985.** Fitogenética aplicada. 4<sup>a</sup> Edición. Editorial LIMUSA, S. A. México. 371 p.
- 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.

- Celis, A. D., J. D. Molina, G. y A. Martínez, G. 1986.** Estimación de parámetros genéticos e índices de selección de la variedad de maíz Zac-58. *Agrociencia*. 63:134-136.
- Cerón, R. J. y J. Sahagún, C. 2005** Un índice de selección basado en componentes principales. *Agrociencia*. 39:667-677.
- Crossa, J. 1990.** Statistical analysis of multilocation trials. *Adv. in Agron.* 44:55-85.
- Crossa, J., H. Gauch y R. Zobel. 1990.** Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Sci.* 30:493-500.
- Crossa, J., P. N. Fox, W. H. Pfeiffer, S. Rajaram and H. G. Gauch. 1991.** AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. *Theor. Appl. Genet.* 81:27-37.
- Crossa, J., P. L. Cornelius and W. Yan. 2002.** Biplots of linear- bilinear models for studying crossover genotype x environment interaction. *Crop Sci.* 42:619-633.
- Coutiño, E. B. y V. A. Vidal. 2003.** Estabilidad del rendimiento de grano de híbridos de maíz usando mejores predictores lineales insesgados. *Agrociencia*. 37:605-616.
- Cunningham, E. P. 1973.** Multistage index selection. *Heredity*. 31 (3):430.
- De León, C. H., F. Rincón, S., M. H. Reyes, V., D. Sámano, G., G. Martínez, Z., R. Cavazos, C. y J. D. Figueroa, C. 2005.** Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 28(2):135-143.
- Douglas, J. 1982.** Programas de semillas, guías de planeación y manejo. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. Trad. de la 1<sup>ra</sup>. Edición inglesa.
- Elizondo, B. J. 2000.** Aptitud combinatoria de 13 genotipos de soya en siembras de invierno en el sur de Tamaulipas. *In: Memoria del XVIII Congreso Nacional de Fitogenética*. Irapuato, Gto., Méx. p.84.
- Eskridge, K. M. 1990.** Selection of stable cultivars using a safety-first rule. *Crop Sci.* 30:369-374.

- Espinosa, C. A., M. A. López, M., N. Gómez, E. Betanzos, M. Sierra, B. Coutiño, R. Aveldaño., E. Preciado, y A. D. Terrón. 2003.** Indicadores económicos para la producción y uso de semilla mejorada de maíz de calidad proteínica (QPM) en México. *Agronomía Mesoamericana*. 14(1):105-116.
- Espinosa, C. A., J. Ortiz, C., A. Ramírez, F., N. Gómez, M. y A. Martínez G. 1998.** Estabilidad y comportamiento de líneas *per se* y cruzas de maíz en la producción de semilla. *Agric. Tec. Mex.* 24(1):27-36.
- Espinosa, C. A., M. Sierra, M. y N. Gómez, M. 2002.** Producción y tecnología de semillas mejoradas de maíz por el INIFAP en el escenario sin la PRONASE. *Agronomía Mesoamericana*. 14(1):117-121.
- Flores, F., M. T. Moreno, J. I. Cubero. 1998.** A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G x E interaction. *Field Crops Res.* 47:117-127.
- Gabriel, K. R. 1971.** The biplot graphical display of matrices whit applications to principal components analysis. *Biometrika*. 58:453-467.
- García, M.V., M.J. Arturi, y O.E. Ansín. 2002.** Variabilidad fenotípica y genética en poblaciones de pasto miel (*Paspalum dilatatum* Poir.). *Agric. Téc. (Chile)* 62:237-244.
- Gómez, M. N. O., A. Ramírez, F., A. Aguilar, J. y J. L. Ramírez, D. 2002.** Identificación de un nuevo probador de maíz para la región del trópico seco. *In: Memoria del XIX Congreso Nacional de Fitogenética*. Saltillo, Coah., Méx.
- Gordón, M. R., I. Camargo, B., J. Franco, B. y A. González, S. 2006.** Evaluación de la adaptabilidad y estabilidad de 14 híbridos de maíz, Azuero, Panamá. *Agronomía Mesoamericana*. 17(2):189-199.
- Gutiérrez, R. E., A. Espinoza, B., A. Palomo, G., J. J. Lozano, G. y O. Antuna, G. 2004.** Aptitud combinatoria de híbridos de maíz para la Comarca Lagunera. *Rev. Fitotec. Mex.* 27(1):7-14.
- Hallauer, A. R. 2000.** Quantitative genetics and breeding methods. *In: A. Gallais* (ed). *Biometrics in Plant Breeding*. Eucarpia. Paris. pp.127-138.
- 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.
- Hoegenmeyer, T. C. and A. R. Hallauer. 1976.** Selection among and within full-sib families to develop single crosses of maize. *Crop Sci.* 16:76-80.

- Jenkins, M. T. 1978.** Maize breeding during the development and early years of hybrid maize. *In*: Walden D. B. (ed). Maize Breeding and Genetics. John Wiley and Sons Inc. p.13-28.
- Jugenheimer, R. W. 1981.** Variedades Mejoradas. Métodos de Cultivo y Producción de Semilla. Editorial Limusa, México. p. 217.
- Lee, M. 1995.** DNA markers and plant breeding programs. *Adv. Agron.* 55:265-344.
- Lin, C. Y. 1978.** Index selection for genetic improvement of quantitative characters. *Theor. Appl. Genet.* 52:49-56.
- Lobato, O. R., J. D. Molina, G., J. J. López, R., J. A. Mejía, C. 2002.** Criterios para elegir el mejor probador de la aptitud combinatoria general en líneas de maíz. *In*: Memoria del XIX Congreso Nacional de Fitogenética. Saltillo, Coah., Méx.
- Magari, R. and M. Kang. 1993.** Genotype selection via a new yield stability statistic in maize yield trials. *Euphytica.* 70:105-111.
- Malacarne, M. F. y F. M. San Vicente, G. 2003.** Patrones heteróticos de líneas tropicales blancas de maíz. *Agronomía Tropical.* 53(1):437-456.
- Melchinger, E. 1997.** Genetic diversity and heterosis. *In*: J. G. Coors; S. Pandey. eds. Memoria the internacional symposium about the genetics and explotation of heterosis in crops. Mexico city, CIMMYT. México. p.99-118.
- Melchinger, A. E., and R. K. Gumber. 1998.** Overview of heterosis and heterotic grups in agronomic crops. *In*: Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants. Lamkey, K. R., and J.E. Staub. (Eds). Madison, Wisconsin. pp: 29-44.
- Mohammadi, S. A., B. M. Prasanna and N. N. Singh. 2003.** Sequential path model for determing interrelationships among grain yield and related characters in Maize. *Crop Sci.* 43:1690-1697.
- Morales, R. M. M., J. Ron P., J. J. Sánchez, G., J. L. Ramírez, D., L. De la Cruz, L., S. Mena, Munguía., S. Hurtado, P. y M. Chuela, B. 2005.** Diversidad genética y heterosis entre híbridos comerciales de maíz de Jalisco liberados en la década de 1990. *Rev. Fitotec. Mex.* 28(2):115-126.
- Narro, L., S. Pandey, J. Crossa, C. De León and F. Salazar. 2003.** Using Line x Tester interaction for the formation of yellow maize synthetics tolerant to acid soils. *Crop Sci.* 43:1718-1728.

- Nestares, G., E. Frutos and G. Eyherabide. 1999.** Combining ability evaluation in orange flint lines of maize. *Pesq. Agropec. Bras., Brasilia.* 34:1399-1406.
- Ordás, A. 1991.** Heterosis in crosses between American and Spanish populations of maize. *Crop Sci.* 31: 931-935.
- Ossa, G. A. 2003.** Mejoramiento genético aplicado a los sistemas de producción de carne. *Produmedios.* 140 p.
- Oyervides, G. M., A. R. Hallauer, H. Cortez M. 1985.** Evaluation of improved maize populations in Mexico and the U.S. Corn Belt. *Crop Sci.* 25:115-120.
- Paliwal, R. L. 2001.** El maíz en el trópico, mejoramiento y producción. Departamento de Agricultura Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO). (En línea): [http://www.fao.org/documents/show\\_cdr.asp?url\\_file=/DOCREP/003/X7650S/x7650s16.htm](http://www.fao.org/documents/show_cdr.asp?url_file=/DOCREP/003/X7650S/x7650s16.htm) (revisado 09/Febrero/2007).
- Paterniani, E. 1990.** Maize breeding in the tropics. *Rev. Plant Sci.* 9:125-154.
- Pinto, R. De M. C., C. L. De Souza, Jr., L.A. Carlini, G., A. A. F. Garcia and A. Pereira, De S. 2003.** Comparison between molecular markers and diallel crosses in the assignment of maize lines to heterotic groups. *Maydica* 48:63-73.
- Preciado, O. R. E. y A. D. Terrón I. 1997.** Uso potencial de cruzas simples emparentadas, de ciclo vegetativo intermedio, para regiones sub tropicales de México. *Agronomía Mesoamericana.* 8(2):72-77.
- Preciado, O. R. E., A. D. Terrón, I., N. O. Gómez, M. y E. I. Robledo, G. 2005.** Componentes genéticos en poblaciones heteróticamente contrastantes de maíz de origen tropical y subtropical. *Agronomía Mesoamericana.* 16(2):145-151.
- Queme, J. L., N. Soto y H. Córdova. 1990.** Progreso en la generación de híbridos de maíz (*Zea mays* L.), en el Proyecto Colaborativo para Centro América, Panamá y El Caribe. Trabajo presentado en la XIV Reunión de maiceros de la Zona Andina. Septiembre 17-21. Maracay, Venezuela.
- Rea, R. and O. De Sousa. 2002.** Genotype x environment interaction in sugarcane yield trials in the central-western region of Venezuela. *Interciencia.* 27:620-624.

- Rivas, M. J. J., C. Vega, S., J. Guadalupe, R., y E. Navarro, G. 2000.** Comportamiento de líneas recobradas de maíz en la formación de híbridos triples. *In: Memoria del XVIII Congreso Nacional de Fitogenética.* Irapuato, Gto., Méx. p.281.
- Rivas, P. R. y P. Barriga, B. 2002.** Capacidad combinatoria para rendimiento de grano y caracteres de calidad maltera en cebada (*Hordeum vulgare L.*). *Agric. Téc.* 62(3):347-356.
- Searle, S. R. 1965.** The value of indirect selection: I. Mass selection. *Biometrics.* 21(3):682-707.
- Sierra, M., F. Márquez, R. Valdivia, F. Rodríguez and O. Cano. 1997.** Use of testers in selecting inbred lines to form hybrids of Maize. Book of abstracts The Genetic and Exploitation of Heterosis in Crops. An International Symposium. p.196-197.
- Sierra, M. M., F. A. Rodríguez, M., R. A. Castillo, G. y F. Márquez, S. 1992.** La aplicación de los parámetros de estabilidad en el mejoramiento de maíz de la región sur de México. *In: Memorias de Simposio de Interacción Genotipo-Ambiente en Genotecnia Vegetal.* Guadalajara, Jal., Méx. p.239-260.
- Singh, R K and B D Chaudhary. 1985.** Line x Tester analysis. 3ª Edición. *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis.* pp.205-214.
- Smith, H. F. 1936.** A discriminate function for plant selection. *Biometrics. Ann. Eugen.* 7(2):240-250.
- Statistical Analysis System (SAS). 2006.** Base SAS® 9.1.3 Procedures Guide, Second Edition, volumes 1, 2, 3 and 4. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Stonecypher, R. W. 1970.** Mejoramiento forestal de caracteres múltiples. *Unasylva.* 24:48-51.
- Thomson, N. J. y B. Cunningham, R. 1979.** Genotype x environment interactions and evaluations of cotton cultivars. *Australian Journal of Agriculture Research.* 30:105-112.
- Valdes, S. A., H. De León, C., G. Martínez, S y D. Sámano, G. 2000.** Evaluación del potencial genético de líneas de maíz del CIMMYT y cruza simples del Instituto Mexicano de Maíz. *Memorias del XVIII Congreso Nacional de Fitogenética.* Irapuato, Gto., Méx. p.280.
- Valencia, M. S. y J. Vargas, H. 2001.** Correlaciones genéticas y selección simultánea del crecimiento y densidad de la madera en *Pinus patula.* *Agrociencia.* 35:109-120.

- Vargas, M. J. and J. Crossa. 2000.** The AMMI analysis and the graph of the biplot in SAS. Available on: <http://www.cimmyt.org/biometrics>. (Access: on 2000).
- Vargas, M., J. Crossa, F. A. van Eeuwijk, K. D. Saire and M. Reynolds. 2001.** Interpreting treatment x environment interaction in agronomy trials. *Agron. J.* 93:949-960.
- Vasal, S. K., G. Han, E. Ellas, N. Vergara, Y. 1990.** Desarrollo de híbridos no convencionales de maíz. XIII Reunión de Maiceros de la Zona Andina, Chiclayo, Perú. p.377-389.
- Vasal, S. K., N. Vergara y McLean. 1994.** Estrategias en el desarrollo de híbridos tropicales de maíz. *Agronomía Mesoamericana.* 5:184-189.
- Vasal, S. K., F. San Vicente, S. McLean, K. Ramanujam, M. Barandiarán, A. Ramírez y J. G. Ávila. 1997a.** Avances en el desarrollo de líneas como probadores en germoplasma tropical de maíz. *Síntesis de Resultados Experimentales del PRM 1993-1995.* 5:45-49.
- Vasal, S. K., F. San Vicente, S. McLean, K. Ramanujam, M. Barandiarán, A. Ramírez y J. G. Ávila. 1997b.** Necesidades y beneficios de lotes de evaluación de líneas para diversos propósitos en el mejoramiento genético del maíz. *Síntesis de Resultados Experimentales del PRM 1993-1995.* 5:50-55.
- Vasal, S. K., F. San Vicente, S. McLean, K. Ramanujam, M. Barandiarán, A. Ramírez y J. G. Ávila. 1997c.** Retos para alcanzar el desarrollo de híbridos simples en México en los países en vías de desarrollo. *Síntesis de Resultados Experimentales del PRM 1993-1995.* 5:56-58.
- Wong, R. R., E. Gutierrez del Rio, S. A. Rodriguez H., A. Palomo G., H. Córdova O., A. Espinosa B. 2006.** Aptitud combinatoria y parámetros genéticos de maíz para forraje en la comarca lagunera, México. *Universidad y Ciencia.* 22(2):141-151. (En línea) [www.ujat.mx/publicaciones/uciencia](http://www.ujat.mx/publicaciones/uciencia) (revisado 14/Junio/2007).
- Xu, S. 2003.** Advanced statistical methods for estimating genetic variances in plants. *Plant Breed. Rev.* 22:113-163.
- 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., 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. 2002.** Singular-value partitioning in biplot analysis of multienvironment trial data. *Agron. J.* 94:990-996.
- Yan, W. and L. A. Hunt. 2002.** Biplot analysis of diallel data. *Crop Sci.* 42:21-30.
- Yan, W. and I. Rajcan. 2002.** Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42:11-20.
- Zobel, R. W., M. J. Wright and H.G. Gauch. 1988.** Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80:388-393.

## VIII. APÉNDICE

**Cuadro A1.** Metas e Intensidades utilizadas para la estimación del IS en cada variable para líneas, probadores e híbridos simples evaluados durante el 2006.

VAR	Líneas						Probadores						Híbridos						Intensidad		
	L1		L2		L3		L1		L2		L3		L1		L2		L3		L	y P	H
	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2			
RTO	0.4	0.5	0.5	0.4	0.5	0.3	0.6	0.6	0.2	0.3	0.3	0.4	0.8	1.1	1.1	1.0	1.1	1.0	<b>10</b>	<b>10</b>	
FM	-0.6	-0.7	-0.8	-0.7	-0.5	-0.6	-0.9	-0.7	-0.5	-0.4	-0.2	-0.2	-1.0	-1.0	-1.7	-1.5	-1.0	-1.4	<b>9</b>	<b>9</b>	
SF	-0.9	-0.7	-0.9	-0.6	-0.8	-0.8	-0.8	-1.2	-0.5	-0.7	-0.4	-0.4	-1.0	-0.6	-1.2	-1.1	-1.3	-1.7	<b>8</b>	<b>8</b>	
AP	-0.7	-0.7	-0.8	-0.8	-0.6	-0.6	-0.4	-0.7	-0.4	-0.4	-0.4	-0.3	-0.8	-1.0	-1.5	-1.3	-1.6	-1.5	<b>8</b>	<b>7</b>	
AR	-0.7	-0.7	-0.5	-0.5	-0.6	-0.6	-0.9	-0.4	-0.5	-0.5	-0.7	-0.5	-0.4	-0.3	-0.5	-0.5	-0.6	-0.5	<b>7</b>	<b>5</b>	
AT	-0.4	-0.8	-0.5	-0.6	-0.5	-0.8	-0.3	-0.6	-0.3	-0.4	-0.5	-0.7	-0.2	-0.3	-0.3	0.0	-0.4	-0.3	<b>7</b>	<b>5</b>	
MC	-0.5	-0.6	-0.5	-0.6	-0.5	-0.4	-0.5	-0.5	-0.5	-0.5	-0.3	-0.3	-0.9	-0.8	-0.8	-0.9	-1.0	-1.1	<b>6</b>	<b>6</b>	
PF	-1.0	-0.6	-0.5	-0.6	-0.5	-0.5	-0.7	-0.6	-0.4	-0.6	-0.5	-0.5	-0.4	-0.4	-0.6	-0.5	-1.1	-0.9	<b>8</b>	<b>7</b>	
CP	-0.5	-0.8	-0.7	-0.8	-0.6	-0.7	-1.0	-0.8	-0.6	-0.7	-0.9	-0.5	-1.1	-1.1	-1.4	-1.6	-1.4	-1.2	<b>5</b>	<b>5</b>	
CM	-1.0	-0.6	-0.6	-0.6	-0.6	-0.6	-0.7	-1.0	-0.5	-0.6	-0.4	-0.5	-0.3	-0.4	-0.8	-1.0	-0.9	-1.0	<b>5</b>	<b>5</b>	
RMP	-0.8	-1.0	-0.7	-0.7	-0.8	-0.9	-0.6	-0.9	-0.4	-0.5	-0.6	-0.6	-1.0	-1.1	-1.1	-1.1	-1.3	-1.0	<b>9</b>	<b>7</b>	
PROL	1.0	1.2	0.4	0.2	0.3	0.2	0.4	0.7	0.9	0.7	0.6	0.4	0.8	1.0	1.0	0.9	1.0	0.6	<b>6</b>	<b>6</b>	

VAR=variable; L1, L2, L3=localidades uno, dos y tres, respectivamente; R1, R2=repetición uno y dos, respectivamente; L=líneas; P=probadores; H=híbridos;  
RTO=rendimiento de mazorca al 15 % de humedad; FM=floración masculina; SF=sincronía floral; AP=altura de planta; AR=acame de raíz; AT=acame de tallo;  
MC=mala cobertura; PF=plantas con *Fusarium*; CP= calificación de planta; CM=calificación de mazorca; RMP=relación mazorca-planta; PROL= prolificidad;

**Cuadro A2.** Metas e Intensidades utilizadas para la estimación del IS en cada variable para líneas, probadores e híbridos triples evaluados durante el 2006.

VAR	Líneas						Probadores						Híbridos						Intensidad		
	L1		L2		L3		L1		L2		L3		L1		L2		L3		L	y P	H
	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2			
RTO	0.6	0.5	0.5	0.4	0.5	0.5	0.4	0.5	0.7	0.6	0.4	0.3	1.1	1.2	1.4	1.3	1.3	1.2	<b>10</b>	<b>10</b>	
FM	-0.7	-0.7	-0.3	-0.3	-0.2	-0.3	-1.0	-1.1	-0.6	-0.6	-1.1	-1.1	-1.5	-1.4	-1.7	-1.6	-1.7	-1.6	<b>9</b>	<b>9</b>	
SF	-0.9	-0.9	-1.2	-1.0	-0.9	-0.7	-0.9	-0.5	-0.7	-0.5	-0.7	-0.6	-1.7	-1.4	-1.3	-1.2	-1.4	-1.3	<b>8</b>	<b>8</b>	
AP	-0.6	-0.7	-0.5	-0.6	-0.6	-0.6	-0.4	-0.4	-0.5	-0.6	-0.6	-0.5	-1.8	-1.3	-1.3	-1.3	-1.4	-1.3	<b>8</b>	<b>7</b>	
AR	-0.8	-0.7	-0.6	-0.5	-0.8	-0.8	-0.7	-0.5	-0.6	-0.5	-0.6	-0.5	-0.4	-0.4	-0.7	-0.7	-0.5	-0.6	<b>7</b>	<b>5</b>	
AT	-0.8	-0.6	-0.5	-0.4	-0.6	-0.6	-1.0	-0.7	-1.0	-0.8	-1.0	-0.7	-0.4	-0.2	-0.3	-0.2	-0.2	-0.2	<b>7</b>	<b>5</b>	
MC	-0.7	-0.7	-0.6	-0.7	-0.6	-0.5	-0.7	-0.5	-0.5	-0.6	-0.5	-0.4	-1.0	-0.8	-1.0	-0.9	-1.2	-1.1	<b>6</b>	<b>6</b>	
PF	-0.7	-0.6	-0.6	-0.5	-0.6	-0.5	-0.6	-0.8	-0.6	-0.6	-0.4	-0.3	-0.4	-0.4	-0.5	-0.4	-0.8	-0.8	<b>8</b>	<b>7</b>	
CP	-0.9	-1.0	-1.0	-1.0	-0.6	-0.9	-0.3	-0.4	-1.0	-0.4	-0.6	-0.6	-1.2	-1.4	-1.4	-1.4	-1.4	-1.4	<b>5</b>	<b>5</b>	
CM	-2.7	-3.0	-0.6	-0.5	-0.8	-0.7	-2.9	-2.5	-0.5	-0.8	-0.5	-0.4	-1.3	-1.1	-1.4	-1.6	-1.3	-1.3	<b>5</b>	<b>5</b>	
RMP	-3.0	-2.5	-0.8	-0.9	-0.7	-0.8	-1.3	-1.1	-1.2	-0.9	-1.1	-0.9	-1.5	-1.2	-1.3	-1.3	-1.4	-1.3	<b>9</b>	<b>7</b>	
PROL	1.1	1.5	0.5	0.5	0.5	0.5	1.4	1.5	0.3	0.3	0.3	0.2	1.3	1.3	1.3	1.6	1.5	1.2	<b>6</b>	<b>6</b>	

VAR=variable; L1, L2, L3=localidades uno, dos y tres, respectivamente; R1, R2=repetición uno y dos, respectivamente; L=líneas; P=probadores; H=híbridos;  
RTO=rendimiento de mazorca al 15 % de humedad; FM=floración masculina; SF=sincronía floral; AP=altura de planta; AR=acame de raíz; AT=acame de tallo;  
MC=mala cobertura; PF=plantas con *Fusarium*; CP= calificación de planta; CM=calificación de mazorca; RMP=relación mazorca-planta; PROL= prolificidad;

*El fitomejoramiento es un juego de números,  
el **ganador** será aquel mejorador que lo  
juegue en el ambiente apropiado*

*Práctica este juego en el campo todo lo que sea  
posible, no lo lleves a la oficina porque de  
lo contrario tú serás el **perdedor...***

**HSCO**