

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Índices de Selección y Línea por Probador como Criterios de Selección de
Híbridos y Probadores de Maíz QPM Respectivamente

Por:

ALFONSO HERMILO HERNÁNDEZ PÉREZ

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Saltillo, Coahuila, México.
Febrero, 2016

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Índices de Selección y Línea por Probador como Criterios de Selección de
Híbridos y Probadores de Maíz QPM Respectivamente

Por:

ALFONSO HERMILO HERNÁNDEZ PÉREZ

TESIS

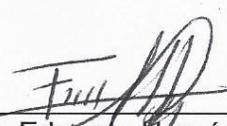
Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

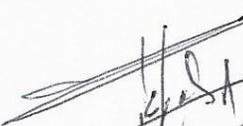
INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Aprobada por el Comité de Asesoría:


Dr. Humberto De León Castillo
Asesor Principal


Ing. Raúl Gándara Huitrón
Coasesor


Ing. Eduardo Hernández Alonso
Coasesor


Dr. Gabriel Gallegos Morales
Coordinador de la División de Agronomía

Saltillo, Coahuila, México

Febrero, 2016


Coordinación
División de Agronomía

AGRADECIMIENTOS

Al DIOS Padre y a la Virgen de Guadalupe, por haberme dado la oportunidad de salir adelante y concluir mi carrera profesional, por darme la fortaleza en mis momentos de debilidad y gracias a todo por haberme cuidado a mi familia durante mi distancia.

Al mi Alma Terra Mater, por permitirme formar parte de ella y proporcionarme las herramientas necesarias y sobre todo al Departamento de Fitomejoramiento de brindarme una experiencia durante la carrera.

Al Dr. Humberto de León Castillo, por brindarme la oportunidad de realizar este interesante trabajo de investigación, así como su apoyo, amistad, por su disponibilidad y aportación, gracias estaré siempre agradecido con usted.

Al Ing. Raúl Gándara Huitrón, por su amistad, paciencia, consejos y sobre todo por el apoyo de la revisión de este trabajo de tesis.

Al Ing. Eduardo Hernández Alonso, por su amistad, y aportación de este trabajo de tesis al igual por ser un gran amigo.

Al Ing. Antonio de Jesús Vela Colorado, gracias por su apoyo de revisar este trabajo de tesis.

Al Lic. Sandra López Betancourt, por su apoyo y ayudarme de realizar una parte del trabajo de investigación.

Al M.C. Roberto Espinoza Zapata, gracias por su colaboración de revisar un apartado de este trabajo de tesis.

A mis compañeros de generación CXX, en especial a Edilvar Giovanni, Iván Bonilla Ortiz, José luís Sánchez, Gilberto Abdón, Ángel Reyes Macín, Pisano Samuel, Eustrain Roblero, claro sin olvidar a los demás, Neftalí Cruz, Bonifacio Quintero, Tomás Santiago, Iván Santis, Sergio Chícan, Ronay, Humberto Aguilar, Raydel Guzmán, José Luís Ramírez, Daniel Castillo, Julio Cesar, José Luís López, Marcos Alejandro, Marcos Antonio, Meir, Juan Hernández, pablo Hernández, Enrique Ventura, Miguel Barbosa, Rafael, Alexander Sesmas, Lizbeth Cano, Diana Marisol, Elena Hernández, Claudia, y le doy gracias a ustedes por brindar sus apoyos, amistades en los momentos buenos y malos.

DEDICATORIAS

A mis queridos Padres

Manuel Hernández Hernández y Micaela Pérez Hernández

A mi madre, gracias por el cariño que has brindado, consejos, y tus desvelos por la preocupación y angustias, eres la persona que admiro porque tú nunca has desviado tu atención a mí y mis hermanos.

A mi padre, estaré siempre agradecido por su apoyo, consejos, preocupación y sobre todo por tu trabajo han sido duros y difíciles en la vida sin quejas.

Gracias por sus apoyos, consejos, con sus sacrificios de ayudarme a salir adelante, la verdad estoy orgulloso con ustedes son los únicos que más amo en la vida.

A mis Hermanos

Rafael, Andrea, José Manuel, Julio Andrés, María Angélica, Adolfo Ángel

Por el apoyo que me han brindado, confianza y comprensión, por este logro representa un estímulo para seguir adelante en la vida falta mucho que recorrer.

En especial a la persona que ha sido como un pilar dentro de mi vida, por su apoyo, confianza, por este logro también es suya con quien he pasado momentos difíciles, alegría y fracasos sobre todo siempre hemos salido adelante. A mi querida novia Mercedes Pérez.

A mis Abuelos

Gracias por todo el consejo que me brindaron y animo durante los cuatro años y medio.

Al resto de la familia gracias por el consejo que me han brindado y motivación para salir adelante.

ÍNDICE DE CONTENIDO

	Página
AGRADECIMIENTOS.....	i
DEDICATORIAS.....	iii
ÍNDICE DE CUADROS Y FIGURA.....	vi
I. INTRODUCCIÓN	1
OBJETIVOS.....	3
HIPÓTESIS.....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA	5
Líneas Derivadas por Retrocruza.....	5
Cruzas de Prueba.....	6
Importancia de la Dosis de Germoplasma.....	8
Patrones Heteróticos.....	9
Maíz QPM.....	11
Aptitud Combinatoria General y Específica (ACG y ACE).....	13
Índices de Selección.....	15
Modelo AMMI.....	17
Línea por Probador.....	19
III. MATERIALES Y MÉTODOS	21
Material Genético.....	21
Descripción de la Parcela Experimental.....	23
Labores culturales.....	23
Variables agronómicas evaluadas.....	25
Análisis de varianza para contrastar la hipótesis de nula varianza.....	28
Modelo estadístico.....	28
Porcentaje de la contribución de los híbridos a la varianza total de la población.....	29
Condiciones para correr el Modelo AMMI y generar su grafico Biplot.....	30
Índice de Selección.....	32
Línea por Probador.....	34

Criterios de selección	36
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	37
Análisis de Varianza General	37
Detección de agrupamientos natural entre las 12 variables agronómicas correlacionadas mediante el modelo AMMI y su gráfico Biplot.....	42
Análisis de Varianza del Índice de Selección	46
Análisis de Varianza de Línea por Probador	51
Selección de probadores para emplearse como progenitores de híbridos o como discriminadores por medio de la estimación de (ACG)	54
V. CONCLUSIONES	57
VI. RESUMEN	59
VII. LITERATURA CITADA.....	61
VIII. APÉNDICE	69

ÍNDICE DE CUADROS Y FIGURA

	Página
Cuadro 3.1 Genealogía de las líneas, probadores y testigos utilizadas en la evaluación.	22
Cuadro 3.2 Situación geográfica y características climáticas de la localidad de evaluación.	23
Cuadro 4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza para 12 variables del ensayo de rendimiento de 90 híbridos evaluados en El Prado Nuevo León en el 2011..	38
Cuadro 4.2 Contribución de los híbridos a la varianza absolutamente genética, con atención a las sumas de cuadrados obtenidos en los ANVAS respectivos, a la varianza total de la población.	40
Cuadro 4.3 Valores de las metas e intensidades utilizadas por repetición para el cálculo del índice de selección de híbridos para cuatro variables fenotípicas.	46
Cuadro 4.4 Cuadrados medios del análisis de varianza de 90 híbridos con base en el índice de selección.	46
Cuadro 4.5 Híbridos de alto valor mérito del índice de selección y su respectiva agrupación estadística.	48
Cuadro 4.6 Cuadrados medios del análisis de varianza línea por probador para 12 variables del ensayo evaluadas durante el 2011 en El Prado Nuevo León.	52
Cuadro 4.7 Aptitud Combinatoria General (ACG) de probadores para cada una de las variables del ensayo evaluado durante el 2011 en El Prado Nuevo León.	55
Cuadro A.1 Genealogía de los híbridos experimentales.	69
Cuadro A.2 Resumen de los híbridos asociados al valor al mérito de su índice de selección.	72
Figura 4.1 Biplot AMMI construidos con valores estandarizados de las 12 variables de cada uno de los 90 híbridos experimentales.	43

I. INTRODUCCIÓN

En México el maíz es el cultivo alimenticio más importante; a pesar de que el contenido proteínico del grano es bajo, proporciona en promedio 39 por ciento de proteína asimilable y 59 por ciento de la energía que ingieren los mexicanos. El consumo per cápita anual es de 209.8 kg según Morris y López, (2000). A partir de 1996 el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), en colaboración con el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) ha generado y evolucionado híbridos y variedades de maíz de alta calidad de proteína conocido como QPM (Quality Protein Maize) que contiene hasta 100 por ciento lisina y triptófano más que los maíces que se siembran actualmente.

Calderón *et al.* (2003), señalan que los programas de mejoramiento genético en maíz se habían enfocado principalmente al desarrollo de materiales con endospermo normal y alto rendimiento, tolerantes a los factores bióticos y abióticos adversos presentes en la región, no obstante estos maíces son deficientes en los aminoácidos esenciales lisina y triptófano. Con el descubrimiento del gen (*opaque 2*) se revolucionó la producción de maíz ACP, el cual restringe la síntesis de zeínas en el endospermo e incrementa la de

otras fracciones proteínicas ricas en estos aminoácidos, lo que duplica su contenido en el grano y el valor biológico de la proteína hasta en 80 por ciento, (Gupta *et al.*, 2009).

En el presente trabajo de investigación se evaluaron 88 híbridos experimentales derivados del apareamiento de 58 líneas de maíz del Instituto Mexicano del Maíz (IMM) con siete líneas QPM (Quality Protein Maize) del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) utilizadas como probadores, para ver la habilidad combinatoria de las líneas con alta calidad proteínica para la región sur de los estados de Nuevo León y Coahuila de 1800 a 2000 msnm e identificar los mejores híbridos con alto potencial de rendimiento con el valor agregado.

OBJETIVOS

- I. Analizar la variabilidad presente en los híbridos para los 12 caracteres estudiados mediante un análisis de varianza con el modelo bloques incompletos (*Alfa-látice*).
- II. Explorar la agrupación natural existente entre los 12 caracteres mediante el modelo AMMI y su gráfico Biplot.
- III. Identificar híbridos con potencial comercial con buena adaptación en la localidad de evaluación, auxiliada con la construcción de un índice de selección, identificando con un análisis de varianza, cual o cuales híbridos poseen el mejor valor al mérito dado por el índice de selección.
- IV. Estimar la habilidad combinatoria general de las siete líneas QPM del CIMMYT al cruzar con las líneas del IMM, mediante el modelo línea por probador.

HIPÓTESIS

- I. Va a existir suficiente variabilidad entre los híbridos experimentales para los caracteres estudiados y se podrá hacer selección de los de mejor comportamiento.

- II. Existe asociación entre los caracteres evaluados y una forma adecuada de detectar esta relación con el gráfico AMMI.
- III. De los híbridos experimentales evaluados, al menos uno tenga el mejor comportamiento y buena adaptación en la región de evaluación.
- IV. Al menos un probador tenga buenos atributos y diferente a los demás para discriminar a las líneas por sus buenas combinaciones híbridas.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Líneas Derivadas por Retrocruza

Arnao *et al.* (2006), mencionan que el método de mejoramiento por retrocruzas es el más utilizado para la incorporación de genes simples de resistencia minimizando la probabilidad de transferir características indeseables del padre donante.

Vivek *et al.* (2008), para ellos el retrocruzamiento es un término más específico que se refiere al proceso de mejorar una característica específica; por ejemplo, una línea de maíz normal se mejora para convertirla en QPM de una línea élite al mismo tiempo que se mantiene en gran parte, su genealogía original.

Ramírez *et al.* (2015), mencionan que las líneas mejoradas por retrocruza limitada, encontraron que la aptitud combinatoria se redujo, y que los nuevos tipos de mazorca tuvieron más similitud con el donador que con el tipo racial debido que se hizo selección previa para porte bajo.

Gutiérrez *et al.* (2005), realizaron cruza posibles de diez poblaciones formadas con el método de la retrocruza limitada (RC1-F7), a partir de diez razas de maíz, así como su interacción con el ambiente. Al respecto se postuló que la aptitud combinatoria de los caracteres agronómicos estudiados varía entre poblaciones y sus cruza, así como entre y dentro de localidades, y que la interacción genotipo x ambiente juega un papel importante en el desempeño de los materiales genéticos.

Sahagún *et al.* (2008), indican que la retrocruza sólo se limita a una generación con el progenitor recurrente (el maíz criollo), los resultados teóricos indican que en la RC1 se obtiene la más alta heterosis y la relación de la varianza aditiva sobre la varianza dominante es mayor.

Cruzas de Prueba

Al respecto la FAO. (2015), indica que los cruzamientos de prueba en un programa de mejoramiento de maíz tienen dos objetivos:

- Evaluación del valor de cruzamiento de los genotipos para el mejoramiento de la población.
- Evaluación de la habilidad combinatoria de las líneas puras para el desarrollo de híbridos.

Mientras que para Pérez (2014), las cruzas de prueba consisten en la evaluación del comportamiento de líneas en cruzas con un probador (Tester) común, Las F1 se prueban en distintos ambiente, evalúa la varianza genética aditiva de cada línea y permite descartar líneas de pobre comportamiento en cruzas en etapas tempranas de la endogamia (S2; S3).

Lobato *et al.* (2010), mencionan que la prueba de mestizos ha empleado en la elección del mejor probador, pero no hay respuestas satisfactorias a todo el problema de fondo. La probabilidad de que el mejor probador sea una variedad de polinización libre de bajo rendimiento, una línea homocigótica recesiva o en general una población con baja frecuencia de loci importantes.

Al respecto Vivek *et al.* (2008), mencionan que todos los programas de generación de híbridos tienen que hacer un gran esfuerzo por elegir un probador apropiado para evaluar aptitud combinatoria de las líneas segregantes. Un probador puede ser una línea pura, una variedad de polinización libre (VPL) o un híbrido simple, un buen probador debe facilitar la discriminación entre genotipos con base en la aptitud combinatoria y otras características deseadas, que se puedan utilizar directamente y que estos sean compatibles con un programa de mejoramiento de maíz.

Por su parte Meza *et al.* (2013), indican que el desarrollo y mejoramiento de líneas de maíz es un proceso dinámico en el cual se involucran diferentes y nuevas metodologías de selección, mediante las cuales se descartan algunas

líneas en las primeras etapas de selección con base en su apariencia fenotípica. Y más tarde por su aptitud combinatoria, como resultado de las pruebas tempranas o cruza de pruebas. Así mismo evaluaron 32 líneas de maíz normal y con alta calidad proteínica para identificar las sobresalientes en rendimiento de grano, lisina, triptófano y características agronómicas donde encontraron variabilidad genética de las líneas.

De La Cruz *et al.* (2008), mencionan que la etapa apropiada para llevar a cabo las pruebas de las líneas y otros aspectos relevantes que definen la elección de los probadores; ellos indican que el tipo de acción génica es una de las variables más importantes para definir el probador apropiado, en general sugieren el uso de líneas puras élite para evaluar aptitud combinatoria.

Sierra *et al.* (2005), al estudiar un grupo de líneas y sus probadores derivadas de un compuesto de amplia base genética y líneas provenientes del CIMMYT demostraron que existe divergencia genética entre los diferentes grupos de líneas evaluados y que al encontrar líneas que registren buen comportamiento *per se*.

Importancia de la Dosis de Germoplasma

Mientras que Guillen *et al.* (2009), afirman que en todo programa de mejoramiento genético, la elección de germoplasma es una de las decisiones

más importantes que el mejorador debe tomar ya que puede ser determinante en el éxito del programa.

Díaz *et al.* (2007), mencionan que al Seleccionar en las líneas segregantes a la porción del germoplasma de los donadores con mejor aptitud combinatoria general (ACG) y heterosis; esto es importante porque los donadores utilizados en este caso en particular, tienen germoplasma exótico.

Con respecto a este tema Díaz *et al.* (2007), concluyen que los mejoradores deben ser cuidadosos en elegir los donadores y dosificar el germoplasma exótico, para garantizar que los híbridos recobrados iguallen o superen a los originales y sean atractivos para los productores.

Vivek *et al.* (2008), mencionan que la fuente de germoplasma en el mejoramiento genético es un procedimiento utilizado para derivar, extraer y generar líneas puras mediante el uso de cruzas entre líneas élite.

Patrones Heteróticos

Ramírez *et al.* (2013), define a los patrones heteróticos como modelos de combinación entre progenitores que expresan alta heterosis en una o más características de interés económico, lo que permite sistematizar el desarrollo de híbridos de maíz.

Para Ortiz *et al.* (2005), el establecimiento de los patrones heteróticos entre variedades es un factor clave en todos los programas de mejoramiento de maíz para seleccionar líneas endogámicas progenitoras de híbridos de alto potencial de rendimiento, las líneas derivadas de fuentes con patrones heteróticos definidos tienden a complementarse una con otra maximizando la respuesta heterótica del híbrido. Los patrones heteróticos permiten la elección de probadores basada en el origen de las líneas.

Díaz *et al.* (2007), mencionan que en un programa de mejoramiento genético de maíz basado en patrones heteróticos es fundamental debido a que da orden a la formación de híbridos, permite orientar la introducción de germoplasma, sistematizar el trabajo y reducir costos de evaluación de las progenies seleccionadas. Asimismo, existe la opción de hacer combinaciones entre patrones heteróticos existentes y con ello ampliar las alternativas de formar híbridos.

Sinarefi (2015), Afirma que la definición de patrones heteróticos en un programa de desarrollo de híbridos es de suma importancia para explotar eficientemente la heterosis e incrementar las probabilidades de éxito.

Gabriel *et al.* (2009), sugiere que el mejor patrón heterótico es aquel que ha sido objeto de varios ciclos en el mejoramiento genético, principalmente para la producción de grano y de forraje.

De León *et al.* (2005), Los fitomejoradores tratan de hacer más eficiente el uso del germoplasma disponible en los programas de hibridación mediante la identificación y explotación de los patrones heteróticos específicos para cada programa, dado que a pesar de que se conocen grupos germoplásmicos complementarios de uso generalizado éstos no pueden ser considerados uniformes o únicos, lo que abre la posibilidad de detectar subgrupos dentro de ellos.

Maíz QPM

Krivanek *et al.* (2007), mencionan el maíz con alta calidad de proteínas también denominado QPM, por sus siglas en inglés (Quality Protein Maize) es portador del gen opaco-2, es decir son ricos en lisina y triptófano, contando con el doble de unidades que los maíces normales.

Pérez *et al.* (2010), las variedades de maíz de alta calidad de proteína (ACP) se vienen investigando desde la década de 1960. Actualmente se dispone de materiales de maíz ACP con rendimientos y características agronómicas similares a los de maíces comerciales normales. Las variedades ACP se caracterizan por la presencia de un gen recesivo opaco 2 (o2) en el cromosoma siete que determina que el contenido de lisina y triptófano sea el doble en los maíces ACP comparado con los maíces normales.

San Vicente *et al.* (2005), el grano de las variedades QPM contiene entre 70 y 100 por ciento más de los aminoácidos esenciales, lisina y triptófano, que las variedades normales. Estas variedades tienen la misma apariencia e igual sabor del maíz normal, pero el valor nutritivo de su proteína es casi equivalente al de la caseína de la leche de vaca.

Vivek *et al.* (2008), la capacidad de una línea QPM, una vez convertida, de funcionar como donadora en proyectos subsecuentes se evalúa según la dificultad con que se convirtió a QPM. Cuando se utilizan como donadoras de QPM, las líneas puras (o VPL) que fueron convertidas a QPM con facilidad, transfieren sus modificadores con más facilidad que las líneas o VPL que fueron difíciles de convertir. Por ende, es posible que las nuevas líneas QPM (o VPL) muestren grados variables de la capacidad “donadora”, desde excelente o buena hasta deficiente.

Aquino *et al.* (2008), el maíz QPM es semejante al maíz normal en sus características agronómicas, su rendimiento y la calidad física de su grano, pero tiene casi el doble de lisina y triptófano y un contenido de aminoácidos generalmente más equilibrado, lo cual aumenta su valor nutritivo.

Aptitud Combinatoria General y Específica (ACG y ACE)

Recendiz *et al.* (2009), mencionan que el proceso de obtención de variedades mejoradas de maíz, es indispensable conocer la aptitud combinatoria (AC) de los progenitores que conformaran los híbridos y las variedades, la aptitud combinatoria, además del valor agronómico de los progenitores será la guía para planear programas de hibridación y selección recurrente. Así mismos realizaron un trabajo donde estimaron aptitud combinatoria de líneas por probador, los materiales genéticos utilizados fueron nueve líneas de alta calidad de proteína (QPM) se cruzaron con cuatro líneas normales y tres testigos, encontraron diferencias significativas en las fuentes de variación.

Castañón *et al.* (2005), mencionan que al conocer la aptitud combinatoria de los progenitores, mejora la eficiencia de un programa de mejoramiento, esto permite seleccionar progenitores con buen comportamiento promedio en una serie de cruzamientos e identificar combinaciones específicas con un comportamiento superior a lo esperado.

Mientras que Guillen *et al.* (2009), indican que mediante la aptitud combinatoria de los progenitores, el mejorador logra mayor eficiencia en su programa de mejoramiento, pues le permite seleccionar progenitores con un comportamiento promedio aceptable en una serie de cruzamientos e identificar

combinaciones específicas con un comportamiento superior a lo esperado, con base en el promedio de los progenitores que intervienen en el cruzamiento.

Ramírez (2006), indica que la aptitud combinatoria es la capacidad de un genotipo de dar descendencia híbrida caracterizada por la alta expresión de un carácter. La A.C. mide la capacidad para producir heterosis en ciertos caracteres y se mide evaluando el comportamiento del genotipo o población en todos los cruzamientos posibles, si el genotipo produce buenos híbridos en todos los cruzamientos en que entra se dice que tiene buena aptitud combinatoria general (A.C.G.). Si sólo es con determinados genotipos se dice que tiene buena aptitud combinatoria específica (A.C.E.).

El uso de la ACG y ACE como herramientas en el mejoramiento genético es muy común no sólo para rendimiento de grano sino para otros caracteres, como tolerancia a salinidad (Welcker *et al.*, 2005).

Gutiérrez *et al.* (2002), en una población, la aptitud combinatoria debe determinarse en varios individuos con el objeto de seleccionar progenitores con aceptable aptitud combinatoria. Adicionalmente, es importante definir que la aptitud combinatoria general (ACG) explica la proporción de la varianza genotípica debida a los efectos aditivos de los genes, mientras que la aptitud combinatoria específica (ACE) explica la proporción de la varianza genotípica que se debe a las desviaciones de dominancia. Así mismo en base a esta revisión (Manjarrez *et al.*, 2014), quienes evaluaron diez líneas endogámicas de

maíz: cuatro de grano normal y seis de alta calidad de proteína (QPM). Se analizaron las variables: días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, calificación de planta y mazorca, y rendimiento de grano, los resultados mostraron diferencias significativa.

Índices de Selección

Yáñez (2005), menciona que un índice de selección es la metodología utilizada para hacer selección de manera simultánea por varias características, la cual toma en consideración de los aspectos genéticos, la importancia económica de las características involucradas. Este índice está conformado esencialmente por dos ecuaciones: la primera es aquella en la cual se incluyen las características que se desea mejorar, es decir, las que comprenden el objetivo de selección y se denomina genotipo agregado; la segunda se constituye con las características sobre aquellas que se hace la selección, las cuales se denominan criterios de selección.

Tucuch *et al.* (2011), expresan el índices de selección son de caracteres agronómicos que permite seleccionar los mejores materiales genéticos utilizados en la producción tanto de forraje como grano y ayuda evaluar la eficiencia relativa de los índices estimados.

Cerón *et al.* (2005), mencionan que existen diferentes métodos para el mejoramiento genético simultáneo de varios caracteres, uno de ellos es el índice de selección (IS). Este método permite separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres.

Rodríguez *et al.* (2013), mencionan que actualmente se requiere en el mejoramiento genético del maíz una metodología para determinar que caracteres deben incluirse en la selección simultánea a fin de mejorar la producción de grano. Y argumentan una estrategia que permita al mejorador considerar simultáneamente la expresión de varios caracteres en los procesos de selección por medio de índices de selección.

Restrepo *et al.* (2009), mencionan el índice de selección es un método de puntaje total en el cual se desarrolla una ecuación de regresión múltiple que da valores óptimos a la importancia económica de cada característica, la heredabilidad de cada característica y a las correlaciones genéticas y fenotípicas entre las características, de manera que permite separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres basándose en el valor obtenido.

Los índices de selección ayudan a seleccionar los mejores individuos para el próximo ciclo de selección en base a los valores fenotípicos observados (Cerón *et al.*, 2006).

Mihaljevic *et al.* (2005), mencionan que una característica que siempre debe estar incluida en la construcción de índices de selección es el rendimiento ya sea de grano o de forraje.

Modelo AMMI

Ever *et al.* (2015), mencionan que el modelo AMMI presenta el mejor ajuste en el análisis de comportamiento de los genotipos evaluados a través de los ambientes, ya que permite hacer una clasificación por ambientes e identificar los genotipos de mejor comportamiento en un ambiente determinado.

Vallejo *et al.* (2005), este modelo combina el análisis de variancia para los efectos principales de genotipos y ambientes con el análisis de componentes principales de la interacción genotipo x ambiente. Los resultados de AMMI pueden ser graficados en un Biplot donde se colocan tanto los efectos principales como la interacción para los genotipos y los ambientes.

Akter *et al.* (2014), mencionan que el método AMMI es un modelo que implica tanto aditivo y multiplicativo, componentes de la estructura de datos de dos maneras que permitieron a un mejorador de obtener la predicción precisa sobre la potencialidad genotípica y las influencias ambientales sobre el mismo. Así mismo el modelo AMMI estadístico es una gran herramienta para seleccionar los híbridos de alto rendimiento más adecuados y estables.

El modelo AMMI se ha informado a ser un eficiente método porque capta una gran parte de la suma de GE y singularmente separa el principal característica y la interacción de los efectos. Ha demostrado ser una herramienta poderosa utilizada por investigadores para evaluar una serie de genotipos establecidos en una serie de entornos, identificar estable y adaptable genotipos y determinar la magnitud de GEI (Gauch, 2006).

González *et al.* (2009), mencionan el modelo AMMI relaciona los efectos de los ambientes y de genotipos (efectos principales aditivos) con un análisis de varianza y la interacción genotipo–ambiente, IGA (efectos no aditivos) se evalúa con un análisis de componentes principales.

Hagos y Abay (2013), el modelo AMMI ha demostrado ser una poderosa herramienta para el diagnóstico de análisis de GEI, también se puede utilizar para determinar la estabilidad de los genotipos a través de localizaciones utilizando los puntajes, eje de componentes principales y valor de la estabilidad AMMI.

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

Ibáñez *et al.* (2006), el análisis mediante métodos tradicionales es posible identificar los genotipos de mayor producción en cada ambiente con el Biplot, además, es posible caracterizar aquellos genotipos que exhiben mayor estabilidad, por otra parte, el gráfico permite visualizar el agrupamiento de genotipos y ambientes (megambientes) con patrones similares de respuesta, así como identificar los ambientes más representativos y los más discriminatorios.

Crossa *et al.* (2009), mencionan el AMMI Biplot que en un ángulo menor de 90° o mayor de 270° entre el vector de un cultivar y un vector de sitio indican que el cultivar tiene una respuesta positiva en el sitio. Una respuesta negativa del cultivar es indicada con ángulos mayores de 90° y menores de 270°.

Línea por Probador

Aslam *et al.* (2014), mencionan el método de línea por probador es una herramienta o estrategia para evaluar la combinación de efectos de la habilidad de los genotipos y también para proporcionar información sobre genética mecanismos que controlan ciertos rasgos.

Violeta y Glen (2009), señalan la técnica de la línea x probador ha demostrado ser útil para mejorar líneas rápidamente y con un grado razonable de confianza, los mejoradores utilizan la línea x probador para evaluar la

capacidad general y específica de la combinación de los progenitores. Al mismo tiempo, esta herramienta analítica es útil en la estimación varios tipos de efectos de genes.

El método de línea \times probador propuesto por Kempthorne es una de las poderosas herramientas disponibles para estimar los efectos de la combinación de habilidad y ayuda en la selección de los progenitores deseables. (Fellahi *et al.*, 2013).

Rashid *et al.* (2007), los mejoradores han buscado estrategias para seleccionar híbridos con potencial de rendimiento y con un nivel de heterosis, el análisis de línea por probador es una herramienta que proporciona información acerca de la habilidad combinatoria general efectos de los progenitores (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE).

Akbar *et al.* (2009), mencionan línea \times probador es una de las estrategias de mejoramiento para evaluar la combinación de los efectos de habilidad de los genotipos y también para proporcionar información sobre los mecanismos genéticos que controlan rasgos.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético

El material genético que se utilizó en la presente investigación fueron 88 híbridos de cruce simple experimentales resultados de algunas cruces de 58 líneas derivadas por retrocruzas (material original retrocruzados con líneas derivadas de híbridos) del Instituto Mexicano del Maíz (IMM) con siete probadores, líneas QPM del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (estas cruzamientos se realizaron atendiendo el patrón heterótico dado por líneas del IMM por líneas QPM del CIMMYT reportado por De León *et al.*, (2005) y dos testigos cuya genealogía se encuentra en el Cuadro 3.1.

Estas cruces, mayormente experimentales, se ensayaron para ver su comportamiento agronómico en la localidad El Prado N.L. durante el ciclo primavera verano del 2011; las características de ubicación y comportamiento agronómico de esta localidad se describen en el Cuadro 3.2.

Cuadro 3.1 Genealogía de las líneas, probadores y testigos utilizadas en la evaluación.

Líneas	Genealogía	Líneas	Genealogía
1	(M7 x 351-296-1-6-A)-18	36	((M13xPE-115-3-1-11) x M13) x M13)
2	(M13 x 232-10-11-1-A)-1	37	((M16xE-197) x M16) x M16)
3	(M16 x (PE-203-2xPE-105-1)-1-A-7-3-5)-7	38	((M15xPE-212-1) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2)
4	(M16 x (PE-203-2xPE-105-1)-1-A-7-3-5)-11	39	((M42xPE-212-1) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2)
5	(M19 x (PE-106-8xLBCPC4S4)-2-A-2-1-3)-8	40	((M22xE-197) x M22) x M22)
6	(E-197-6)-A	41	((M22xPE-115-3-1-10) x M22) x M22)
7	(CML-181 X 6320-3)-A-A-3	42	((M41xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) x PN-311-2-A-3-6-A)
8	(M13 x 43-46-2-3-2)-1	43	((M47xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-5-A) x PN-311-2-A-3-6-A)
9	(M13 x 232-10-11-1-A)-7	44	((M16xE-195) x E-195-3) x E-195-3)
10	(M13 x 43-46-2-3-2)-10	45	((M9xE-197) x E-197-6) x E-197-6)
11	(M16 x LBCPC4S4-3)-7	46	((M16xE-197) x E-197-1) x E-197-6)
12	((M41xPE-115-3-1-3) x PE-115-3-1-3)-3	47	((M1xE-197) x E-197-6) x E-197-6)
13	((M41xPE-115-3-1-3) x PE-115-3-1-3)-8	48	((M4xE-197) x E-197-6 x E-197-6)
14	((M41xPE-115-3-1-3) x PE-115-3-1-3)-19	49	((M7xE-197) x E-197-6) x E-197-6)
15	((M5xPE-115-3-3-2) x M5)-16	50	((M6xPE-212-1) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2)
16	((M5xPE-115-3-3-2) x M5)-17	51	((M15xPE-115-3-1-3) x M15) x M15)
17	((M5xPE-115-3-3-2) x M5)-19	52	((M22xPE-115-3-1-11) x M22) x M22)
18	((M6xPE-212-1) x M6)-2	53	((M42xPE-212-1) x M42) x M42)
19	((M5xPE-115-3-3-2) x M5)-8	54	((M7xV524-4119HC-218-3 x V524-4119HC-218-3-2) X V524-41119HC-218-3-2)
20	((M5xPE-115-3-3-2) x M5)-15	55	((M15xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A)
21	((M6xPE-212-1) x M6)-9	56	((M15xPE-115-3-3-2) x M15) x M15)
22	((M41xE-197) x E-197-6) X E-197-6)	57	((M15xPE-212-1) x M15) x M15)
23	((M19xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A)	58	((M35xPE-112-7-A-A-4-2) x M35) x M35)
24	((M41xPE-212-1-2) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2)	Probador	Genealogía
25	((M9xE-197) x M9) x M9)	1	6310*BULK-11-1
26	((M47xPE-115-3-3-2) x PE-115-3-3-2-2) x PE-115-3-3-2-2)	2	6310*BULK-11-2
27	((M35xPE-115-3-1-10) x PE-115-3-1-10-1) x PE-115-3-1-10-1)	3	6310*BULK-11-3
28	((M13xPE-115-3-1-11) x PE-115-3-1-11-1) x PE-115-3-1-11-1)	4	6310*BULK-11-4
29	((M32xPE-115-3-1-11) x PE-115-3-1-11-1) x PE-115-3-1-11-1)	5	6310*BULK-11-5
30	((M13xPE-115-3-1-3) x M13) x M13)	6	6310*BULK-11-6
31	((M15xPN-311-2-A-3-6) x M15) x M15)	7	6310*BULK-11-7
32	((M16xE-195) x M16) x M16)	Testigo	
33	((M4xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1) X V524-4119HC-218-3-2)	1	7573
34	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1) X V524-4119HC-218-3-2)	2	AN 447
35	((M21xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A)		

Cuadro 3.2 Situación geográfica y características climáticas de la localidad de evaluación.

AMBIENTE	LATITUD	LONGITUD	ALTITUD	TEMPERATURA	PRECIPITACIÓN
	NORTE	OESTE	(msnm)	MEDIA ANUAL (C°)	MEDIA ANUAL (mm)
El Prado, Nuevo León	24° 12´	100° 05´	1890	18 °C	300

Descripción de la Parcela Experimental

El diseño para el experimento fue un bloques incompletos al azar con arreglo de alfa *latice* con dos repeticiones, se llevó a cabo en la localidad de El Prado Nuevo León en el año 2011, la parcela experimental fue un surco de 4.5 metros de largo con 0.90 metros entre surcos, se utilizó el paquete estadístico Fieldbook del CIMMYT para realizar la aleatorización de parcelas así como la elaboración de hojas de campo.

Labores culturales

Preparación del terreno: El terreno se preparó de la siguiente manera: se inició con un subsoleo, después se dieron dos pasos de rastra y un riego de pre-siembra.

Siembra: La siembra se llevó a cabo en forma manual depositando una semilla por golpe a una distancia de 11 cm entre planta y planta obteniendo 40 plantas por parcela.

Fertilización: La dosis de fertilización fue de 120 N-60 P-60 K, la aplicación, se realizó en dos momentos; 50 por ciento del Nitrógeno, 100 por ciento de Fosforo y de Potasio, al momento de la siembra, el resto del Nitrógeno se aplicó cuando se realizó el primer cultivo.

Riegos: Los riegos se realizaron de la siguiente manera: un riego de pre-siembra para garantizar una buena germinación y para el desarrollo del material establecido, los riegos posteriores se suministraron de acuerdo a las necesidades del cultivo y de las condiciones climáticas, en general se aplicaron cinco riegos por aspersión durante el ciclo.

Control de malezas: El control de malezas se realizó en forma química aplicando el ingrediente activo atrazina con el nombre comercial (Gesaprim Calibre 90) cuando las malezas emergieron en el terreno para evitar una infestación.

Control de plagas: Para controlar las plagas del suelo se aplicó al momento de la siembra un ingrediente activo clorpirifos con el nombre comercial (Lorsban 30), otro ingrediente activo cipermetrina con el nombre comercial (Arrivo 200 CE) para controlar gusanos trazadores en el desarrollo vegetativo, y para controlar daños foliares se aplicó permetrina con el nombre comercial (Ambush 50).

Cosecha: se cosechó por parcela útil en forma manual, para posteriormente registrar el peso del campo y porcentaje de humedad.

Variables agronómicas evaluadas

Días a floración masculina (DFM): Esta variable se midió cuando el 50 por ciento de las plantas emitieron polen. Para registrar este dato se contaron el número de plantas totales presentes en la parcela a evaluarse y cuando existieron la mitad más uno de las plantas con la característica señalada, se registró el dato y se expresó en días.

Días a la floración femenina (DFF): Se contabilizó el número de días desde la siembra hasta que el 50 por ciento de las plantas presentaron estigmas visibles de 2 cm de longitud en promedio. Para registrar este dato se contó el número de plantas totales presentes en la parcela a evaluarse y cuando existieron la mitad más uno de las plantas con característica señalada, se registró el dato y se expresó en días.

Altura de planta (AP): Es la distancia en centímetros que existe desde la base de la planta hasta la punta de la espiga. Tomada después del estado lechoso del grano.

Altura de mazorca (AM): Es la distancia en centímetros que existe desde la base de la planta hasta el nudo donde se encuentra la inserción de la mazorca principal.

Acame de raíz (AR): Es el porcentaje de plantas que se encuentran acamadas por parcela, considerándose como acamadas a aquellas plantas que presentan una inclinación igual o mayor a 30° con respecto a la vertical del suelo.

Acame de tallo (AT): Es el porcentaje de plantas que se encuentran acamadas por parcela, considerándose como acamadas a aquellas plantas que presentan el tallo totalmente quebrado por debajo de la mazorca principal.

Plantas con *Fusarium spp.*, (PF): Es el porcentaje 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, vigor, potencial de rendimiento y precocidad. La escala va de 1 a 5 (1 muy buena y 5 muy mala).

Calificación de mazorca (CM): Calificación visual en base al total de mazorcas cosechadas por parcela útil que considera llenado de grano, sanidad, tamaño y calidad de semilla y uniformidad. De las hileras tomando una escala

de 1 a 5; donde: 1 corresponde a lo mejor, más sano y uniforme; y el 5 corresponde a lo peor y más variable.

Rendimiento (REN): Es la producción estimada por parcela experimental en $t\ ha^{-1}$ al 15.5 por ciento de humedad. Este dato se obtuvo al multiplicar el peso seco (PS) por un factor de conversión (FC).

Porcentaje de humedad (% H): Fue tomada en mazorca al momento de la cosecha del grano con el determinador de humedad Dickey John.

Para sacar el peso seco se aplicó esta fórmula.

$$ps = \frac{(100 - \%H)}{100} x pc$$

Dónde:

%H= porcentaje de humedad del grano al momento de la cosecha y PC= peso de campo en Kg.

Rendimiento en peso seco = $PS \times 10000 / APU / 1000$, PS = Peso Seco, 10000= valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m^2 , APU=Área de parcela útil es el producto de la distancia entre surcos por la longitud de la parcela, 1000= constante para obtener el rendimiento en $t\ ha^{-1}$.

Rendimiento en $t\ ha^{-1}$ al 15.5 por ciento de humedad = Rendimiento en peso seco $\times 0.155$ + Rendimiento en peso seco.

0.155 = es un coeficiente para generar el 15.5 por ciento de humedad que es lo que normalmente se acepta el grano en el mercado.

Kilogramo por Hectolítrico: Representa el peso del grano contenido en un recipiente de 100 litros es muy importante para la comercialización de granos, ya que esta traduce la cantidad de materia seca de grano que hay en un volumen determinado.

Análisis de varianza para contrastar la hipótesis de nula varianza

Se realizó el análisis de varianzas individual para las 12 variables generadas del ensayo para ver el comportamiento de las cruzas entre repeticiones, bloques dentro de repeticiones y entre tratamientos (híbridos) utilizando el siguiente modelo estadístico.

Modelo estadístico

$$Y_{ijk} = \mu + R_i + B_{j(i)} + T_k + \varepsilon$$

Dónde:

Y_{ijk} = es el valor observado en la i-esima repetición, la j-esima bloques dentro de la i-esima repetición, el k-esima tratamiento; μ = efecto de la media general, R_i = efecto de la i-esima repetición, $B_{j(i)}$ = efecto de la j-esima bloques dentro de la i-esima repetición, T_k = efecto de la k-esima tratamientos y ε = efecto del error.

Por otro lado se estimó la contribución que aportan los híbridos a la varianza total en las diferentes variables evaluadas y que con ello permitirá hacer una correcta selección.

Porcentaje de la contribución de los híbridos a la varianza total de la población

Para calcular el porcentaje de la contribución se obtuvo a la suma de cuadrados de las fuentes de variación del análisis de varianza con la suma de cuadrados de la fuente de los híbridos.

$$\text{porcentaje de contribucion} = \frac{(SCH)(100)}{SCT}$$

Dónde:

SCH= suma de cuadrado de la fuente de híbridos, 100= es el coeficiente para generar en porcentaje, SCT= suma de cuadrados totales de las fuentes de variación.

Posterior a los análisis de varianza y con la idea de hacer una eficiente selección entre los materiales, el siguiente paso fue construir el índice de selección aplicando el modelo AMMI y su grafico Biplot el que permite visualizar objetivamente las variables por grupo y elegir las características más representativas en cada grupo.

Condiciones para correr el Modelo AMMI y generar su grafico Biplot

Es requisito antes de correr los datos que las unidades en que están medidas las variables deben estar estandarizados ya que están en diferentes unidades (días, porcentajes, centímetros y toneladas) para estandarizar estos valores se aplicó la fórmula de Z para estimar los valores.

$$z = \frac{Y_j - \bar{y}}{S}$$

Dónde:

Z = Valor estandarizado; Y_j = valor observado; \bar{y} = promedio; S = desviación estándar de la variable en cuestión.

Una vez estandarizados los valores de las 12 variables estos se acomodaron en una tabla de contingencia donde los genotipos fueron las filas y

las variables fueron las columnas y de esta forma se corrió el modelo AMMI para generar el gráfico Biplot con la rutina propuesta por Crossa y Vargas (2000); para la visualización de las agrupaciones naturales existentes entre las 12 variables; con el fin de seleccionar por grupo una variable representativa, las variables que fueron evaluados son días a floración macho, (DFM), días a floración hembra (DFH), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM), acame de raíz (AR), acame de tallo (AT), plantas con *Fusarium spp.*, (PF), calificación de planta (CP), calificación de mazorca (CM), rendimiento de grano (REN), kilogramo por hectolítrico (KGH), porcentaje de humedad (% H), utilizando la siguiente fórmula del modelo AMMI:

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

Dónde:

Y_{ij} = comportamiento del i-ésimo genotipo en la j-ésima variable; μ = media general; g_i = efecto del i-ésimo genotipo; e_j = efecto del a j-ésima variable; λ_k = raíz cuadrada del vector característico del k-ésimo eje del ACP; α_{ik} = calificación del ACP para el k-ésimo eje del i-ésimo genotipo; γ_{jk} = calificación del ACP para el k-ésimo eje de la j-ésima variable; R_{ij} = residual del modelo con $\sim \text{DNI}\left(\frac{\sigma^2}{r}\right)$

Índice de Selección

Una vez identificadas las variables en base a su representatividad, (REN, CP, AM y DFH) se procedió a integrarlas en un índice de selección para identificar a los materiales más sobresalientes.

Los índices se construyeron con base a la metodología propuesta por Barreto *et al.* (1991), la estimación se realizó para cada una de las repeticiones, la fórmula empleada para estimar el índice fue la siguiente:

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

Donde:

IS = índice de selección; $Y_{i...n}$ = variable en unidades Z; $M_{j...n}$ = meta de selección; $I_{j...n}$ = intensidad de selección.

La intensidad de selección es el grado de importancia que se le asignan a cada una de las variables a ser utilizadas en la selección y toma valores de 0 a 10. Este valor es diferente para cada una de las variables, según el criterio del investigador. El valor de intensidad más pequeño (0) es asignado

a la variable de menor interés y el valor más alto (10) representa la variable de mayor importancia.

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

$$MD = \frac{Max - \bar{y}}{s}$$

MD = meta deseada; Max= es el valor deseado de la variable considerando el valor más favorable dentro de la población, mismo que puede estar por encima o por debajo de la media; \bar{y} = media de la variable; S = desviación estándar de la variable de interés.

De acuerdo como lo menciona Peña (2008); la suma de las distancias euclidianas de aquellos genotipos con el menor índice son las que minimizan dicha distancia y representan aquellos genotipos más cercanos a los criterios

expresados en la meta asignada a cada variable, y por lo tanto se consideran superiores.

Después se realizó un análisis de varianza con base en el índice de selección con la finalidad de contrastar la hipótesis nula de que no existe diferencia entre los valores que exhiben los índices de selección y si se rechaza la hipótesis al hacer selección entre los híbridos mediante la prueba de Tukey.

Otra actividad realizada fue la estimación de la ACG de las líneas QPM, esto con ayuda del modelo línea por probador.

Línea por Probador

Se utilizó la metodología de línea por probador, como lo menciona Fellahi *et al.* (2013); Es una metodología propuesta por Kempthorne es una de las poderosas herramientas disponibles para estimar los efectos de la combinación de habilidad y ayuda en la selección de los progenitores deseables cuyo modelo es el siguiente:

$$Y_{ijkl} = \mu + r_i + l_j + p_k + lp_{jk} + rl_{ij} + rp_{ik} + \varepsilon_{ijkl}$$

Dónde:

Y_{ijk} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; r_i = efecto del i-ésima repetición; l_j = efecto de j-ésimo línea; p_k = efecto de la k-ésima probador; lp_{jk} = efecto del j-esimo línea por la k-esima probador; rl_{ij} = efecto del i-esima repetición por de j-esimo línea; rp_{ik} = efecto del i-esima repetición por la k-esima probador; ε_{ijk} = efecto del error experimental.

Estimación de ACG:

Para líneas:

$$g_i = \frac{x_{i..}}{tr} - \frac{x_{...}}{ltr}$$

Para probadores:

$$g_j = \frac{x_{.j.}}{lr} - \frac{x_{...}}{ltr}$$

Dónde:

$x_{i..}$ = total de la línea; $x_{.j.}$ = total de probador; $x_{...}$ = gran total o media general; l = línea; t = probador; r = repetición.

Con la finalidad de determinar probadores como progenitores con base a la estimación de aptitud combinatoria general (ACG) al igual para la elección del mejor probador para discriminar a las líneas.

Criterios de selección

Los híbridos superiores son aquellas que presentan buenas características agronómicas y que tengan un índice de selección con el valor más favorable al mérito.

En cuanto a selección de probadores como progenitores se consideró la aptitud combinatoria general (ACG) exhibida a cada una de las variables evaluadas y fueron aquellas que hubo efectos favorables de ACG.

Para la elección del mejor probador para discriminar a las líneas, son los que presentan efectos nulos de aptitud combinatoria general en cada una de las variables estudiadas.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de Varianza General

Los datos obtenidos en el sitio de evaluación de los ensayos, así como algunas estimaciones de escritorio dieron un total de 12 variables, mismas que se llevaron a un análisis de varianza para confirmar las diferencias existentes dentro de cada una para los efectos de: repeticiones, bloques dentro de repeticiones y entre híbridos, para contrastar la hipótesis de que no existe variabilidad dentro de los caracteres evaluados, un resumen de estos resultados se muestra en el Cuadro 4.1.

Para repeticiones, las variables días a floración macho, altura de planta, y rendimiento de grano presentaron una significancia al $P \leq 0.01$, y para la variable altura de mazorca presentó un nivel de significancia al ($P \leq 0.05$), esto indica que las variables mostraron diferente comportamiento promedio entre repeticiones, al contrario para las variables días a floración hembra, acame de raíz y tallo, plantas con *Fusarium spp*, calificación de plantas y mazorca, kilogramo por hectolítrico, no presentaron significancia lo que indica que el efecto de repeticiones fue bajo.

Cuadro 4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza para 12 variables del ensayo de rendimiento de 90 híbridos evaluados en El Prado Nuevo León en él 2011.

F.V.	G.L.	DFM	DFH	AP	AM	AR	AT
U.M		días	días	cm	cm	%	%
Repetición (rep)	1	31.25 **	0.005	3636.005 **	642.222 *	0.355	0.000
Bloque / rep	16	10.161 **	14.495 **	244.914 *	167.588	26.654	0.407
Híbridos	89	9.627 **	10.5 **	284.854 **	535.755 **	27.395	0.378
Error	73	2.926	3.637	135.025	156.991	25.618	0.376
C.V. (%)		1.44	1.579	5.495	11.957	208.006	690.173
Media		118.805	120.772	211.45	104.788	2.433	0.088

** y *, significancia al nivel de $P \leq 0.01$ y $P \leq 0.05$ respectivamente; F.V.= Fuente de variación, U.M.= Unidades de medición, C. V. (%)= Coeficiente de variación; G.L.= Grados de libertad, DFM= Días a floración masculina, DFH= Días floración femenina, AP= Altura de planta, AM= Altura de mazorca, AR= Acame de raíz, AT= Acame de tallo.

Continuación Cuadro 4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza para 12 variables del ensayo de rendimiento de 90 híbridos evaluados en El Prado Nuevo León en él 2011.

F.V.	G.L.	PF	CP	CM	REN	KGH	%H
U.M.		%	(1-5)	(1-5)	(t ha ⁻¹)	Kgh	%
Repetición (rep)	1	15.022	0.200	0.005	45.240 **	0.760	14.224
Bloque / rep	16	7.839	0.479	0.137	3.842	5.302	7.652 *
Híbridos	89	6.944	0.697	0.195	6.048 **	30.195 **	10.271 **
Error	73	6.944	0.536	0.140	3.424	5.039	4.235
C.V. (%)		722.359	22.112	13.436	17.643	3.034	10.532
Media		0.355	3.311	2.794	10.488	73.980	19.538

** y * significancia al nivel de $P \leq 0.01$ Y $P \leq 0.05$ respectivamente; F.V.= Fuente de variación, U.M.= Unidades de medición, C. V. (%) = Coeficiente de variación; G.L.= Grados de libertad, PF= Plantas con *Fusarium spp.*, CP= Calificación de plantas, CM= Calificación de mazorca, REN= Rendimiento de grano, KGH= Kilogramo por hectolítrico, %H= Porcentaje de humedad.

Respecto a la fuente de bloques dentro de repetición, las variables días a floración macho, días a floración hembra, estadísticamente muestran una significancia al $P \leq 0.01$, mientras que para las variables altura de planta, porcentaje de humedad presentaron diferencias estadísticas al ($P \leq 0.05$). Esto significa que los bloques dentro repetición mostraron promedios estadísticamente diferentes. Mientras que para las variables restantes no

detectó diferencias para ésta fuente de variación lo que indica que el sub-bloqueo no fue eficiente.

La fuente de variación híbridos presentó significancia al $P \leq 0.01$ para siete variables: días a floración macho y hembra, altura de planta y mazorca, rendimiento de grano, kilogramo por hectolítrico y porcentaje de humedad, esto indica que los híbridos son diferentes entre sí, lo que permitirá realizar selección entre ellos. Los resultados obtenidos concuerdan con los encontrados por Manjarrez *et al.* (2014); quienes evaluaron 10 líneas endogámicas de maíz: cuatro de grano normal y seis de alta calidad de proteína (QPM). Se analizaron las variables: días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, calificación de planta y mazorca, y rendimiento de grano, los resultados mostraron diferencias significativa.

Para discutir más ampliamente esta variabilidad detectada se presentan el Cuadro 4.2 donde se mide la aportación que hacen los híbridos (por variable) al total de la variación sin corregir (sumas de cuadrados) donde es obvio que la contribución que aportan los híbridos a la varianza total en las diferentes variables evaluadas permitirá hacer una correcta selección.

Cuadro 4.2 Contribución de los híbridos a la varianza absolutamente genética, con atención a las sumas de cuadrados obtenidos en los ANVAS respectivos, a la varianza total de la población.

Variables	%	Variables	%
DFM	67.77	PF	48.84
DFH	65.26	CP	56.89
AP	59.28	CM	58.29
AM	76.33	REN	60.14
AR	51.49	KGH	85.56
AT	49.76	%H	67.21

DFM= Días a floración macho, DFH= Días a floración hembra, AP= Altura de planta, AM= Altura de mazorca, AR= Acame de raíz, AT= Acame de tallo, PF= Plantas con *Fusarium spp.*, CP= Calificación de planta, CM= Calificación de mazorca, REN= Rendimiento de grano, KGH= Kilogramo por hectolítrico, % H= Porcentaje de humedad.

Atendiendo los reportes del cuadro 4.2 para las variables días a floración macho y hembra, así como en porcentaje de humedad, la contribución debida a los híbridos (del 65 al 67 por ciento), indica que es posible la selección, para híbridos precoces cuando hay dos ciclos de siembra o cuando se siembra otro cultivo después del maíz y para híbridos tardíos cuando hay un ciclo de siembra o para tener altos rendimientos de grano.

En este mismo cuadro las variables altura de planta y mazorca, acame de raíz y tallo, se aprecia un porcentaje de contribución que va del 49 al 76 por ciento de variabilidad de la población, en base a esto podemos hacer selección; si es para híbridos forrajeros cuando se necesitan mayor altura de planta y mazorca, así como para híbridos de producción de grano, cuando se necesitan menor altura de planta y mazorca, o para altas densidades de población.

Las variables calificación de planta y mazorca, plantas con *Fusarium spp.*, hacen una aportación que va del 48 al 58 por ciento del total de la

población, esto significa que es posible la selección, cuando los híbridos tengan los atributos favorables.

La variable rendimiento de grano aporta un 60 por ciento a la variabilidad detectada en la población, eso quiere decir que los híbridos se comportaron muy diferentes, lo que hace posible la selección para ver cuál es el híbrido más rendidor.

En cuanto la variable kilogramo por hectolítrico muestra que aquí los híbridos exhiben una alta proporción (85 por ciento) de la variabilidad de la población, esto indica que es muy factible hacer la selección cuando los híbridos tenga la mejor calidad física del grano.

Como resumen de los resultado del análisis de varianza de las 12 características, se tiene la suficiente evidencia para rechazar la hipótesis nula, la cual indica que no existe diferencias entre las variables y se acepta que existe variabilidad dentro de ellos, se infiere que en gran parte se puede atribuir al diferente origen genético de las líneas unas del CIMMYT (QPM) y otras normales del IMM.

En lo referente a los coeficientes de variación (C.V) de las variables evaluadas en los casos que es menor de 20 por ciento indican que los datos tienen un grado aceptable de confiabilidad ya que hubo una buena conducción de los experimentos, los valores estimados muy altos como las variables acame

de raíz y tallo, plantas con *Fusarium spp.*, es debido a que estos datos están en porcentaje por lo tanto no siguen una distribución normal.

El siguiente paso del estudio fue elegir un adecuado sistema de selección para identificar los híbridos con mejores atributos agronómicos, para ello se empleó el índice de selección descrito por Barreto *et al.* (1991); donde lo primero fue identificar las variables con que se construirá dicho índice ya que al incluir todas las 12 variables el éxito se diluiría grandemente, por lo que se precisó de identificar variables naturalmente agrupadas y dentro de cada grupo tomar las indicadas para poder seleccionar los híbridos experimentales con mejor valor al mérito mediante el índice propuesto.

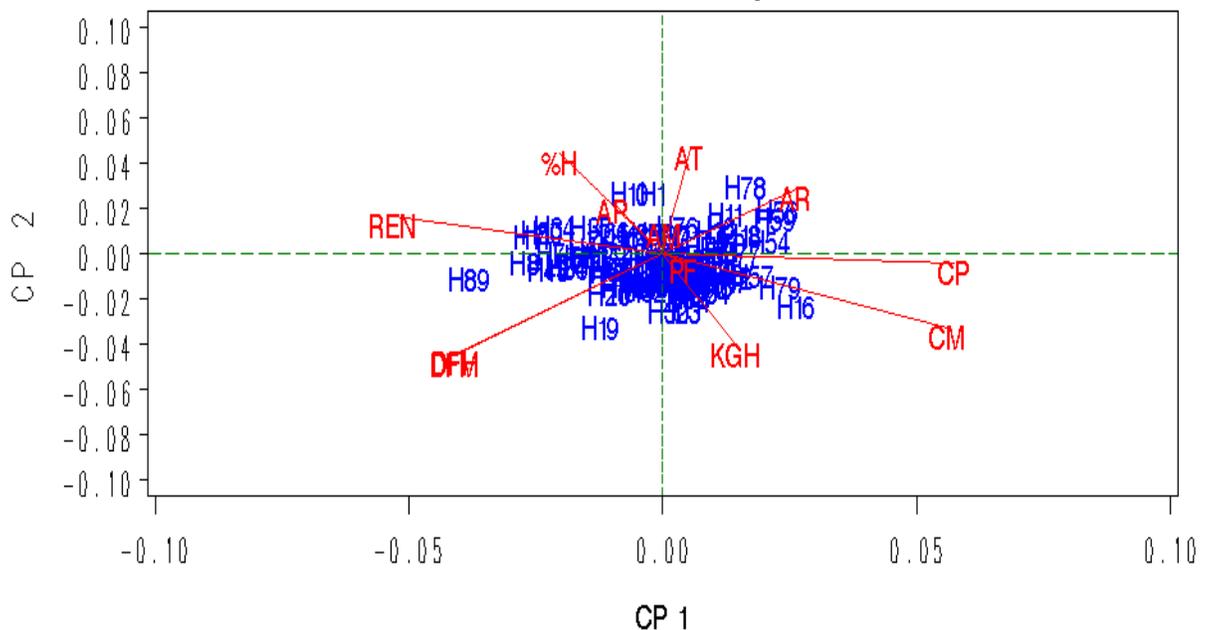
Detección de agrupamientos natural entre las 12 variables agronómicas correlacionadas mediante el modelo AMMI y su gráfico Biplot.

Para la construcción del índice de selección se debe conocer la relación natural existente entre las variables estudiadas y dentro de cada grupo elegir la más representativa; para lograr esto se corrió un análisis bajo un modelo AMMI en donde los híbridos entraron como filas y los valores estandarizados de las variables estudiadas entraron como columnas, y en el gráfico Biplot se consideró como un grupo de variables aquellas las que se encuentran asociadas con un ángulo menor de 90° en atención de lo que

menciona Crossa *et al.* (2009); quienes señalan que un ángulo menor de 90° entre variables indica que estas están correlacionadas.

En atención a la Figura 4.1 se pueden detectar cuatro agrupamientos entre las 12 variables. Dentro del primer grupo se encuentran las variables kilogramo por hectolítrico, plantas con *Fusarium spp.*, calificación de mazorca y calificación de planta. Entre ellos se eligió la calificación de planta que es una variable representativa.

Figura 4.1 Biplot AMMI construidos con valores estandarizados de las 12 variables de cada uno de los 90 híbridos experimentales.



KGH= kilogramo por hectolítrico, PF= Plantas con *Fusarium spp.*, CM= Calificación de mazorca, CP= Calificación de planta, AR= Acame de raíz, AT= Acame de tallo, AM= Altura de mazorca, AP= Altura de planta, %H= Porcentaje de humedad, REN= Rendimiento de grano, DFM= Días a floración macho, DFH= Días a floración hembra.

Dentro del segundo grupo se encuentran las variables acame de raíz, acame de tallo y altura de mazorca, en este caso se dio más prioridad en altura de mazorca.

En el tercer grupo se encuentran las variables altura de planta, porcentaje de humedad, rendimiento de grano. En este grupo se eligió el rendimiento de grano por ser una característica de suma importancia para el programa de mejoramiento genético.

En el cuarto grupo encontramos las variables días a floración macho, días a floración hembra y los dos representan la misma correlación. Se dio más prioridad al elegir días a floración hembra como una variable representativa.

La información detectada en la Figura 4.1 coincidió con lo reportado por Ibáñez *et al.* (2006); quienes indican que el Biplot permite visualizar el agrupamiento de las variables agronómicas.

De acuerdo a la Figura 4.1, para la construcción del índice de selección se consideró tomar las variables por grupo en este caso se consideró las variables rendimiento de grano, calificación de planta, días a floración macho, y altura de mazorca, Los índices más eficientes en el presente trabajo fueron aquellos que consideraron características más representativas Mihaljevic *et al.* (2005); mencionan que una característica que siempre debe estar incluida en la construcción de índices de selección es el rendimiento.

La elección correcta de los mejores individuos para un programa de mejoramiento es de suma importancia pero para elegir los más sobresalientes, con base a sus características individuales es muy complicado, para esto la

construcción de un índice de selección constituye un procedimiento que permite separar genotipos, coincide como lo menciona Cerón *et al.* (2005); éste método permite separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres.

Por su parte Yáñez (2005); mencionan que cuando se implementa un índice de selección se busca producir el mayor impacto posible en el genotipo agregado al aplicar selección sobre los criterios de selección. Otro autor Cerón *et al.* (2006); mencionan que los índices de selección ayudan a seleccionar los mejores individuos para el próximo ciclo de selección en base a los valores fenotípicos observados.

Para estimar el valor de la meta deseada en unidades Z se eligió el valor más favorable detectado en la población dependiendo de la variable evaluada, en este caso para calificación de planta se tomó el valor mínimo, ya que entre más baja la calificación quiere decir que tiene buenos atributos, para altura de mazorca se tomó el valor mínimo entre más bajo la mazorca, menos acame de raíz y tallo, para rendimiento se eligió un valor alto ya que entre más alto el rendimiento es mucho mejor, y para días a floración hembra se tomó un valor mínimo entre más precoz mucho más eficiente, los valores de las metas e intensidades que fueron utilizadas por repetición se muestra en el Cuadro 4.3.

Cuadro 4.3 Valores de las metas e intensidades utilizadas por repetición para el cálculo del índice de selección de híbridos para cuatro variables fenotípicas.

Variable	Intensidad	R1 MD	R2 MD
CP	10	-2.71	-1.78
AM	8	-1.98	-1.85
REN	9	2.47	2.00
DFH	10	-3.00	-3.00

CP= Calificación de planta, AM= Altura de mazorca, REN= Rendimiento grano, DFH= Días a floración hembra, MD= Meta deseada, R1= Repetición uno, R2= Repetición dos.

Los índices de selección estimados por híbrido se resumen en el Cuadro A.2 donde se aprecia que existe un rango de valor considerable entre los valores al mérito de híbrido con el índice más bajo y el del híbrido con el valor más alto.

Análisis de Varianza del Índice de Selección

Como los estimados de los índices se hicieron por repetición esto hace posible que sean modelados para probar la hipótesis que estadísticamente al menos uno es superior al resto, razón por la cual se presentan los resultados de dicho análisis en el Cuadro 4.4.

Cuadro 4.4 Cuadrados medios del análisis de varianza de 90 híbridos con base en el índice de selección.

F.V.	G.L.	SC	CM	
Repeticiones	1	173.218	173.218	**
Bloques(repetición)	16	200.019	12.501	
Híbridos	89	1201.884	13.504	**
Error	73	578.535	7.925	
C.V.			18.099	
Media			15.553	

*, ** = Significativo al punto 0.01 y punto 0.05 de probabilidad, F.V.= Fuente de variación, G.L.= Grados de libertad, SC= Suma de cuadrados, CM= Cuadrados medios, C.V.= Coeficiente de variación.

La fuente repeticiones mostró una significancia al $P \leq 0.01$, esto indica que hubo variación entre repeticiones, lo que justifica el uso de este modelo fue eficiente.

La fuente de bloques dentro de repetición, el análisis estadístico mostró que no hay significancia, quiere decir que se comportaron igual esto es debido que el sub-bloqueo no fue lo suficientemente eficiente para detectar diferencias dentro de las repeticiones.

La fuente de variación de híbridos estadísticamente presentó un nivel de diferencia al $P \leq 0.01$, esto indica que entre los materiales se encontraron valores diferentes del índice de selección y al menos uno es diferente o superior a los demás.

Posteriormente para identificar cuál es el mejor híbrido entre ellos, se realizó una prueba de Tukey al 0.05 por ciento de probabilidad de acuerdo la agrupación estadística con el valor al mérito en su índice de selección y se aprecia en el Cuadro 4.5.

Cuadro 4.5 Híbridos de alto valor mérito del índice de selección y su respectiva agrupación estadística.

LUGAR	No.	GENEALOGIA	DFM	DFH	AP	AM	AR	AT	INDICE DE SELECCIÓN	AGRUPAMIENTO TUKEY
HIBRIDOS			días	días	cm	cm	%	%		
1°	70	6310*BULK-11-6 x (((M15xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A)	117.77	120.05	213.08	88.04	0	0	10.641	C
2°	59	6310*BULK-11-4 x ((M4xE-197) x E-197-6 x E-197-6)	116.9	109.84	208.28	87.31	0	1.5	10.798	BC
3°	37	(((M13xPE-115-3-1-11) x M13) x M13) x 6310*BULK-11-3	115.07	119.09	200.52	78.59	13.78	0	11.063	BC
4°	5	(M19 x (PE-106-8xLBCPC4S4)-2-A-2-1-3)-8 x 6310*BULK-11-1	115.61	116.38	196.66	85.16	1.33	0	11.129	BC

DFM= Días a floración macho, DFH= Días a floración hembra, AP= Altura de planta, AM= Altura de mazorca, AR= Acame de raíz, AT= Acame de tallo.

Continuación Cuadro 4.5 Híbridos de alto valor mérito del índice de selección y su respectiva agrupación estadística.

LUGAR	No.	GENEALOGIA	PF	CP	CM	REN	KGH	%H	INDICE DE SELECCIÓN	AGRUPAMIENTO TUKEY
HIBRIDOS			%	(1-5)	(1-5)	(t ha ⁻¹)	kg/h	%		
1°	70	6310*BULK-11-6 x (((M15xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A)	2.09	2.39	2.40	11.20	74.56	16.44	10.641	C
2°	59	6310*BULK-11-4 x ((M4xE-197) x E-197-6 x E-197-6)	0.00	3.33	2.89	8.64	75.11	16.56	10.798	BC
3°	37	(((M13xPE-115-3-1-11) x M13) x M13) x 6310*BULK-11-3	0.00	2.80	2.54	13.16	74.94	18.29	11.063	BC
4°	5	(M19 x (PE-106-8xLBCPC4S4)-2-A-2-1-3)-8 x 6310*BULK-11-1	0.00	2.55	3.22	9.28	74.48	19.39	11.129	BC

PF= Plantas con *Fusarium spp.*, CP= Calificación de planta, CM= Calificación de mazorca, REN= Rendimiento de grano, KGH= Kilogramo por hectolítrico, %H= Porcentaje de humedad.

Se determina que el mejor híbrido es el 70 resultado de la cruce por la línea 55 con el probador 6 6310*BULK-11-6 x (((M15xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A) este híbrido presentó el valor más favorable en el índice de selección 10.641, lo que indica que este genotipo contiene características deseables, excepto a la variable plantas con *Fusarium spp.*, mostró cierto porcentaje de susceptibilidad, aunque este híbrido es rendidor con 11.20 t ha⁻¹ de igual manera tiene buena apariencia con una calificación de planta de 2.39.

El híbrido 59 de la cruce por la línea 48 con el probador 4 6310*BULK-11-4 x ((M4xE-197) x E-197-6 x E-197-6) este híbrido es el segundo lugar con un valor al mérito por índice de selección de 10.798, al igual muestra unos resultados fenotípicos más precoz con un valor de humedad bajo, con un buen porte de altura de planta y mazorca, cero acame de tallo, tolerante a *Fusarium spp.*, con un rendimiento de 8.64 t ha⁻¹ y kilogramo por hectolítrico de 75.4 kilogramos, y otras características favorables.

Le sigue el híbrido 37 resulta de la cruce por la línea 36 con el probador 3 (((M13xPE-115-3-1-11) x M13) x M13) x 6310*BULK-11-3, este híbrido ocupando el tercer lugar con el valor al mérito del índice de selección de 11.063, aunque demuestra con buena calificación de plantas, excelente sanidad, con mayor rendimiento de 13.16 (t ha⁻¹) ,sin embargo tiene más porcentaje del acame de raíz, por lo tanto hay que prestarle atención ya que este híbrido es el tercero en cuanto al rendimiento.

Es obvio que las mejores líneas del IMM fueron los que tenían dos retrocruzas.

El último híbrido superior es el número 5 resultante de la cruce por la línea 5 con el probador 1 (M19 x (PE-106-8xLBCPC4S4)-2-A-2-1-3)-8 x 6310*BULK-11-1, presenta el valor de índice de selección más alto de un 11.129, este híbrido demuestra ser más bajo en altura de planta y mazorca, tolerante a *Fusarium spp.*, cero acame de tallo, pero este genotipo es tardío al momento de la cosecha con 19.39 por ciento de humedad, con un rendimiento de 9.28 (t ha⁻¹).

Como resumen los híbridos 70 y 37 son los mejores en cuanto a su potencial de rendimiento y con buenas características agronómicas, el hecho de que el híbrido 37 se encuentra posicionado en el tercer lugar se debe al valor mérito estadísticamente pero comparten dos grupos con el 59 y el 5.

Otro objetivo de este trabajo fue estimar la aptitud combinatoria general de las líneas QPM, el trabajo que se efectuó con el modelo línea por probador cuyos resultados se muestran en el Cuadro 4.7.

Análisis de Varianza de Línea por Probador

La fuente de variación por repetición a la variable de días a floración macho muestra un nivel de significancia al $P \leq 0.05$ y para las variables altura de planta, rendimiento de grano con un nivel de significancia al $P \leq 0.01$ esto indica que existió diferencias entre repeticiones, y para las variables días a floración hembra, altura de mazorca, acame de raíz y tallo, plantas con *Fusarium spp.*, calificación de planta y mazorca, kilogramo por hectolítrico, porcentaje de humedad, no hubo significancia esto indica que no hubo ningún efecto significativo para repeticiones.

Para la fuente de líneas las variables días a floración hembra, altura de planta, altura de mazorca, plantas con *Fusarium spp.*, calificación de planta y mazorca, rendimiento de grano, kilogramo por hectolítrico, porcentaje de humedad, presentaron estadísticamente al $P \leq 0.01$ y para la variable días a floración macho con un nivel de significancia al $P \leq 0.05$, esto indica que existe variabilidad genética dentro de las líneas, y ello favorece la oportunidad para identificar y seleccionar las mejores líneas con buenos atributos agronómicos, las cuales pueden formar parte de materiales del grupo élite del programa de mejoramiento en el IMM..

Estos resultados concuerda con el trabajo por Meza *et al.* (2013); evaluaron 32 líneas de maíz normal y con alta calidad proteínica para identificar

las sobresalientes en rendimiento de grano, lisina, triptófano y características agronómicas donde encontraron variabilidad genética de las líneas.

Para la fuente de probador, que es lo que más nos interesa en este trabajo, las variables días a floración hembra, calificación de planta mostraron un nivel de significancia al $P \leq 0.05$, en cuanto a las variables rendimiento de grano, kilogramo por hectolítrico, con un nivel de significancia al $P \leq 0.01$, esto indica que los probadores muestran diferente capacidad para discriminar a las líneas, y para las 8 variables días a floración macho, altura de planta, y mazorca, acame de raíz y tallo, plantas *Fusarium spp.*, calificación de planta y mazorca, porcentaje de humedad, para esto no hay diferencias significativas en los probadores.

Cuadro 4.6 Cuadrados medios del análisis de varianza línea por probador para 12 variables del ensayo evaluadas durante el 2011 en El Prado Nuevo León.

F.V.	G.L.	DFM	DFH	AP	AM	AR	AT
U.M.		días	días	cm	cm	%	%
Rep	1	19.203 *	3.265	2458.424 **	65.862	0.201	0.016
Línea	57	9.114 *	12.814 **	396.233 **	641.65 **	28.256	0.303
Probador	6	6.798	10.083 *	114.986	85.868	36.847	0.479
Línea*Probador	24	10.462 **	12.686 **	295.544 **	369.407 **	30.958	0.494
Rep*Línea	57	4.075	6.564	181.015 *	164.243	25.973	0.336
Rep*Probador	6	7.721	11.903 *	338.226 **	203.661	17.038	0.481
Error	24	4.357	4.115	79.192	117.508	27.786	0.494
C.V.		1.757	1.680	4.208	10.371	211.813	773.365
Media		118.738	120.744	211.431	104.522	2.488	0.090

** y *, significancia al nivel de $P \leq 0.01$ y $P \leq 0.05$ respectivamente; F.V.= Fuente de variación, U.M.= Unidades de medida C. V. (%)= Coeficiente de variación; G.L.= Grados de libertad, DFM= Días a floración masculina, DFH= Días a floración femenina, AP= Altura de planta, AM= Altura de mazorca, AR= Acame de raíz, AT=Acame de tallo.

Continuación Cuadro 4.6 Cuadrados medios del análisis de varianza línea por probador para 12 variables del ensayo evaluadas durante el 2011 en El Prado Nuevo León.

F.V.	G.L.	PF	CP	CM	REN	KGH	%H						
U.M.		%	(1-5)	(1-5)	(t ha ⁻¹)	Kgh	%						
Rep	1	4.197	0.053	0.147	50.208	**	1.151	0.055					
Línea	57	9.228	**	0.779	**	0.207	**	7.361	**	41.707	**	11.553	**
Probador	6	1.659		0.843	*	0.084		9.134	**	13.109	**	8.793	
Línea*Probador	24	1.132		0.459		0.118		4.653	*	12.149	**	8.147	
Rep*Línea	57	9.593	**	0.639	*	0.154	**	4.268	*	5.844		4.919	
Rep*Probador	6	1.783		0.201		0.145		4.032		5.972		8.246	
Error	24	1.102		0.32		0.061		2.187		3.478		4.752	
C.V.		288.703		17.028		8.839		14.157		2.520		11.127	
Media		0.363		3.323		2.806		10.446		74.002		19.590	

** y * significancia al nivel de $P \leq 0.01$ Y $P \leq 0.05$ respectivamente; F.V.= Fuente de variación, U.M.= Unidades de medida, C. V. (%)= Coeficiente de variación; G.L.= Grados de libertad, PF= Plantas con *Fusarium spp.*, CP= Calificación de planta, CM= Calificación de mazorca, REN= Rendimiento de grano, KGH= Kilogramo por hectolítrico, %H= Porcentaje de humedad.

La fuente de líneas por probador las variables días a floración macho y hembra, altura de planta y mazorca, kilogramo por hectolítrico, mostraron un nivel de significancia al $P \leq 0.01$ solo la variable rendimiento de grano, con una significancia al $P \leq 0.05$, esto indica que los híbridos exhiben diferente comportamiento; mientras que las variables acame de raíz y tallo, plantas con *Fusarium spp.*, calificación de planta, calificación de mazorca, porcentaje de humedad, estadísticamente no presentaron diferencias significativas.

Fellahi *et al.* (2013); mencionan que el método de línea x probador propuesto por Kempthorne es una de las poderosas herramientas disponibles para estimar los efectos de la combinación de habilidad y ayuda en la selección de los progenitores deseables. Otro autor Rashid *et al.* (2007); revelan que el método de línea por probador es una herramienta que proporciona información acerca de la habilidad combinatoria general efectos de los progenitores (ACG).

Los resultados de este trabajo concuerdan con el resultado Recendiz *et al.* (2009); donde evaluaron nueve líneas de alta calidad de proteína (QPM) se cruzaron con cuatro líneas normales y 3 testigos, encontraron diferencias significativas en las fuentes de variación.

Sierra *et al.* (2005); emplearon esta misma estrategia que se utilizó para seleccionar líneas de manera temprana con características genéticas y agronómicas deseables, que permitan su manejo rentable durante la producción de semilla de híbridos de cruce simple. Al analizar un grupo de líneas y sus probadores derivadas de un compuesto de amplia base genética y líneas provenientes del CIMMYT.

Selección de probadores para emplearse como progenitores de híbridos o como discriminadores por medio de la estimación de (ACG)

El probador más sobresaliente como progenitor según el resumen del Cuadro 4.5 está identificado con el número 6 (6310*BULK-11-6) ya que en las variables días a floración macho y hembra, altura de mazorca, acame de raíz, plantas con *Fusarium spp.*, calificación de planta y mazorca, rendimiento de grano, obtienen efectos favorables de (ACG) estadísticamente diferentes de cero, en cuanto a las variables altura de planta, acame de tallo, presentaron valores efectivos favorables estadísticamente menor que cero.

Otro probador con atributos para ser buen progenitor es el identificado con el número 3 (6310*BULK-11-3) donde las variables días a floración macho y hembra, altura de planta, altura de mazorca, plantas con *Fusarium spp.*, calificación de planta, calificación de mazorca y porcentaje de humedad, muestran valores genéticos favorables diferentes de cero, en cuanto a las variables acame de tallo, rendimiento de grano, presentan valores efectivos aunque estadísticamente menor y mayor o igual a cero.

Cuadro 4.7 Aptitud Combinatoria General (ACG) de probadores para cada una de las variables del ensayo evaluado durante el 2011 en El Prado Nuevo León.

ACG PROBADORES												
Probador	Genealogía	DFM	DFH	AP	AM	AR	AT					
1	6310*BULK-11-1	0.136	0.505	**	1.286	-1.866	*	1.323	**	0.159	**	
2	6310*BULK-11-2	0.386	*	0.422	*	3.922	2.602	**	0.678	-0.090		
3	6310*BULK-11-3	-0.838	**	-0.744	**	-7.931	**	-4.022	**	0.161	-0.090	
4	6310*BULK-11-4	0.492	**	-0.013		-3.701	**	-2.868	**	-1.565	**	0.024
5	6310*BULK-11-5	0.376	*	-0.013		3.068	**	9.092		-0.219	-0.090	
6	6310*BULK-11-6	-0.595	**	-0.815	**	-1.288		-4.165	**	-2.488	**	-0.090
7	6310*BULK-11-7	-2.038	**	-0.944	**	-3.631	**	-8.822	**	0.311	0.409	

DFM= Días a floración macho, DFH= Días a floración hembra, AP= Altura de planta, AM= Altura de mazorca, AR= Acame de raíz, AT= Acame de tallo.

Continuación Cuadro 4.7 Aptitud Combinatoria General (ACG) de probadores para cada una de las variables del ensayo evaluado durante el 2011 en El Prado Nuevo León.

ACG PROBADORES													
Probador	Genealogía	PF	CP	CM	REN	KGH	%H						
1	6310*BULK-11-1	-0.019	0.019	0.005	0.212	-0.014	0.662	**					
2	6310*BULK-11-2	-0.280	**	0.196	**	0.151	-0.496	**	1.545	-0.378	*		
3	6310*BULK-11-3	-0.363	**	-0.273	**	-0.206	**	0.133		-2.417	**	0.409	*
4	6310*BULK-11-4	-0.017		-0.093	*	0.077	**	0.369	**	-0.298	*	-1.383	**
5	6310*BULK-11-5	1.174		0.022		-0.076	**	0.105		-0.056		-0.379	*
6	6310*BULK-11-6	-0.363	**	-0.395	**	-0.163	**	0.555	**	-0.180		1.473	
7	6310*BULK-11-7	-0.363	**	0.276		-0.106	**	-0.573	**	-1.362	**	1.399	

PF= Plantas con *Fusarium spp.*, CP= Calificación de planta, CM= Calificación de mazorca, REN= Rendimiento de grano, KGH= Kilogramo por hectolítrico, %H= Porcentaje de humedad.

El probador 1 (6310*BULK-11-1) no hubo efectos en las variables días a floración macho, altura de planta, plantas con *Fusarium spp.*, calificación de planta, calificación de mazorca, rendimiento de grano, kilogramo por hectólitro, esto indica que es un buen probador para la discriminación.

De acuerdo a como lo menciona Vivek *et al.* (2008); un buen probador debe facilitar las discriminación entre genotipos con base en la aptitud combinatoria y otras características deseadas.

V. CONCLUSIONES

El análisis de varianza general de los 12 variables evaluados en el ensayo, dio como resultado la existencia de variabilidad en cada una de las fuentes de variación y por ende se detectó diferencias significativas, por lo que se tiene la suficiente evidencia para rechazar la hipótesis nula, la cual indica que no existe variación entre los híbridos.

En el caso de la agrupación de los 12 caracteres agronómicos modelados por el AMMI y su gráfico Biplot, surgieron cuatro grupos y se eligió una variable por grupo, donde se consideraron la más representativa que en este caso fueron; rendimiento, días a floración hembra, calificación de planta, y altura de mazorca con ellas se construyó el índice de selección.

Los híbridos estadísticamente superiores por su valor al mérito del índice de selección, fueron 4: I) 6310*BULK-11-6 x (((M15xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A); II) 6310*BULK-11-4 x ((M4xE-197) x E-197-6 x E-197-6); III) (((M13xPE-115-3-1-11) x M13) x M13) x 6310*BULK-11-3; y IV)(M19 x (PE-106-8xLBCPC4S4)-2-A-2-1-3)-8 x 6310*BULK-11-1.

El análisis de línea por probador permitió identificar el mejor probador como progenitor por su habilidad aptitud combinatoria general que fue el 6 (6310*BULK-11-6) y el probador 1 (6310*BULK-11-1) identificó como buena capacidad de discriminar a las líneas.

VI. RESUMEN

En el presente trabajo de investigación se evaluaron 88 híbridos experimentales atendiendo el patrón heterótico presente entre líneas del Instituto Mexicano del Maíz (IMM) y líneas QPM del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) éstas últimas utilizadas como probadores; con los siguientes objetivos I) Analizar la variabilidad presente en los 12 caracteres evaluados de estudio; II) Explorar la agrupación natural existente entre los 12 caracteres, III) Identificar híbridos con potencial comercial con buena adaptación en la localidad de evaluación y IV) Estimar la habilidad combinatoria general de las 7 líneas QPM. Para ello los híbridos fueron evaluados en la localidad El Prado N.L. durante el ciclo primavera verano del 2011, el diseño empleado fue de bloques incompletos al azar con arreglo de alfa *lattice* con dos repeticiones y se evaluaron 12 caracteres agronómicos, los resultados del análisis de varianza general mostraron diferencias significativas al $P \leq 0.01$ y ($P \leq 0.05$) para las fuentes de repetición, bloques dentro de repetición y entre híbridos. Posteriormente con el modelo AMMI y su gráfico Biplot se detectó cuatro agrupamientos de los 12 variables evaluadas y se eligió una variable en cada grupo considerando la más representativa que fueron rendimiento de grano, altura de mazorca, días a floración hembra, calificación

de plantas, estas variables se utilizaron para la construcción por el método del índice de selección, de acuerdo el análisis de varianza con los valores al mérito del IS se identificaron los mejores híbridos que fueron el 70 6310*BULK-11-6 x (((M15xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A) y el 59 6310*BULK-11-4 x ((M4xE-197) x E-197-6 x E-197-6). En la metodología de línea por probador permitió identificar el mejor probador como progenitor por medio de su habilidad combinatoria general que fue el 6 (6310*BULK-11-6), así mismo identifico el mejor probador para discriminar a las líneas y fue el 1 (6310*BULK-11-1).

Palabras Claves: *Zea mays* L., QPM, Índices de Selección, Modelo AMMI, Línea por Probador.

Correo electronico; Alfonso Hermilo Hernández Pérez,

alfo_hp@hotmail.com

VII. LITERATURA CITADA

- Akbar M., Anwar J., Hussain M., Qureshi M. H., & Khan S. (2009).** Line \times tester analysis in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *J. Agric. Res*, 47(1), 411.
- Akter A., Jamil H. M., Umma K. M., Islam M. R., Hossain K., & Rahman M. (2014).** AMMI Biplot analysis for stability of grain yield in hybrid rice (*Oryza sativa* L.). *Rice Research: Open Access*, 2014.
- Arnao E., Borges O., Ramis C., Díaz A., & Galindo I. (2006).** Recuperación del genoma del padre recurrente en un programa de retrocruzamiento asistido por marcadores en arroz. *Interciencia: Revista de ciencia y tecnología de América*, 31(6), 431-436.
- Aslam R., Munawar M., & Salam A. (2014).** Genetic Architecture of Yield Components Accessed Through Line \times Tester Analysis in Wheat (*Triticum Aestivum* L.). *Universal Journal of Plant Science*, 2(5), 93-96.
- Barreto H. J., J. A. Bolaños y H. S. Córdova. (1991).** Programa índices de selección, Guía para la operación de software. CIMMYT. México, D.F 27 p.
- Calderón A. E., Montiel N. G., Macías M. S., Mendoza E. B., Hernández F. C., Estrada B. C., & Huélamo O. C. (2003).** Tecnología y producción de semillas de híbridos y variedades sobresalientes de maíz de calidad proteínica (QPM) en México. *Agronomía Mesoamericana*, 14(2), 223-228.

- Castañón N. G., Latournerie M. L. y Mendoza E. M. (2005).** Macro de SAS-IML para analizar los diseños II y IV de Griffing. Universidad y Ciencia 21: 27-35.
- Cerón-Rojas J. J., & Sahagún-Castellanos J. (2005).** Un índice de selección basado en componentes principales. *Agrociencia*, 39(6), 667-677.
- Cerón-Rojas J. J., Crossa J., Sahagún-Castellanos J., Castillo-González F., & Santacruz-Varela A. (2006).** A selection index method based on eigen analysis. *Crop science*, 46(4), 1711-1721.
- Crossa J., Paul L., Rong-Cai Y. (2009).** Cornelius and Juan Burgueño. Biplot Analysis of Genotype × Environment Interaction: Proceed with Caution. *Crop Sci.* 49:1564–1576.
- De la Cruz Larios L., González J. J. S., Parra, J. R., Ruvalcaba F. S., Guzmán E. R., Corral J. A. R., & Rivera M. M. (2008).** Probadores de maíz para factores de incompatibilidad gametofítica. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 31(4), 341-349.
- De León Castillo H., Sánchez F. R., Valdés M. H. R., Garduño D. S., Zambrano, G. M., Cadena R. C., & Cárdenas J. D. D. F. (2005).** Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 28(2), 135-143.
- Díaz J. L. R., Bonaparte M. C., Martínez V. A. V., Parra J. R., & Hernández F. C. (2007).** Propuesta para formar híbridos de maíz combinando patrones heteróticos. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 30(4), 453-461.
- FAO (2015).** El Maíz en los Trópicos, en línea consultado el 28 de noviembre del 2015 disponible en <http://www.fao.org/3/a-x7650s/x7650s16.htm>.

- Ever A. V. E., José E. V. S. y Dios Dado B. G. (2015).** Análisis de estabilidad y adaptabilidad de híbridos de maíz de alta calidad proteica en diferentes zonas Agroecológicas de Colombia. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Colombia 65 (1) p 72-79.
- Fellahi Z. E. A., Hannachi A., Bouzerzour H., & Boutekrabt A. (2013).** Line x tester mating design analysis for grain yield and yield related traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *International Journal of Agronomy*.
- Gabriel L. C., Maximo B. L., & Ruggero B. (2009).** Heterosis and heterotic patterns among maize landraces for forage. *Crop Breed Appl Biot*, 9, 229-238.
- Gauch H. G. (2006).** Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop science*, 46(4), 1488-1500.
- Gauch H. G., Piepho H. P., & Annicchiarico P. (2008).** Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop Science*, 48(3), 866-889.
- González Huerta A., Sahagún Castellanos J., Vázquez García L. M., Rodríguez Pérez J. E., Pérez López D. D. J., Domínguez López A., & Balbuena Melgarejo A. (2009).** Identificación de variedades de maíz sobresalientes considerando el modelo AMMI y los índices de Eskridge. *Agricultura técnica en México*, 35(2), 189-200.
- Guillen-De la Cruz P., De la Cruz-Lázaro E., Castañón-Nájera G., Osorio-Osorio R., Brito-Manzano N. P., Lozano-del Río A., & López-Noverola U. (2009).** Aptitud combinatoria general y específica de germoplasma tropical de maíz. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 101-107.

- Gupta H. S., Agrawal P. K., Mahajan V., Bisht G. S., Kumar A., Verma P., & Mani V. P. (2009).** Quality protein maize for nutritional security: rapid development of short duration hybrids through molecular marker assisted breeding.
- Gutiérrez E. B., Orozco A. M., Sánchez F. M., & Garza Á. M. (2005).** Aptitud combinatoria en razas de maíz mejoradas por retrocruza limitada. I: Caracteres agronómicos. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 28(3), 231-242.
- Gutiérrez E., Palomo A., Espinoza A., & de la Cruz E. (2002).** Aptitud combinatoria y heterosis para rendimiento de líneas de maíz en la camara lagunera, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 25(3), 271-277.
- Hagos H. G., & Abay F. (2013).** AMMI and GGE Biplot analysis of bread wheat genotypes in the northern part of Ethiopia. *Journal of Plant Breeding and Genetics*, 1(1), 12-18.
- Ibáñez M. A., Cavanagh M. M., Bonamico N. C., & Di Renzo M. A. (2006).** Análisis gráfico mediante Biplot del comportamiento de híbridos de maíz. *Revista de Investigaciones Agropecuarias*, 35(3), 83-93.
- Krivanek A., De Groote H., Gunaratna N. S; Diallo A. O., Friesen D. (2007).** Breeding and disseminating quality protein maize (QPM) for Africa. *African Journal of Biotechnology* 6(4):312-324.
- Lobato-Ortiz R., Molina-Galán J. D., López-Reynoso J. D. J., Mejía-Contreras J. A., & Reyes-López D. (2010).** Criterios para elegir el mejor probador de la aptitud combinatoria general para rendimiento de grano de líneas autofecundadas de maíz. *Agrociencia*, 44(1), 17-30.
- Manjarrez S. M., Palemón A. F., Gómez M. N. O., Espinosa C. A., Rodríguez H. S. A., Damián N. A., & Cruz L. B. (2014).** Aptitud combinatoria general y específica de maíces normales y de alta calidad de proteína. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 5(7), 1261-1273.

- Aquino Mercado P. R., Peña Bautista, R. J., Ortiz-Monasterio I. (2008).** México y el CIMMYT. 40 p.
- Meza P. A., M. S. Macías., A. P. caballero F. A. R. Montalvo., A. E. Calderón. (2013).** Líneas de maíz convertidas al carácter de alta calidad de proteína 29 (3): 317- 323.
- Mihaljevic R., Schón C. C., Utz H. F., & Melchinger A. E. (2005).** Correlations and QTL correspondence between line per se and testcross performance for agronomic traits in four populations of European maize. Crop science, 45(1), 114-122.
- Morris M. L., & López-Pereira M. A. (2000).** Impactos del mejoramiento de maíz en América Latina, 1966-1997. Cimmyt.
- Ortiz R. E. P., Ibarra A. D. T., Montiel N. G., & Robledo-González E. I. (2005).** Componentes genéticos en poblaciones heteróticamente contrastantes de maíz de origen tropical y subtropical. Agronomía Mesoamericana, 16(2), 145-151.
- Peña D. A. Z. (2008).** Identificación de germoplasma con atributos para desarrollar híbridos de maíz. Tesis de maestría. Universidad autónoma agraria Antonio narro. Buenavista, saltillo, Coahuila, México.
- Pérez Mayek-N. (2014).** Centro de Biotecnología Genómica – IPN. Bases en mejoramiento genético.
- Pérez P., Milena C., Narro L., Alberto L., Checa C., & Eduardo Ó. (2010).** Evaluación de poblaciones F2 de maíz de alta calidad de proteína en los Llanos Orientales de Colombia. Acta Agronómica, 59(2), 162-169.

Ramírez Díaz J. L., Vidal Martínez V. A., Ledesma Miramontes A., Chuela Bonaparte M., Peña Ramos A., Ruíz Corral J. A., & Ron Parra J. (2013). Propuesta para integrar un patrón heterótico de maíz de grano amarillo para la zona de transición de México: I. Método y formación de poblaciones. *Revista fitotecnia mexicana*, 36(3), 189-199.

Ramírez L. (2006). Mejora de plantas alógamas. *Producción Vegetal Genética y Mejora Vegetal* universidad pública de navarra.

Ramírez-Díaz J. L., Ledesma-Miramontes A., Vidal-Martínez V. A., Gómez-Montiel N. O., Ruiz-Corral J. A., Velázquez-Cardelas G. A., & Nájera-Calvo L. A. (2015). Selección de maíces nativos como donadores de características agronómicas útiles en híbridos comerciales. *Revista fitotecnia mexicana*, 38(2), 119-131.

Rashid M., Cheema A. A., & Ashraf M. (2007). Line x tester analysis in basmati rice. *Pak. J. Bot*, 39(6), 2035-2042.

Recendiz F. H., Hugo Córdova O., Jesús Sánchez G. y Salvador Mena. (2009). Aptitud combinatoria de líneas de maíz tropicales “QPM” seleccionadas por métodos convencionales y marcadores moleculares. *Scientia-CUCBA* 11(1-2):23—29.

Restrepo G., Pizarro E. J., & Quijano J. H. (2009). Índices de selección y niveles independientes de descarte para dos características productivas y reproductivas en un ható holstein (*Bos taurus*). *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias (Colombian journal of animal science and veterinary medicine)*, 21(2), 239-250.

Revistaciencia, (2015). En línea consultado el 03 de diciembre del 2015 disponible en. http://www.revistaciencia.amc.edu.mx/index.php?option=com_content&task=view&id=22.

Rodríguez Pérez G., Zavala García F., Gutiérrez Diez A., Treviño Ramírez J. E., Ojeda Zacarías C., & de la Rosa Loera, A. (2013). Comparación de dos tipos de selección en poblaciones de maíces criollos. Revista mexicana de ciencias agrícolas, 4(4), 611-623.

Sahagún C. L., Barrera G. E., Márquez S. F., Gómez M. N., Trujillo C. A., Castro G. H., Coutiño E. B., Carrera V. J. A., Castellanos S. A. y Luévano V. J. M. (2008). Evaluación de variedades de maíz del CENREMMAC mejoradas por retrocruza limitada para resistencia a sequía Revista de Geografía Agrícola, núm. 40, pp. 91-100 Universidad Autónoma Chapingo Texcoco, México.

San Vicente F., Marín C., & Díaz D. (2005). Estabilidad del rendimiento y potencial agronómico de híbridos de maíz de alta calidad de proteína (QPM) en Venezuela. Agronomía Trop, 55(3), 397-410.

Sierra M. M., Caballero A. P., Espinosa C. A., Caballero H. F., Montalvo F. R., Freyre S. B., & Valdivia B. R. (2005). Adaptabilidad de híbridos triples de maíz y de sus progenitores para la región tropical del sureste de México. Agronomía mesoamericana, 16(1), 13-18.

Sinarefi, (2015). En línea consultado el 06 de diciembre del 2015 disponible en <http://www.sinarefi.org.mx/Sistemas/RB/resumenesrb/MZ-589.pdf>.

Tucuch-Cauich C. A., Rodríguez-Herrera S. A., Reyes-Valdés M. H., Pat-Fernández J. M., Tucuch-Cauich F. M., & Córdova-Orellana H. S. (2011). Índices de selección para producción de maíz forrajero. Agronomía mesoamericana, 22(1), 123-132.

Vallejo F. A. (2005). Análisis estadístico para los diseños genéticos en fitomejoramiento. Palmira. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. Pag 209 – 244.

Vargas M. J., and J. Crossa. (2000). The AMMI analysis and the graph of Biplot in SAS. Aavailable in: <http://www.cimmyt.org/biometrics>.

Violeta Bartolomé y Glenn Gregorio. (2009). An Interactive Macro Program for Line \times Tester Analysis Biometrics, International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines, Plant Breeding, Genetics and Biochemistry Division, IRRI, Los Baños, Philippines.

Vivek B.S., A. F. Krivanek., N. Palacios-Rojas., S. Twumasi Afriyie y A. O. Diallo. (2008). Mejoramiento de maíz con calidad de proteína (QPM): Protocolos para generar variedades QPM. México, D.F.: CIMMYT.

Welcker C. C. T., B. Andreau., C. De León., S. N. Parentoni., J. Bernal., J. Felicite., C. Zonkeng., F. Salazar., L. Narro., A. Charcosset., and W. J. Horst. (2005). Heterosis and combining ability for maize adaptation to tropical acid soils: implications for future breeding strategies. *Crop Sci.* 45: 2405–2413.

Welcker C., Andréau B., De León C., Parentoni S. N., Bernal J., Félicité J., & Horst W. J. (2005). Heterosis and combining ability for maize adaptation to tropical acid soils. *Crop science*, 45(6), 2405-2413.

Yáñez L. (2005). Índice de Selección sugerencias para su utilización. Manual de Ganadería Doble Propósito. Cap. II (8). Ediciones Astro Data SA Maracaibo, Venezuela, Pp125-134. [Links].

VIII. APÉNDICE

Cuadro A.1 Genealogía de los híbridos experimentales

HIBRIDOS	GENEALOGIA
1	(M7 x 351-296-1-6-A)-18 x 6310*BULK-11-1
2	(M13 x 232-10-11-1-A)-1 x 6310*BULK-11-1
3	(M16 x (PE-203-2xPE-105-1)-1-A-7-3-5)-7 x 6310*BULK-11-1
4	(M16 x (PE-203-2xPE-105-1)-1-A-7-3-5)-11 x 6310*BULK-11-1
5	(M19 x (PE-106-8xLBCPC4S4)-2-A-2-1-3)-8 x 6310*BULK-11-1
6	(E-197-6)-A x 6310*BULK-11-3
7	(CML-181 X 6320-3)-A-A-3 x 6310*BULK-11-3
8	6310*BULK-11-3 x (M13 x 43-46-2-3-2)-1
9	6310*BULK-11-4 x (M13 x 232-10-11-1-A)-7
10	6310*BULK-11-5 x (M13 x 43-46-2-3-2)-10
11	6310*BULK-11-2 x (M7 x 351-296-1-6-A)-18
12	6310*BULK-11-2 x (M16 x LBCPC4S4-3)-7
13	((M41xPE-115-3-1-3) x PE-115-3-1-3)-3 x 6310*BULK-11-1
14	((M41xPE-115-3-1-3) x PE-115-3-1-3)-8 x 6310*BULK-11-1
15	((M41xPE-115-3-1-3) x PE-115-3-1-3)-19 x 6310*BULK-11-1
16	((M5xPE-115-3-3-2) x M5)-16 x 6310*BULK-11-2
17	((M5xPE-115-3-3-2) x M5)-17 x 6310*BULK-11-2
18	((M5xPE-115-3-3-2) x M5)-19 x 6310*BULK-11-2
19	((M6xPE-212-1) x M6)-2 x 6310*BULK-11-2
20	((M5xPE-115-3-3-2) x M5)-8 x 6310*BULK-11-5
21	((M5xPE-115-3-3-2) x M5)-15 x 6310*BULK-11-5
22	((M6xPE-212-1) x M6)-9 x 6310*BULK-11-5
23	((M41xE-197) x E-197-6) X E-197-6) x 6310*BULK-11-1
24	((M19xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A) x 6310*BULK-11-1
25	((M41xPE-212-1-2) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2) x 6310*BULK-11-1
26	((M9xE-197) x M9) x M9) x 6310*BULK-11-1
27	((M47xPE-115-3-3-2) x PE-115-3-3-2-2) x PE-115-3-3-2-2) x 6310*BULK-11-2
28	((M35xPE-115-3-1-10) x PE-115-3-1-10-1) x PE-115-3-1-10-1) x 6310*BULK-11-2
29	((M13xPE-115-3-1-11) x PE-115-3-1-11-1) x PE-115-3-1-11-1) x 6310*BULK-11-2
30	((M32xPE-115-3-1-11) x PE-115-3-1-11-1) x PE-115-3-1-11-1) x 6310*BULK-11-2
31	((M13xPE-115-3-1-3) x M13) x M13) x 6310*BULK-11-2
32	((M15xPN-311-2-A-3-6) x M15) x M15) x 6310*BULK-11-2
33	((M16xE-195) x M16) x M16) x 6310*BULK-11-2

Continuación..... Cuadro A.1

HIBRIDOS	GENEALOGIA
34	((M4xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1) X V524-4119HC-218-3-2) x 6310*BULK-11-3
35	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1) X V524-4119HC-218-3-2) x 6310*BULK-11-3
36	((M21xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A) x 6310*BULK-11-3
37	((M13xPE-115-3-1-11) x M13) x M13) x 6310*BULK-11-3
38	((M13xPE-115-3-1-3) x M13) x M13) x 6310*BULK-11-3
39	((M16xE-197) x M16) x M16) x 6310*BULK-11-3
40	((M41xE-197) x E-197-6) X E-197-6) x 6310*BULK-11-4
41	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1) X V524-4119HC-218-3-2) x 6310*BULK-11-4
42	((M19xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A) x 6310*BULK-11-4
43	((M15xPE-212-1) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2) x 6310*BULK-11-4
44	((M41xPE-212-1-2) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2) x 6310*BULK-11-4
45	((M42xPE-212-1) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2) x 6310*BULK-11-4
46	((M9xE-197) x M9) x M9) x 6310*BULK-11-4
47	((M16xE-195) x M16) x M16) x 6310*BULK-11-4
48	((M22xE-197) x M22) x M22) x 6310*BULK-11-4
49	((M22xPE-115-3-1-10) x M22) x M22) x 6310*BULK-11-4
50	6310*BULK-11-1 x ((M41xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) x PN-311-2-A-3-6-A)
51	6310*BULK-11-1 x ((M47xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-5-A) x PN-311-2-A-3-6-A)
52	6310*BULK-11-2 x ((M16xE-195) x E-195-3) x E-195-3)
53	6310*BULK-11-2 x ((M9xE-197) x E-197-6) x E-197-6)
54	6310*BULK-11-2 x ((M16xE-197) x E-197-1) x E-197-6)
55	6310*BULK-11-2 x ((M41xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) x PN-311-2-A-3-6-A)
56	6310*BULK-11-2 x ((M47xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-5-A) x PN-311-2-A-3-6-A)
57	6310*BULK-11-3 x ((M16xE-195) x E-195-3) x E-195-3)
58	6310*BULK-11-4 x ((M1xE-197) x E-197-6) x E-197-6)
59	6310*BULK-11-4 x ((M4xE-197) x E-197-6) x E-197-6)
60	6310*BULK-11-5 x ((M1xE-197) x E-197-6) x E-197-6)
61	6310*BULK-11-5 x ((M4xE-197) x E-197-6) x E-197-6)
62	6310*BULK-11-5 x ((M7xE-197) x E-197-6) x E-197-6)
63	6310*BULK-11-5 x ((M16xE-197) x E-197-1) x E-197-6)
64	6310*BULK-11-5 x ((M6xPE-212-1) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2)
65	6310*BULK-11-5 x ((M15xPE-115-3-1-3) x M15) x M15)
66	6310*BULK-11-5 x ((M22xPE-115-3-1-10) x M22) x M22)
67	6310*BULK-11-5 x ((M22xPE-115-3-1-11) x M22) x M22)
68	6310*BULK-11-5 x ((M42xPE-212-1) x M42) x M42)
69	6310*BULK-11-6 x ((M7xV524-4119HC-218-3 x V524-4119HC-218-3-2) X V524-4119HC-218-3-2)
70	6310*BULK-11-6 x ((M15xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A)

Continuación..... Cuadro A.1

HIBRIDOS	GENEALOGIA
71	6310*BULK-11-6 x (((M6xPE-212-1) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2)
72	6310*BULK-11-6 x (((M15xPE-115-3-3-2) x M15) x M15)
73	6310*BULK-11-6 x (((M15xPE-212-1) x M15) x M15)
74	6310*BULK-11-6 x (((M22xE-197) x M22) x M22)
75	6310*BULK-11-6 x (((M35xPE-112-7-A-A-4-2) x M35) x M35)
76	6310*BULK-11-7 x (((M7xV524-4119HC-218-3 x V524-4119HC-218-3-2) X V524-4119HC-218-3-2)
77	6310*BULK-11-7 x (((M15xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A)
78	6310*BULK-11-7 x (((M15xPE-115-3-3-2) x M15) x M15)
79	6310*BULK-11-7 x (((M22xPE-115-3-1-10) x M22) x M22)
80	6310*BULK-11-7 x (((M35xPE-112-7-A-A-4-2) x M35) x M35)
81	6310*BULK-11-1 x (((M15xPE-212-1) x M15) x M15)
82	6310*BULK-11-1 x (((M22xPE-115-3-1-10) x M22) x M22)
83	6310*BULK-11-2 x (((M7xE-197) x E-197-6) x E-197-6)
84	6310*BULK-11-2 x (((M15xPE-115-3-1-3) x M15) x M15)
85	6310*BULK-11-2 x (((M22xE-197) x M22) x M22)
86	6310*BULK-11-2 x (((M22xPE-115-3-1-10) x M22) x M22)
87	6310*BULK-11-2 x (((M22xPE-115-3-1-11) x M22) x M22)
88	6310*BULK-11-2 x (((M42xPE-212-1) x M42) x M42)
89	7573 T1
90	AN 447 T2

Cuadro A.2 Resumen de los híbridos asociados al valor al mérito de su índice de selección.

HIBRIDOS	IS	HIBRIDOS	IS	HIBRIDOS	IS
1	14.1266227	31	14.5825525	61	11.9419692
2	15.0507444	32	15.8295167	62	17.2798525
3	17.1702253	33	14.9383111	63	16.9729308
4	16.5542697	34	15.0244889	64	15.6674833
5	10.7491167	35	12.7194278	65	14.0826636
6	15.2481106	36	14.0714197	66	12.3176753
7	14.1314591	37	11.7464475	67	14.8529389
8	14.2174667	38	16.5079333	68	12.6396364
9	11.9470879	39	14.4792944	69	14.3903288
10	25.3242333	40	19.4240051	70	11.6604581
11	15.9832424	41	16.347203	71	11.3779828
12	22.4312005	42	17.9270197	72	13.2251747
13	13.7219808	43	12.6296914	73	19.4576081
14	13.270247	44	13.0509222	74	12.7661061
15	15.7013919	45	15.3727298	75	13.8224662
16	17.393298	46	13.2939742	76	16.471997
17	15.9891833	47	16.4987475	77	15.3449833
18	13.8520505	48	17.5192278	78	15.6882944
19	14.8061606	49	16.7892616	79	20.4831389
20	13.3695333	50	13.6969864	80	12.7604641
21	14.8074525	51	16.1728833	81	15.1292561
22	18.351847	52	12.8662202	82	18.9697389
23	17.8309303	53	11.9060722	83	20.5082247
24	13.6121909	54	21.5380136	84	16.1350419
25	19.5127773	55	16.7088253	85	16.6044116
26	16.5336944	56	14.1381551	86	13.7831111
27	20.0906389	57	16.9048783	87	13.9062005
28	17.3073167	58	14.2969333	88	15.7704051
29	17.1617333	59	11.139802	89	14.6619692
30	21.4280662	60	17.9305889	90	17.4198333