

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA**

**ANTONIO NARRO**

**DIVISIÓN DE AGRONOMÍA**

**DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO**



Identificación de ambientes representativos para la discriminación de híbridos de maíz pre-comerciales

Por:

**REYNA ROJAS GARCÍA**

**TESIS**

Presentada como Requisito Parcial para

Obtener el Título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México

Noviembre 2009

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO**

**DIVISIÓN DE AGRONOMÍA**

Identificación de ambientes representativos para la discriminación de híbridos de  
maíz pre-comerciales


**TESIS POR:**

**REYNA ROJAS GARCÍA**

Que somete a la consideración del H. Jurado Examinador como requisito para  
obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**


Aprobada por:


  
\_\_\_\_\_  
Dr. Humberto de León Castillo  
Asesor principal

  
\_\_\_\_\_  
Dr. Santos González Ledesma  
Sinodal

  
\_\_\_\_\_  
Mc. Daniel Sámano Garduño  
Sinodal

  
\_\_\_\_\_  
Dr. Alfredo de la Rosa Loera  
Sinodal

  
\_\_\_\_\_  
Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo  
Coordinador de la División de Agronomía  
Coordinación  
División de Agronomía



Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Noviembre del 2009

## AGRADECIMIENTOS.

A Dios y a mi familia que siempre me brindo su apoyo incondicional.

Al comité de asesoría, por todas las aportaciones y recomendaciones recibidas.

A todas las personas que estuvieron involucradas en este trabajo, ya que sin ellas no podría haberse realizado.

## DEDICATORIA.

A dios, mi familia, y a todas las  
personas que en mayor  
o menor medida colaboraron  
en la realización de este trabajo.

## ÍNDICE DE CONTENIDO

---

<b>ÍNDICE DE CUADROS</b> .....	vii
<b>ÍNDICE DE FIGURAS</b> .....	ix
<b>I. INTRODUCCIÓN</b> .....	1
Objetivos.....	3
Hipótesis .....	3
<b>II. REVISIÓN DE LITERATURA</b> .....	4
El maíz en Sinaloa.....	4
Híbridos .....	5
Interacción genotipo x ambiente .....	7
Estabilidad .....	10
Modelo de Eberhart y Russell .....	12
Modelos AMMI, SREG y sus gráficos biplot para la exploración genotipo x ambiente.....	14
Coeficiente de correlación de Spearman .....	19
<b>III. MATERIALES Y MÉTODOS</b> .....	21
Material genético.....	21
Descripción de los ambientes .....	22
Descripción de la parcela experimental .....	23
Labores culturales .....	23
Variable agronómicas de interés .....	24
Manejo estadístico de los datos agronómicos.....	25
Coeficiente de correlación de los rangos Spearman.....	27
Estudio de la interacción genotipo x ambiente .....	27
Criterios de selección .....	29

<b>IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN</b> .....	30
Análisis de varianza individual por localidad .....	30
Análisis de correlación Spearman .....	32
Análisis de varianza combinado.....	35
Análisis de estabilidad mediante el modelo de Eberhart y Russell.....	39
Análisis de estabilidad mediante el modelo AMMI1.....	42
Análisis de estabilidad mediante el modelo AMMI2.....	46
Análisis de estabilidad y rendimiento mediante el modelo SREG o grafico GGE .....	51
<b>V. CONCLUSIONES</b> .....	55
<b>VI. RESUMEN</b> .....	56
<b>VII. BIBLIOGRAFÍA</b> .....	58
<b>VIII. APÉNDICE</b> .....	64

## ÍNDICE DE CUADROS

---

<b>Cuadro 3.1</b>	Claves de los híbridos comerciales y experimentales empleados en los ensayos multi-regionales.....	<b>21</b>
<b>Cuadro 3.2</b>	Ambientes de prueba y ubicación geográfica.....	<b>22</b>
<b>Cuadro 4.1</b>	Comportamiento promedio de 14 localidades del Estado de Sinaloa usadas para evaluar 20 híbridos durante el 2008.....	<b>31</b>
<b>Cuadro 4.2</b>	Coefficiente de correlación Spearman de la media de los genotipos de cada localidad con la media general de cada genotipo.....	<b>33</b>
<b>Cuadro 4.3</b>	Coefficiente de correlación Spearman de cada genotipo por localidad con la media de cada localidad.....	<b>34</b>
<b>Cuadro 4.4</b>	Suma de cuadrados (SC), porcentaje de contribución (PC), valores F y significancia del análisis de varianza combinado de 20 genotipos evaluados a través de 14 localidades del Estado de Sinaloa durante 2008.....	<b>36</b>
<b>Cuadro 4.5</b>	Agrupación estadística de 14 localidades en base a DMH de Tukey.....	<b>38</b>
<b>Cuadro 4.6</b>	Media general de rendimiento a través de 14 localidades de 20 híbridos evaluados durante el 2008.....	<b>38</b>
<b>Cuadro 4.7</b>	Media, valores $\beta_i$ y descripción de estabilidad por el método de Eberhart y Russell de 20 genotipos evaluados en 14 localidades de Sinaloa durante el 2008.....	<b>40</b>
<b>Cuadro 4.8</b>	Valores índice del método de Eberhart y Russell de 14 ambientes de Sinaloa.....	<b>41</b>
<b>Cuadro 4.9</b>	Media de rendimiento, primer componente principal (PC1) del modelo AMMI1 y valores ÍNDICE del modelo de Eberhart y Russell de 14 ambientes.....	<b>45</b>

<b>Cuadro 4.10</b>	Valores de media de rendimiento (REND), segundo componente principal (PC2) del modelo AMMI2 y valores $\beta_i$ del modelo de Eberhart y Russell de 20 genotipos evaluados a través de 14 localidades de Sinaloa durante el 2008.....	<b>50</b>
<b>Cuadro A1</b>	Media de genotipos individuales a través de localidades y por localidad.....	<b>65</b>



## ÍNDICE DE FIGURAS

---

<b>Figura 4.1</b>	Biplot AMMI1 para 20 genotipos y 14 localidades.....	<b>43</b>
<b>Figura 4.2</b>	Biplot AMMI2 para la respuesta a la interacción genotipo x ambiente de 20 genotipos y 14 localidades.....	<b>46</b>
<b>Figura 4.3</b>	Biplot GGE patrón de respuesta “cuál-gano-dónde” de 20 híbridos evaluados en 14 localidades .....	<b>52</b>

## I. INTRODUCCIÓN

La importancia del maíz en nuestro país radica en que es un cereal básico en nuestra alimentación, y a nivel mundial por su versatilidad en usos que va desde la alimentación en forma directa hasta la derivación de etanol como biocombustible.

La forma más económica y practica en que el hombre ha podido incrementar el rendimiento de un cultivo a través del tiempo ha sido por medio del mejoramiento genético, que ha traído como resultado la formación de nuevos materiales que poseen altos rendimientos, resistencia a plagas, enfermedades y mejores características que les permiten tener una mejor adaptación a la región donde serán liberados para su producción comercial.

Para evaluar el comportamiento agronómico de los cultivares generados de los programas de mejoramiento genético de cualquier rubro agrícola, es necesario medir la estabilidad relativa de los genotipos sometidos a la totalidad de los ambientes representativos en una región potencial de adaptación. Las etapas finales de estos programas incluyen experimentos de evaluación en diferentes localidades durante varios años. (Alejos *et al.*, 2006).

Para Ibáñez *et al.* (2006) los ensayos comparativos de rendimiento multi-ambientales (ECR) permiten identificar los genotipos de mejor rendimiento y los más estables, es decir, aquellos que mantienen su potencial productivo a través de un amplio rango de condiciones ambientales. La comparación y recomendación de los híbridos se dificulta cuando el comportamiento relativo entre los genotipos difiere de una condición ambiental a otra.

Blanche y Miers (2006) mencionan que la identificación de un ambiente de prueba ideal en base a la habilidad de discriminación y la representatividad, implica hacer selección sobre los sitios que podrían tener la más alta probabilidad de representar realmente genotipos superiores que se desempeñen bien en todas las localidades de la región. Mayores beneficios para los mejoradores podrían incluir el incremento de la eficiencia de selección en localidades discriminantes y suspender el uso de localidades de pobre discriminación.

El programa de mejoramiento de la empresa Pioneer está comprometido a desarrollar híbridos con buen rendimiento en los ambientes de producción del país, por lo cual este trabajo se planeo para evaluar nuevos híbridos y determinar cuál es el mejor para la zona costera del estado de Sinaloa, que comprende varios ambientes en los que factores climáticos y edáficos suelen provocar respuestas diferenciales en los materiales que se están trabajando. Por esta razón se plantearon los siguientes:

## OBJETIVOS.

- Evaluar 20 híbridos en 14 ambientes de la región costera del Estado de Sinaloa para identificar cuáles son los ambientes más representativos y los de mayor discriminación.
- Seleccionar los mejores materiales que puedan ser utilizados como híbridos en la región costera de Sinaloa, en base a rendimiento y estabilidad.
- Explorar la interacción genotipo x ambiente mediante tres modelos y decidir cual de ellos es el más recomendable.
- Determinar si los híbridos experimentales muestran ganancia en rendimiento en comparación con los híbridos comerciales

## HIPÓTESIS.

Existen diferencias entre los híbridos a evaluar, de tal manera que al menos uno de ellos es superior a los demás. Se espera algo semejante en los ambientes donde al menos uno será más representativo y otros tendrán mayor poder de discriminación.

También se espera una ganancia en rendimiento de los nuevos híbridos en comparación con los híbridos comerciales.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### **EL maíz en Sinaloa**

Durante los últimos 14 años la producción de maíz en Sinaloa mostró un crecimiento impresionante, al pasar de 318 mil toneladas a casi cuatro millones de toneladas en 2004, lo que representa un incremento en 12.5 veces (Palau., 2006).

Por su parte Balderas (2008) menciona al respecto que la producción de maíz en Sinaloa aumentó hasta en un cien por ciento en esta década, pues de 2 millones 818 mil toneladas cosechadas en 2001, pasó a 5 millones 112 mil toneladas en 2007, con rendimientos de productividad por encima de la media nacional. De esa forma, Sinaloa se ubica como el principal estado productor del grano, la superficie cultivada en el ciclo primavera-verano 2008 fue de 442 mil 079 hectáreas. Lo anterior fue expuesto en el Foro Internacional sobre el Maíz, realizado en la Asociación de Agricultores de Río Culiacán (AARC) en donde se expuso que el 23 por ciento de la producción agrícola en Sinaloa es de maíz, que lo convierte en el segundo cultivo más importante de la entidad.

Cruz *et al.* (2007) menciona que Sinaloa es el Estado donde se obtienen los rendimientos de maíz más altos a nivel nacional, lo cual se explica por la calidad de su suelo, así como por la explotación intensiva del cultivo (utilización de maquinaria y equipo de vanguardia, además de asistencia técnica y semillas altamente productivas). En Sinaloa se obtuvo un rendimiento anual promedio de 7.200 t ha<sup>1</sup> en el periodo 1996-2006.

## **Híbridos**

Los programas de mejoramiento genético del maíz buscan mayor rendimiento por hectárea, resistencia a plagas y estrés hídrico, mayor contenido y calidad de las proteínas del grano así como una buena estabilidad.

Bonamico *et al.* (2004) mencionan que en la conformación genética de las diferentes variedades comerciales, entre ellas los híbridos, implica un gran trabajo por parte de los investigadores además del desarrollo de costosos programas de mejoramiento por parte de los inversionistas.

Paliwal *et al.* (2001) indican que el desarrollo del maíz híbrido es indudablemente una de las más refinadas y productivas innovaciones en el ámbito del fitomejoramiento. Esto ha dado lugar a que el maíz haya sido el principal cultivo alimenticio a ser sometido a transformaciones tecnológicas en su cultivo y en su

productividad, rápida y ampliamente difundidas; ha sido también un catalizador para la revolución agrícola en otros cultivos.

Por su parte Vasal *et al.* (1994) reportan que las estrategias en un programa de desarrollo de híbridos deben estar orientadas a lograr objetivos a corto plazo. Las fuentes de germoplasma que se utilicen son muy importantes, necesitan poseer características agronómicas deseables, principalmente en lo relativo a altura de planta, mazorca y calidad de tallo, que permitan generar buenos progenitores.

Córdova *et al.* (1994) indican que la generación de híbridos con alto potencial de rendimiento y amplia adaptabilidad a los diferentes ambientes de producción requiere en primera instancia de un programa de mejoramiento con objetivos precisos y de una eficiente infraestructura para la producción de semilla. Así mismo, se reconoce que para explotar el potencial genético de los híbridos, los aspectos agronómicos de manejo del cultivo (e.g. densidad, fertilización, etc.) revisten una importancia aún mayor que en las variedades de polinización libre (VPL), contribuyendo así al aumento de la productividad del cultivo del maíz de la región.

Malacarne y San Vicente (2003) reportan que la producción de cultivares híbridos ha sido el objetivo primordial de los programas de mejoramiento, convencidos de los méritos de la heterosis, la uniformidad y los beneficios económicos de la producción de semillas híbridas.

Srinivasan *et al.* (1993) mencionan que la meta principal de cualquier programa de hibridación, es producir híbridos de cruza simples involucrando líneas homocigotas como progenitores, con el objeto de explotar al máximo la heterosis y obtener híbridos más uniformes y atractivos.

La máxima expresión de vigor híbrido se manifiesta en el híbrido simple, el cual se forma mediante el cruzamiento de dos líneas endocriadas, que son obtenidas a través del proceso de autofecundación. A medida que el nivel de endocria de las líneas que forman el híbrido simple es mayor, también lo es la uniformidad del híbrido resultante y generalmente, es mayor la expresión de heterosis (Bejarano 2003)

### **Interacción genotipo x ambiente**

Según Gordon *et al.* (2006) la interacción genotipo ambiente (IGA) ocurre cuando hay respuestas diferentes de los genotipos en relación con la variación del ambiente. Esta interacción merece gran importancia en la evaluación de híbridos desarrollados para diferentes circunstancias de producción, es necesario integrar los conceptos de adaptabilidad y estabilidad para definir el comportamiento de genotipos evaluados a través de ambientes contrastantes. La interacción genotipo x ambiente es comúnmente observada por productores de cultivos y mejoradores como el diferencial de clasificación de rendimiento del cultivo entre localidades o años.



Para Bondari (2003) la asociación entre el ambiente y la expresión fenotípica de un genotipo constituye la interacción GxE. La interacción GxE determina si un genotipo es de adaptación amplia para un rango total de condiciones ambientales o genotipos separados deben ser seleccionados para diferentes ambientes. Cuando la interacción GxE ocurre, factores presentes en el ambiente (temperatura, precipitaciones, etc.) así como la constitución genética de un individuo (genotipo), influencia de la expresión fenotípica de un carácter.

Yan y Hunt (2000) reportan que aunque la media de rendimiento es el resultado de una combinación de efectos de genotipo (G), ambiente (E) y la interacción genotipo x ambiente (GE), solo G y GE son relevantes en la evaluación de un cultivar e identificación de un mega-ambiente.

Por su parte Egesi *et al.* (2007) mencionan que tradicionalmente los mejoradores de plantas tienden a seleccionar genotipos que presenten rendimiento estable definido por un mínimo efecto de interacción genotipo ambiente a través de localidades y/ o años.

Samonte *et al.* (2005) indican que la identificación de cultivares con mayor rendimiento para un ambiente específico en la base de genotipo (G) e interacción

genotipo x ambiente (GE) puede ser útil a mejoradores y productores desde que los estimados de rendimiento basados solo en G y efectos ambientales E son insuficientes.

Las pruebas de multiambiente son importantes en el mejoramiento de plantas como lo indican Crossa *et al.* (2006) porque los genotipos que son evaluados en diferentes condiciones ambientales, su respuesta es comparada, su estabilidad y adaptabilidad general es evaluada, la interacción genotipo x ambiente (GE) es estudiada y los mejores genotipos en ambientes específicos y a través de ambientes son seleccionados para la realización de nuevos ensayos o para su recomendación de uso comercial.

Alberts (2004) menciona que el fenotipo de un individuo es determinado por el genotipo y el ambiente, estos dos efectos no son siempre aditivos lo cual indica que la interacción genotipo x ambiente (IGA) está presente. La IGA resulta en inconsistentes rendimientos entre los genotipos a través de ambientes, dificulta la selección y permite clasificar ambientes representativos de un mega-ambiente. Si la varianza IGA es encontrada significativa, uno o más de varios métodos para medir la estabilidad de genotipos pueden ser usados para identificar el genotipo estable.

## **Estabilidad**

Pham *et al.* (1989) mencionan que un genotipo es generalmente considerado estable si su rendimiento de grano varía poco de año en año en una dada localidad o varía poco a través de localidades dentro de un "mega-ambiente" a la cual el genotipo está adaptada en un sentido amplio.

Según Gordon *et al.* (2006) la adaptabilidad se refiere a la capacidad de los genotipos de aprovechar ventajosamente los estímulos del ambiente.

Para Annichiarico (2002) la alta estabilidad de rendimiento usualmente se refiere a genotipos con capacidad para actuar de forma constante, ya sea en altos o bajos niveles de rendimiento a través de un amplio rango de ambientes.

Por su parte, Rezende *et al.* (2003) indican que la variación de cada genotipo dentro de los ambientes es usada como un estimado de estabilidad así que cualquier genotipo que tiene la media cuadrada más baja es decir, menor varianza, se considera el más estable.

Margari *et al.* (1997) reportan que la estabilidad es un concepto frecuentemente usado para analizar la interacción genotipo x ambiente (IGA) por la

separación de la varianza IGA en componentes de varianza de estabilidad para cada genotipo.

Lee *et al.* (2003) mencionan que la estabilidad fenotípica ha sido reconocida como un importante objetivo en mejoramiento. La estabilidad es influenciada en parte por la estructura genética (niveles de heterogeneidad y heterocigocidad, del cultivar). Aun, muy poco se conoce acerca de los componentes genéticos subyacentes de estabilidad, y como las estrategias de mejoramiento influyen la estabilidad.

Abdulai *et al.* (2007) indican que un alto rendimiento de genotipo con un valor de regresión de uno o debajo de uno ( $\leq 1$ ) indica que el genotipo tuvo alta estabilidad sobre todo el ambiente. La más estable variedad es por lo tanto, una con baja suma de desviación de cuadrados y un alto coeficiente de determinación.

Babic *et al.* (2006) reportan que aunque la aplicación práctica de la estadística de estabilidad en pruebas de rendimiento no ha sido claramente definida y establecida, es evidente que la integración del desempeño de estabilidad y rendimientos es necesario con el fin de seleccionar alto rendimiento y genotipos estables. Ambos, desempeño de estabilidad y rendimientos, pueden ser considerados simultáneamente con el fin de reducir el efecto de la interacción GxE y seleccionar genotipos más precisos y exactos.

Para Lin *et al.* (1986) un genotipo puede ser considerado estable (i) si entre ambientes su varianza es pequeña (ii) si su respuesta a ambientes es paralela a la media de respuesta de todos los genotipos en la prueba, o (iii) si la media cuadrada residual de el modelo de regresión del índice ambiental es pequeña.

Soriano *et al.* (2002) reportan que el análisis de estabilidad es un método biométrico con gran potencial para caracterización de rendimiento relativo de un grupo de poblaciones (variedades, híbridos, líneas, clones, etc.) bajo diferentes condiciones ambientales.

### **Modelo de Eberhart y Russell**

Fikere *et al.* (2009) mencionan que el modelo de Eberhart y Russell (1996) fue uno de los modelos más ampliamente utilizados para juzgar la estabilidad de los materiales que considera componentes lineales y no lineales de la interacción GE para juzgar la estabilidad de genotipos. En este modelo una variedad con media alta, coeficiente de regresión  $\beta_i = 1$  y desviación no significativamente diferente de cero ( $S^2_{di} = 0$ ) se dice que es estable.

González *et al.* (2007) mencionan que entre los métodos univariados se destaca el método de Eberhart y Russell (1996), quienes efectuaron una modificación del método de Finlay y Wilkinson (1963) utilizando la media aritmética de los datos reales y

señalaron que el coeficiente de la regresión podía ser utilizado como estimador para medir la respuesta de cada cultivar a los índices ambientales, y que la estabilidad de producción se podría medir por la magnitud de la desviación a partir de regresión lineal, es decir, por el cuadrado medio de la desviación de regresión.

Castañón (1994) estableció ensayos de arroz en cuatro localidades de Campeche y empleo las metodologías Eberhart y Russell (1966) y la de Wricke (1965) con el objetivo de determinar cual método era más efectivo para detectar la estabilidad de los genotipos ensayados. Encontrando que fue indistinto el uso de cualquier método para estudios de parámetros de estabilidad, es decir, se obtuvieron los mismos resultados con una o con otra metodología.

Por su parte García *et al.* (2009) mencionan que el método de Eberhart y Russell proporciona información sobre la relación lineal que existe entre el rendimiento de los genotipos y la media de los efectos ambientales, detecta y mide la dispersión alrededor de la línea de regresión, es decir, mide la respuesta de la producción y su estabilidad.

Coutiño *et al.* (2003) mencionan que se han desarrollado estimadores de estabilidad de diferentes modelos, tales como los de ecobalance de Wricke y los parámetros de Eberhart & Russell que caracterizan la estabilidad de genotipos y proveen índices, cuyos valores pueden ser usados, además de las medias de los

cultivares, para tomar decisiones. En su investigación utilizando los métodos MPLI (mejor predictor lineal insesgado) y Eberhart y Russell encontraron que MPLI fue tan efectivo como los parámetros de estabilidad de Eberhart y Russell para detectar dos híbridos estables de alto rendimiento a través de los ambientes.

### **Modelos AMMI, SREG y sus gráficos biplot para la exploración genotipo ambiente.**

Alejos *et al.* (2006) mencionan que el procedimiento de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) consiste en combinar las técnicas del análisis de varianza y el análisis de componentes principales (CP) en un solo modelo, donde el análisis de varianza permite estudiar los efectos principales de los genotipos y ambientes y los análisis de CP la interacción GxE la cual es tratada de forma multivariada para su interpretación.

Por su parte Alberts (2004) indica que El modelo AMMI combina el análisis de varianza para los efectos principales del genotipo y el ambiente con análisis de componentes principales de la interacción genotipo ambiente y ha demostrado ser útil para la comprensión de la compleja interacción genotipo ambiente (GEI). Los resultados pueden ser graficados en un biplot que muestra ambos efectos principales y de interacción para ambos, los genotipos y los ambientes. AMMI combina análisis de varianza (ANOVA) parámetros aditivos y multiplicativos en un solo modelo.

Naveed *et al.* (2007) reportan que el modelo AMMI no solo permite estimar estabilidad si no también clasificar ambientes y la asociación de materiales con ambientes específicos y se utiliza mucho en ensayos multi-ambientales con varios genotipos, analiza los efectos aditivos de genotipos (G) y localidades (L) por un análisis estándar de varianza y los efectos multiplicativos de la interacción GxE utilizando el análisis de componentes principales (PCA).

Para Vargas *et al.* (2001) el modelo AMMI describe el T x A (tratamiento x ambiente) en más de una dimensión, y esto ofrece mejores oportunidades para estudiar e interpretar el T x A, el análisis de varianza y regresión de la media. Ebdon y Gauch (2002) indican que el modelo AMMI es más preciso predictivamente porque considera todos los datos como relevantes en la predicción de futuros resultados.

De León *et al.* (2005) reportan que resultados importantes de la respuesta a la interacción genotipo ambiente se logran trabajando con el modelo de efectos principales aditivos y de la interacción multiplicativa (AMMI, actualmente identificada como grafica GE).

Ibañez *et al.* (2006) mencionan que el modelo de regresión de sitios (SREG) se utiliza para el análisis de los datos provenientes de ensayos comparativos de rendimientos multi-ambientales, en especial cuando el ambiente (E) es la fuente de



variación más importante en relación con la contribución del genotipo (G) y la interacción genotipo-ambiente (GE). Este modelo, que incluye en el término bilineal  $G+GE$ , proporciona un análisis gráfico del comportamiento (rendimiento y estabilidad) de los genotipos denominado biplot GGE. Este gráfico permite identificar el genotipo de mayor potencial en cada ambiente y agrupar genotipos y ambientes con patrones similares de respuesta.

Para Parsad *et al.* (2008) un biplot es un gráfico de dispersión que muestra la serie de factores y la columna de factores de dos datos. El gráfico es llamado biplot porque los genotipos y los ambientes son graficados simultáneamente. Los biplots pueden ser multidimensionales, pero los biplots bidimensionales usan solo el primero y el segundo (componentes principales) PCs, es lo más común, por razones biológicas como bien para facilitar la comprensión (Yan *et al.*, 2000).

Alejos *et al.* (2006) mencionan que las gráficas generan una óptima interpretación de los efectos propios del modelo, ya que con ellas es posible establecer importantes relaciones entre los efectos.

Para Yan y Hunt (2002) todas las interpretaciones de un biplot están basadas sobre la simple regla: el valor del híbrido entre una entrada y un probador es visualizado por la proyección de la entrada marcador sobre el vector de el probador o

su extensión (un vector de un probador es la línea desde el origen del biplot hacia el marcador de el probador). De León *et al* (2005) mencionan que las representaciones graficas de los “biplots” clasifican los efectos principales de una manera sencilla de interpretar; estiman la magnitud y el sentido de la interacción genotipo x ambiente; permiten visualizar la mejor combinación germoplásmica por ambiente y hacen más eficiente la selección.

Yan *et al.* (2001) mencionan que el GGE (genotipo G + interacción genotipo x ambiente GE) biplot es construido por la grafica de los componentes principales de cada genotipo (como eje-x) y cada sitio contra la puntuación de sus respectivos componentes secundarios (como eje-y) tal que cada genotipo y cada sitio de prueba es representado por un “marcador”. Para la visualización de el patrón cuál-ganó-dónde, los marcadores del genotipo localizados siempre desde el origen del grafico fueron primero visualmente identificados y conectados con líneas rectas para formar un polígono dentro del cual los marcadores de todos los genotipos están contenidos y después se generan los sectores que incluyen ambientes y genotipos, el genotipo que está en el vértice es el que responde mejor en esos ambientes.

El GGE biplot enfatiza dos conceptos. Primero, aunque la capacidad de rendimiento es el efecto combinado del genotipo (G), ambiente (E) y la interacción genotipo por ambiente (GE), solo G y GE son relevantes, y deben ser considerados

simultáneamente en la evaluación de cultivares. En adición, el GGE biplot también ha sido usado en selección de cultivares superiores y localidades de ensayo para un dado mega-ambiente (Yan y Rajcan, 2002).

Fan *et al.* (2007) reportan que el software GGE biplot ayudo a identificar algunas de las localidades de menor discriminación y aquellas que fueron las menos representativas de las localidades de ensayo. Así, la metodología GGE biplot fue una herramienta útil para identificar localidades que optimizan el rendimiento y para hacer mejor uso de los limitados recursos disponibles para el programa de pruebas.

Ibáñez *et al.* (2006) mencionan que el biplot GGE fue construido a partir de los primeros dos componentes principales (CP1 y CP2) simétricamente escaladas derivadas de análisis de CP de los datos centrados por ambiente. En el biplot cada genotipo fue representado por un punto o marcador, definido al graficar los coeficientes de cada genotipo en el CP1 (eje x) contra los respectivos coeficientes en el CP2 (eje y). Los ambientes fueron representados como vectores que se originan en la coordenada (0,0) del biplot y se extiende hasta el marcador correspondiente.

Con la utilización de las gráficas “biplot” se genera una óptima interpretación de los efectos propios del modelo, ya que se va más allá de la simple información

contenida en tablas y es posible establecer importantes relaciones entre los efectos (De León *et al.*, 2003).

Bertoia *et al.* (2006) Indican que el polígono panorámico de un biplot proporciona una alternativa presentada gráficamente que permite la identificación de las interacciones entre las poblaciones.

### **Coefficiente de correlación de Spearman**

Yamane (1979) menciona que Carlos Spearman en 1904 invento un estadístico para medir el grado de asociación entre la variables X e Y cuando se desconoce su distribución, y lo denominó coeficiente de correlación por rangos. Está basado en los rangos (u ordenación) de las observaciones y no depende de una distribución particular de X e Y.

Para Steel *et al.* (1985) el coeficiente de correlación de rangos Spearman se aplica a datos en forma de rangos. Pueden recolectarse como rangos o se les pueden asignar rangos según observaciones en algún otra escala. Mide la correspondencia entre rangos, de tal manera que no es necesariamente una medida de correlación lineal.

Mood *et al.* (1972) indican que una medida corriente de la asociación de dos variantes X e Y es la correlación por rangos o correlación de Spearman. Se colocan ordenados por rangos los valores de X y se sustituyen las observaciones por sus rangos; análogamente, se sustituyen por sus rangos las observaciones Y. Así, para muestras de tamaño n.

Dixon y Massey (1965) mencionan que el estadístico  $1 - \frac{6(\sum di^2)}{N(N^2 - 1)}$  se llama

coeficiente de correlación por rangos. Puede usarse para contrastar la hipótesis de que las variables X e Y son independientes. Tiene la ventaja de que no se hacen suposiciones sobre las distribuciones de X o Y. El coeficiente de correlación de Spearman ( $r_s$ ) se asemeja al coeficiente de correlación en que sus valores van desde -1 hasta +1. Un valor de +1 indica perfecto acuerdo, mientras que un valor de -1 indica todo lo contrario.

Mendenhall *et al.* (1986) reportan que se puede utilizar el coeficiente de correlación de rangos de Spearman como un estadístico de prueba para probar una hipótesis de ausencia de relación entre dos poblaciones

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

Este capítulo incluye la descripción del material genético utilizado, las localidades de evaluación, características del diseño de siembra y la parcela experimental. También se concentraron en este capítulo los análisis empleados en la variable rendimiento para el rechazo o no rechazo de la hipótesis planteada

#### Material genético

El material genético utilizado en el presente trabajo de investigación estuvo integrado por 20 híbridos propiedad de la empresa PIONEER, de los cuales 14 fueron experimentales y 6 comercial que se utilizaron como testigos, la clave de estos híbridos se presenta en el Cuadro 3.1.

**Cuadro 3.1** Claves de los Híbridos comerciales y experimentales empleados en los ensayos multi-regionales.

HÍBRIDOS		HÍBRIDOS	
1	PH0801 (E)	11	PH0709 (E)
2	PH0802 (E)	12	30P45 (C)
3	PH0803 (E)	13	30P49 (C)
4	PH0804 (E)	14	30M16 (C)
5	PH0805 (E)	15	30G54 (C)
6	PH0806 (E)	16	PH0710 (E)
7	PH0807 (E)	17	PH0612 (E)
8	PH0808 (E)	18	PH0613 (E)
9	P3030W (C)	19	PH0614 (E)
10	P2946W (C)	20	PH0711 (E)

E =Experimental, C = Comercial

## Descripción de los ambientes

La evaluación de los híbridos se llevo a cabo en ambientes representativas de la llanura costera del estado de Sinaloa la que se puede describir como una extensa planicie, a veces interrumpida por cerros muy erosionados, amplia al norte y muy estrecha al sur. El clima es cálido semiseco en la llanura, con temperatura media entre 24° y 25°C y precipitación anual de 600 mm, que aumenta hasta 1 400 mm al sur del estado. Las 14 localidades y algunas de sus características se describen en el cuadro 3.2

**Cuadro 3.2** Ambientes de prueba y ubicación geográfica.

	Ambiente	Altitud (msnm)*	Latitud Norte	Longitud Oeste
1	El Carrizo	21	26°10'18"	108°58'29"
2	Chávez Talamantes	23	26°21'38"	109°02'54"
3	Ruiz Cortinez	20	25°42'29"	108°43'30"
4	Guasave	19	25°29'53"	108°21'42"
5	Santa Blanca	21	25°55'02"	108°54'37"
6	Campo 35	21	25°55'02"	108°54'37"
7	Maquipo	36	25°40'02"	108°17'11"
8	Angostura	13	25°12'14"	108°06'11"
9	Cruz de Elota	20	23°55'	106°53'
10	Culiacancito	24	24°48'57"	107°30'15"
11	El Desague	20	24°41'52"	107°42'32"
12	Villa Juárez	14	24°30'07"	107°24'07"
13	Costa rica	5	24°29'11"	107°26'22"
14	Obispo	32	24°15'55"	107°08'44"

\* =metros sobre el nivel del mar

Fuente (Pioneer).

## **Descripción de la parcela experimental**

El diseño de siembra utilizado para el experimento fue un bloques completos al azar con dos repeticiones por localidad, la parcela experimental fue de cuatro surcos de 4 metros de largo y 0.80 metros entre surcos con 40 plantas y una distancia de 0.10 m entre planta y planta, pero solo se cosecharon los dos surcos centrales.

## **Labores culturales**

**Preparación del terreno:** Todos los ambientes se prepararon iniciando con un subsuelo y posteriormente se aplicaron tres pasos de rastra

**Siembra:** El Carrizo (30/10/2007); Chávez Talamantes (06/11/2007); Ruiz Cortinez (31/10/2007); Santa Blanca (28/10/2007); Campo 35 (10/11/2007);Maquipo (09/11/2007); Cruz de Elota (21/11/2007); Culiacancito (23/11/2007); El Desague (18/11/2007); Costa Rica (25/11/2007); Obispo (14/11/2007).

**Fertilización:** La fórmula aplicada en todos los ambientes fue 350N- 60P- 10K, al realizar el surcado se aplico una fertilización de fondo, la mitad del nitrógeno y todo el fosforo y potasio (50% de N y 100% de P y K) y el resto del nitrógeno se aplico al cierre del cultivo

**Riegos:** El primer riego fue aplicado a los 55 días después de la siembra (dds), el segundo, tercer y cuarto riego se aplicaron a los 85 dds, 115 dds, y 140 dds respectivamente, siendo igual para todos los ambientes involucrados



**Control de malezas:** Se aplico en cada uno de los ambientes después de 55 días después del primer riego el herbicida comercial Gesaprim calibre 90 cuyo principal compuesto activo es la atrazina.

**Control de plagas:** Se aplico en siembra Lorsban 5G (ingrediente activo clorpirifos etil) para las plagas de suelo; Arrivo 200 CE (ingrediente activo cipermetrina) para gusanos trozadores en las primeras etapas; Ambush 50 (ingrediente activo permetrina) para plagas foliares en estado V4, V5; Pounce 5G (ingrediente activo permetrina) contra Gusano cogollero en V8.

**Cosecha:** Se cosecho en forma mecánica con la cosechadora combinada con báscula integrada y determinador de humedad

### **Variable agronómica de interés**

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

Porcentaje de humedad (%H): Fue tomada al momento de la cosecha del grano con la cosechadora combinada

$$PS = \frac{(100 - \%H)}{100} \times PC \quad \text{Donde:}$$

%H = Porcentaje de humedad del grano a la cosecha por parcela y PC =Peso de campo en kg.

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

**APU** = Área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre matas por el número exacto de plantas por parcela; **0.845** = Constante para transformar el rendimiento de peso seco al 15.5 % de humedad; **1000** = Constante para obtener el rendimiento en ton ha<sup>-1</sup>; y **10000** = Valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m<sup>2</sup>.

### **Manejo estadístico de los datos agronómicos.**

El análisis de varianza de la variable de respuesta rendimiento se realizó bajo un diseño de bloques al azar. Cuyo modelo estadístico fue el siguiente:

Por localidad:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + E_{ij}$$

$Y_{ij}$  = observación del i-ésimo tratamiento en la repetición j-ésima;  $\mu$  = efecto de la media general;  $T_i$  = efecto del i-ésimo tratamiento;  $B_j$  = efecto del j-ésimo bloque;  $E_{ij}$  = error experimental de la j-ésima observación en el i-ésimo tratamiento.

A través de localidades;

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

$Y_{ijk}$  = rendimiento de la i-ésimo híbrido en la j-ésima repetición de la k-ésima localidad;  $\mu$  = efecto de la media general;  $A_i$  = efecto del i-ésimo híbrido;  $R_{j(i)}$  = efecto de la j-ésimo bloque dentro del i-ésimo ambiente;  $G_k$  = efecto del k-ésimo ambiente;  $GA_{ik}$  = efecto del k-ésimo genotipo por el i-ésimo ambiente;  $E_{ijk}$  = error experimental.

Se obtuvo el porcentaje de contribución (PC) de la suma de cuadrados en las fuentes de variación mediante la sumatoria de los valores de la suma de cuadrados y determinando el porcentaje de cada valor en relación con el total, para poder indicar cual variación tuvo mayor contribución a la variación total

Se realizó una prueba de rango múltiple en base a la prueba de Tukey, cuya fórmula fue la siguiente:

$$qs = \frac{Y_A - Y_B}{SE}$$

$Y_A$  = es la mayor de dos medias comparadas entre ellas;  $Y_B$  = es la menor de dos medias comparadas entre ellas;  $SE$  = error estándar.

## **Coefficiente de correlación de los rangos de Spearman**

Para determinar el grado de asociación entre el comportamiento promedio de los genotipos de cada localidad con la media general obtenida a través de ambientes, así como de los genotipos a través de localidades con las medias de las localidades, se estimó el coeficiente de correlación de Spearman ( $r_s$ ) para determinar si existió cambios de orden entre esta variable y la magnitud de la misma. Cuya fórmula fue:

$$r_s = \frac{6 \sum d_i^2}{n(n^2 - 1)}$$

en donde  $d_i = r_{xi} - r_{yi}$  es la diferencia entre los rangos de X e Y.

Los valores de los rangos se colocan según el orden numérico de los datos de la variable. La interpretación del coeficiente  $r_s$  de Spearman es similar a la de Pearson: valores próximo a 1 indican una correlación fuerte y positiva. Valores próximos a -1 indican una correlación fuerte y negativa. Valores próximos a cero indican que no hay correlación lineal.

## **Estudio de la interacción genotipo x ambiente**

Para realizar una exploración del efecto de la interacción genotipo por ambiente de los 20 híbridos evaluados en 14 ambientes se empleo el modelo de **Eberhart y Russell** cuya descripción estadística fue:

$$Y_{ij} = \mu_i + \beta_i I_j + \delta_{ij} \text{ donde:}$$

$Y_{ij}$  = promedio del genotipo i en el ambiente j;  $\mu_i$  = promedio del genotipo i en todos los ambientes;  $\beta_i$  = coeficiente de regresión que mide la respuesta del genotipo i al variar los ambientes;  $I_j$  = índice ambiental del ambiente j-ésimo que se calcula como la desviación del promedio de los genotipos en un ambiente dado a partir del promedio general;  $\delta_{ij}$  = desviación de la regresión.

Esta información se corrió con el auxilio de la rutina estadística denominada PARAM, reportada por Ortega (1992).

El segundo modelo empleado fue **el de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI)** para modelar la respuesta de los ambientes, los genotipos y la IGA se emplearon las rutinas de programación AMMI1 y AMMI2 descritas por Vargas y Crossa (2000) bajo el siguiente modelo matemático:

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

La tercer y última estrategia para analizar la respuesta a ambientes específicos, y por supuesto la estabilidad de los materiales fue **el modelo de regresión de sitios (SREG)** (Crossa et al., 2002) cuya descripción se presenta a continuación:

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

Donde:  $Y_{ij}$  = rendimiento del i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente;  $\mu$  = media general;  $g_i$  = efecto del i-ésimo genotipo;  $e_j$  = efecto del j-ésimo ambiente;  $\lambda_k$  = raíz cuadrada del vector característico del k-ésimo eje del ACP;  $\alpha_{ik}$  = calificación del ACP para el k-ésimo eje del i-ésimo genotipo;  $\gamma_{jk}$  = calificación del ACP para el k-ésimo eje del j-ésimo ambiente;  $R_{ij}$  = residual del modelo con  $\sim DNI\left(\frac{\sigma^2}{r}\right)$ .

### **Criterios de selección**

Para la selección de ambientes de prueba se considero su representatividad del mega-ambiente y la discriminación que realizan de los híbridos evaluados en ellas

Para la identificación de los híbridos con mayores posibilidades de explotación comercial se consideró su potencial de rendimiento y su respuesta a la interacción genotipo x ambiente.

#### **IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.**

En este capítulo lo más importante fue el análisis del comportamiento del rendimiento de los híbridos, la capacidad de discriminación de las localidades y la exploración de la interacción genotipo x ambiente, este último se realizó a través de distintas metodologías.

##### **Análisis de varianza individual por localidad**

Un factor importante a considerar durante la selección es el conocer qué localidades fueron las que más contribuyeron a la discriminación de los genotipos. Para tal fin se realizó un análisis de varianza para cada localidad, cuyos resultados se concentraron en el Cuadro 4.1. El criterio de selección de las localidades se enfocó a aquellas que presentaron diferencias estadísticas en los tratamientos y que formaran mayor número de grupos estadísticos.

Las localidades que cumplen con estos dos requisitos fueron las localidades de Ruiz Cortinez, Guasave, El Desague, Villa Juárez, Costa Rica y Obispo, las cinco primeras localidades presentaron significancia ( $P \leq 0.01$ ) y formaron la mayor cantidad de grupos

estadísticamente diferentes, la localidad de Obispo presento diferencias significativas ( $P \leq 0.05$ ) y logro formar un grupo estadístico de los tratamientos

**Cuadro 4.1** Comportamiento promedio de las 14 localidades del Estado de Sinaloa usadas para evaluar 20 híbridos durante el 2008

	LOCALIDAD	GE	C.V. %	F TRAT		DMH
1	Carrizo	1	12.0520	1.15		6.0549
2	Chávez Talamantes	1	11.9605	1.68		5.0401
3	Ruz Cortinez	4	4.8393	6.00	**	3.0440
4	Guasave	3	5.0504	3.55	**	3.0182
5	Santa Blanca	1	9.1166	0.91		5.1417
6	Campo 35	1	11.7821	1.48		5.9489
7	Maquipo	2	16.2941	1.87		6.9259
8	Angostura	1	9.7377	1.61		4.9660
9	Cruz de Elota	1	8.5461	1.47		5.8646
10	Culiacancito	2	11.4503	2.09		6.3804
11	El Desague	4	4.8286	4.92	**	3.3111
12	Villa Juárez	6	4.4278	9.70	**	3.0689
13	Costa Rica	2	7.7233	2.52	*	4.3725
14	Obispo	1	6.1627	2.64	*	4.6250

\*, \*\* = significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente;

GE = Grupos Estadísticos; CV = Coeficiente de variación;

F TRAT = Significancia Estadística de tratamientos;

DMH = Desviación Mínima Honesta.

Estas seis localidades presentaron un coeficiente de variación bajo, por lo que puede decirse que el ambiente no influyo en la expresión de los híbridos, de tal forma que las diferencias fueron mayormente por efectos genéticos, mientras que en las localidades donde no se encontraron diferencias en los híbridos se debió a que existieron otros factores que enmascararon el comportamiento de los mismos. Como es el caso de Maquipo donde el coeficiente de variación tal alto se debió a que en la etapa de llenado del grano el cultivo fue atacado por insectos, a la presencia de carbón (*Ustilago maydis*) y a deformación de la mazorca.



Con base sólo en este cuadro las localidades con mayor capacidad de discriminación fueron: Villa Juárez, El Desague, Ruiz Cortinez y Guasave además presentan un bajo coeficiente de variación y tienen un buen potencial de rendimiento, características deseables para eficientar la respuesta a la selección.

### **Análisis de correlación Spearman**

Esta prueba estadística permite medir la correlación o asociación de dos variables aprovechando la clasificación por rangos y se rige por las reglas de la correlación de Pearson.

Se realizó una correlación de Spearman entre el comportamiento promedio de los genotipos de cada localidad con la media general obtenida a través de ambientes, para determinar en qué localidades los genotipos no cambiaron de orden, la cual es una forma de medir la representatividad de las localidades, esta información se concentro en el Cuadro 4.2 donde se registro el coeficiente de correlación y su significancia. En este cuadro se muestra que los genotipos de las localidades 8, 12, 14, 11, 2, 9, 13 y 5, presentaron una correlación alta y estadísticamente significativa.

Los genotipos dentro de localidades que presentaron una correlación alta y significativa con relación a la media general a través de localidades, indica que en

forma exploratoria el ordenamiento de los genotipos es similar al logrado en genotipos a través de localidades, es decir, no hay interacción cruzada por lo tanto estas localidades son representativas del mega-ambiente de interés, mientras que aquellas que no fueron significativas realizan un ordenamiento diferente y puede haber riesgo de interacción cruzada que no es deseable en los programas de mejoramiento debido a que sesga la selección.

**Cuadro 4.2** Coeficiente de correlación Spearman de la media de los genotipos de cada localidad con la media general de cada genotipo

	G:L1		G:L2		G:L3		G:L4		G:L5	
Coeficiente de correlación	0.44355	NS	0.63752	**	0.42529	NS	0.29440	NS	0.48909	*
	G:L6		G:L7		G:L8		G:L9		G:L10	
Coeficiente de correlación	0.54613	**	0.45775	*	0.73383	**	0.51785	**	0.28134	NS
	G:L11		G:L12		G:L13		G:L14			
Coeficiente de correlación	0.69349	**	0.70065	**	0.61830	**	0.70475	**		

\*, \*\* = Significativo al punto 0.5 y al punto 0.1 respectivamente

Con esta información no puede definirse que localidades deben ser incluidas en ensayos posteriores y cuáles deben ser rechazadas, ya que solo es una exploración del mega-ambiente empleado.

Todo lo anterior de acuerdo con lo reportado por Salinas (2007) quien indica que la correlación de Spearman es un excelente método para cuantificar la relación

entre dos escalas de valores discretos y/o con jerarquía (ordinales). También es una excelente opción cuando los datos no tienen distribución normal bivalente, especialmente si hay valores extremos.

También se realizó una correlación de Spearman con la media de cada genotipo por localidad contra la media general de cada localidad para empíricamente determinar en función a los valores de correlación cuales fueron adaptados al área. Con base a los resultados mostrados en el Cuadro 4.3 se observa que todas las correlaciones fueron altamente significativas. Pudiéndose interpretar por lo tanto que todos los genotipos incluidos en el estudio se desarrollan de manera adecuada dentro de este mega-ambiente.

**Cuadro 4.3** Correlación Spearman de cada genotipo por localidad con la media de cada localidad

	T1	**	T2	**	T3	**	T4	**	T5	**
Coefficiente de correlación	0.96091		0.96611		0.96979		0.83886		0.96695	
	T6	**	T7	**	T8	**	T9	**	T10	**
Coefficiente de correlación	0.93169		0.97257		0.86235		0.95823		0.94499	
	T11	**	T12	**	T13	**	T14	**	T15	**
Coefficiente de correlación	0.84071		0.93022		0.94868		0.94243		0.93037	
	T16	**	T17	**	T18	**	T19	**	T20	**
Coefficiente de correlación	0.94930		0.94425		0.91908		0.87790		0.92607	

## **Análisis de varianza combinado**

Los resultados concentrados en el Cuadro 4.5 indican que la fuente de variación localidades (Loc), bloques dentro de localidades (Bloques/Loc), híbridos (Hib) y localidades por híbridos (Hib x Loc) presentaron diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ) lo cual puede apreciarse en el Cuadro 4.5.

Cuando se trabaja con ensayos multi-regionales un análisis de la varianza total y sus componentes juega un papel muy importante debido a que trata de analizar la variación de una respuesta y de asignar porciones (componentes) de esta variación a cada una de las variables de un conjunto de variables independiente. El objetivo del análisis de varianza es identificar variables independientes importantes en un estudio y determinar cómo interactúan y afectan a la respuesta. El análisis de varianza divide la suma de los cuadrados de las desviaciones llamada suma total de los cuadrados de las desviaciones, en partes, cada una de las cuales se atribuye a una de las variables independientes Mendenhall *et al.* (1986).

En lo que se refiere a localidades (Loc) su significancia indica que al menos una de las localidades fue diferente al resto, atribuido a las condiciones climáticas, edáficas y de manejo particulares de cada una de ellas. Estadísticamente su agrupación se muestra en el Cuadro 4.5 donde puede verse que en base a la media de rendimiento la

mejor localidad fue la 14 (Obispo), seguida por las localidades 12 (Villa Juárez), 9 (Cruz de Elota) y 11 (El Desague) que fueron estadísticamente iguales entre sí.

**Cuadro 4.4** Suma de cuadrados (SC), porcentaje de contribución (PC), valores F y significancia del análisis de varianza combinado de 20 genotipos evaluados a través de 14 localidades del estado de Sinaloa durante el 2008.

FV	GL	SC	PC	F		Pr > F
Localidades (Loc)	13	3232.399	70.836	164.10	**	<.0001
Bloques/Loc	14	50.012	1.096	2.36	**	0.0043
Híbridos (Hib)	19	241.453	5.291	8.39	**	<.0001
Hib x Loc	247	636.265	13.943	1.70	**	<.0001
Error	266	403.038	8.832			
CV = 8.287427						
Media gral = 14.2292						
Rango hib = 13.1122 – 15.1337						
Rango loc = 10.3609 – 18.4522						

En lo que respecta a la significancia presentada por la variable bloques dentro de localidades (Bloques/Loc)) indicó que el diseño utilizado fue eficiente porque logro extraer ese efecto del error e hizo más eficiente las pruebas de significancia.

En cuanto a la variable híbridos (Hib) la significancia permitió rechazar la hipótesis de que no existen diferencias entre los híbridos, ya que al menos uno fue

diferente al resto, lo que se puede verificar en el Cuadro 4.6, esto dio la pauta para poder seleccionar los que más convengan al programa por su desempeño en cuanto a rendimiento.

Sin embargo la selección no puede hacerse considerando solamente las medias generales, puesto que la fuente de variación híbridos por localidades (Hib x Loc) fue significativa ( $P \leq 0.01$ ) lo cual indica que el ordenamiento de los tratamientos es diferente en al menos una localidad. Esto significa que los híbridos cambian de orden a través de localidades y esto dificulta la selección, sobre todo cuando hay interacción cruzada por lo que se hace necesario hacer un estudio más profundo y detallado en cada uno de los híbridos, empleando herramientas estadísticas diseñadas con este propósito como el modelo diseñado por Eberhart y Russell, el modelo AMMI y el SREG o grafico GGE.

Considerando que el porcentaje de contribución (PC) de la interacción fue 2.5 veces más alta que la de tratamientos se requiere considerarla al momento de la selección para que esta sea realmente eficiente a través de los modelos anteriormente mencionados.

**Cuadro 4.5** Agrupación estadística de 14 localidades en base a DMH de Tukey.

LOCALIDADES	MEDIA	AGRUPAMIENTO TUKEY
14	18.4523	A
12	17.0412	B
9	16.8724	B
11	16.8602	B
3	15.4659	C
4	14.6938	C D
13	13.9199	D E
5	13.8670	D E
10	13.7006	E
8	12.5389	F
6	12.4143	F
1	12.3525	F
7	10.4510	G
2	10.3610	G

DMH 0.9317

En el Cuadro 4.6, se muestra que el mejor de los tratamientos en base a su media fue el 5 (PH0805) compartiendo esta superioridad con los híbridos 2 (PH0802), 1 (PH0801), 7 (PH0807), 4 (PH0804), 6 (PH0806), 3 (PH0803), 8 (PH0808), 10 (P2946W), 9 (P3030W), 13 (30P49) y 20 (PH0711).

**Cuadro 4.6** Media general de rendimiento a través de 14 localidades de 20 híbridos evaluados durante el 2008

TRAT	MEDIA	AGRUPAMIENTO TUKEY	TRAT	MEDIA	AGRUPAMIENTO TUKEY
5	15.1337	A	13	14.2634	A B C D E F G H
2	15.0815	A B	20	14.1439	A B C D E F G H
1	15.0500	A B	16	13.9190	B C D E F G H
7	15.0265	A B	11	13.7976	C D E F G H
4	14.8032	A B C	17	13.7834	C D E F G H
6	14.7818	A B C	12	13.5850	D E F G H
3	14.6365	A B C D	14	13.4242	E F G H
8	14.5530	A B C D E	19	13.2630	F G H
10	14.4032	A B C D E F	18	13.1830	G H
9	14.3288	A B C D E F G	15	13.1122	H

DMH 1.1778; medias con la misma letra son estadísticamente iguales.

## **Análisis de estabilidad mediante el modelo de Eberhart y Russell**

El resultado obtenido del análisis de la IGA (interacción genotipo x ambiente) mediante el modelo de Eberhart y Russell el cual clasifica a los genotipos por su coeficiente de regresión ( $\beta_i$ ) se concentro en el Cuadro 4.7. Según Rodríguez *et al.* (2002) un genotipo es considerado estable si su coeficiente de regresión es igual a 1 y las desviaciones de regresión son iguales a cero.

En el Cuadro 4.7 se observa que los genotipos con valor  $\beta_i$  mayor a uno fueron los que mejor se desarrollaron en ambientes favorables, los cuales fueron los identificados con 1, 2 y 3, los de valores menores de uno son los que desarrollan bien en ambientes desfavorables como es el caso del genotipo 13.

De acuerdo con lo mencionado por Rodríguez *et al.* (2002) El modelo de Eberhart y Russell ha sido uno de los más utilizados para determinar la estabilidad de los genotipos debido a su facilidad. La interacción genotipo x ambiente, entendida como el cambio de comportamiento diferencial de genotipos a través de condiciones ambientales, ha sido unos de los principales factores, o quizás el más importante, que ha obligado la generación de diferentes metodologías de mejoramiento genético



**Cuadro 4.7** Media, Valores  $\beta_i$  y descripción de estabilidad por el método de Eberhart y Russell de 20 genotipos evaluados en 14 localidades de Sinaloa durante el 2008

VARIEDAD	MEDIA	$\beta_i$	DESCRIPCIÓN
1	15.05	1.23	* Respuesta mejor en buenos ambientes y consistente
2	15.08	1.33	* Respuesta mejor en buenos ambientes y consistente
3	14.64	1.41	* Respuesta mejor en buenos ambientes y consistente
4	14.80	0.90	Variedad estable
5	15.13	1.10	Variedad estable
6	14.78	0.88	Variedad estable
7	15.03	1.02	Variedad estable
8	14.55	0.77	Variedad estable
9	14.33	0.85	Variedad estable
10	14.40	0.89	Variedad estable
11	13.80	0.80	Variedad estable
12	13.58	0.88	Variedad estable
13	14.26	0.75	* Respuesta mejor en ambientes desfavorables y consistente
14	13.74	1.25	Variedad estable
15	13.11	1.07	Variedad estable
16	13.92	1.02	Variedad estable
17	13.78	0.93	Variedad estable
18	13.18	1.08	Variedad estable
19	13.26	0.85	Variedad estable
20	14.14	0.99	Variedad estable

Dentro de la categoría de genotipos considerados estadísticamente estables por su coeficiente de regresión ( $\beta_i$ ) caen 17 de los 20 genotipos evaluados, lo que coincide en un 85 % con la predicción empírica que se realizó con la correlación de Spearman del Cuadro 4.3.

El análisis de las estabilidad de los ambientes en el método de Eberhart y Russell (1966) se efectúa a través del estudio de los índices ambientales de cada una de las localidades (González *et al.*, 2007). Las localidades con índice ambiental positivo fueron

las que presentaron rendimiento por encima de la media y aquellas con valores índice negativo rendimiento por debajo de la media. Esto significa que los índices ambientales son estimadores directos de los efectos de cada localidad por lo que su sumatoria debe ser igual a cero.

**Cuadro 4.8** Valores índice del método de Eberhart y Russell de 14 ambientes de Sinaloa

AMBIENTE	ÍNDICE	AMBIENTE	ÍNDICE
1	-1.8768	8	-1.6904
2	-3.8683	9	2.6431
3	1.2366	10	-0.5287
4	0.4646	11	2.6309
5	-0.3623	12	2.8120
6	-1.8150	13	-0.3094
7	-3.5593	14	4.2230

En base al promedio de rendimiento superior a la media el orden que siguieron las localidades fue el siguiente: en primer lugar Obispo seguida de Villa Juárez, Cruz de Eloba, El Desague, Guasave y Ruiz Cortinez.

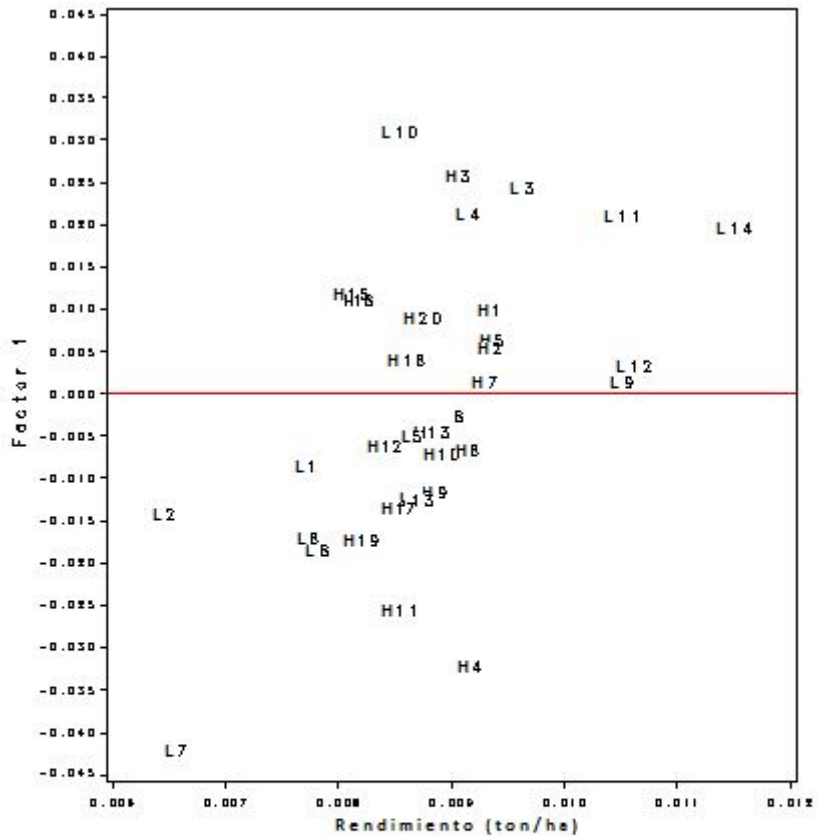
La evidente poca variación detectada por el modelo de Eberhart y Russell en la estabilidad de los híbridos puede ser atribuida a que trata la interacción como un modelo lineal siendo en realidad un efecto multiplicativo. Tal como lo indica González *et al.* (2007) los métodos de Eberhart y Russell y Cruz *et al.* (1989) consideran que el componente interacción G x A de los cultivares se explica con la desviación media de la

regresión, cuando en realidad las interacciones de acuerdo al modelo AMMI, fueron de tipo multiplicativo.

### **Análisis de estabilidad mediante el modelo AMMI1**

El análisis AMMI tiene en cuenta la respuesta no lineal de los genotipos y la variación ambiental por lo que es una herramienta apropiada especialmente donde las características de respuesta de los ambientes no se conocen.

La Figura 4.1 corresponde al grafico generado por el modelo AMMI1 con un componente principal y el rendimiento; muestra un primer acercamiento a la clasificación de la interacción localidades x genotipos, el cual es realizado en base a su interacción y rendimiento. En el grafico puede apreciarse que los genotipos con rendimiento por encima de la media con interacción positiva y buena estabilidad son los genotipos 7(PH0807 E), 2(PH0802 E), 1(PH0801 E) y 5(PH0805 E) en este orden, además de que presentan un rendimiento muy parecido.



**Figura 4.1 Biplot AMMI para 20 genotipos y 14 localidades**  
 Factor 1 = componente de estabilidad; H1 = PH0801; H2 = PH0802; H3 = PH0803; H4 = PH0804; H5 = PH0805; H6 = PH0806; H7 = PH0807; H8 = PH0808; H9 = P3030W; H10 = P2946W; H11 = PH0709; H12 = 30P45; H13 = 30P49; H14 = 30M16; H15 = 30G54; H16 = PH0710; H17 = PH0612; H18 = PH0613; H19 = PH0614; H20 = PH0711; L1 = El Carrizo; L2 = Chavez Talamantes; L3 = Ruiz Cortinez; L4 = Guasave; L5 = Santa Blanca; L6 = Campo 35; L7 = Maquipo; L8 = Angostura; L9 = Cruz de Elota; L10 = Culiacancito; L11 = El Desague; L12 = Villa Juarez; L13 = Costa Rica; L14 = Obispo.

Los genotipos más inestables pero con buen rendimiento fueron el 3(PH0803 E) con interacción positiva y el 4(PH0804 E) con interacción negativa. Al respecto Cordova (1992) menciona que el mejoramiento para adaptación amplia puede proveer la identificación de genotipos cuyo comportamiento sea superior en ambientes pobres y ricos, estos ambientes pueden estar caracterizados por condiciones de estrés. Un

cultivar estable bajo estas circunstancias poseerá una baja interacción genotipo por ambiente, un coeficiente de regresión cercano a 1.0 y un alto rendimiento.

Las localidades con buen comportamiento en base a la media de rendimiento fueron: 14, 12, 9 y 11, todas con interacción positiva, dentro de las más representativas se encuentran la 9 y 12, las más extremas son la 14 y 11. Las localidades que presentaron menor rendimiento fueron las localidades 2 y 7 las cuales además son extremas, siendo la 7 la más extrema de todas las localidades evaluadas.

Se realizó una comparación entre los valores del primer componente (CP1) del modelo AMMI1 y los valores ÍNDICE del modelo de Eberhart y Russell que se muestran en el Cuadro 4.9, para conocer la correspondencia existente en ambos métodos en cuanto de clasificar ambientes estables.

Con base en los valores índice ambiental arrojados por el modelo de Eberhart y Russell y los obtenidos con el gráfico AMMI1, podemos observar que ambos concuerdan en cuanto a su forma de clasificar a las localidades, ya que como puede verse en el cuadro las localidades que presentan los valores índice más alejados, son de menor rendimiento y de menor estabilidad pues presentan los valores negativos del CP1 más alejados de cero las cuales son: 2, 7, 6, 1 y 8; de igual manera las localidades

con mayor rendimiento son la 14, 12, 9 y 11 que presentan buena estabilidad y el mejor rendimiento, pues tienen el índice positivo más alto y el valor del CP1 más cercano a cero.

**Cuadro 4.9** Media de rendimiento, primer componente principal (PC1) del modelo AMMI1 y valores ÍNDICE del modelo de Eberhart y Russell de 14 ambientes

AMBIENTE	REND	PC1	ÍNDICE
L1	12.3525	-.008836	-1.8768
L2	10.3610	-.014402	-3.8683
L3	15.4659	0.02409	1.2366
L4	14.6938	0.021091	0.4646
L5	13.8670	-.005123	-0.3623
L6	12.4143	-.017178	-1.8150
L7	10.4510	-.043584	-3.5593
L8	12.5389	-.018638	-1.6904
L9	16.8724	0.001105	2.6431
L10	13.7006	0.030753	-0.5287
L11	16.8602	0.020957	2.6309
L12	17.0412	0.003028	2.8120
L13	13.9199	-0.01271	-0.3094
L14	18.4523	0.019448	4.2230

La correspondencia entre los valores CP1 arrojados por el AMMI1 y los índices ambientales del modelo de Eberhart y Russel es alta y casi realizan la misma clasificación salvo por la localidad 8 en que el índice ambiental es de valor negativo pero no así el CP1. Por lo que existe una correspondencia del 92.8% entre la clasificación que hacen ambos modelos.

## Análisis de estabilidad mediante el modelo AMMI2

Con el fin de mejorar la precisión al momento de evaluar la interacción genotipo por ambiente se empleo el modelo multiplicativo AMMI2 el cual utiliza dos componentes principales en el análisis, el cual permite apreciar de forma más clara la compleja interacción genotipo x ambiente.

La Figura 4.2 corresponde al "biplot" originado por el modelo AMMI2, en este particular los dos componentes principales logran representar el 44% del efecto de la interacción genotipo ambiente.

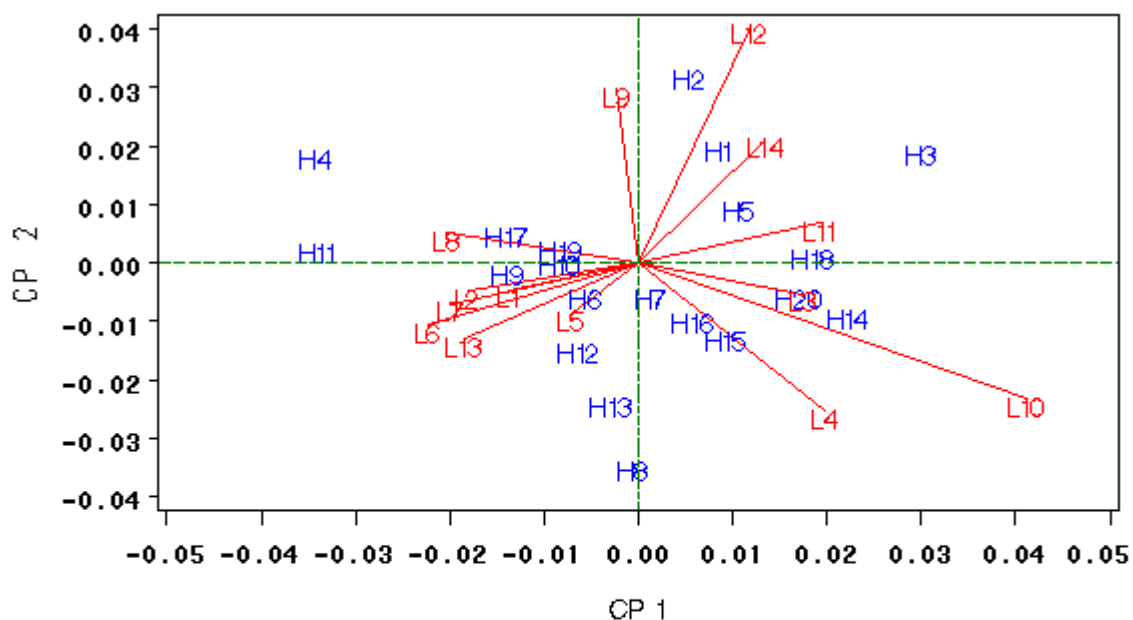


Figura 4.2 Biplot AMMI2 para la respuesta a la interacción genotipo x ambiente de 20 genotipos y 14 localidades. CP1 y CP2 = Primer y segundo componente principal; H1 = PH0801; H2 = PH0802; H3 = PH0803; H4 = PH0804; H5 = PH08065; H6 = PH0806; H7 = PH0807; H8 = PH0808; H9 = P3030W; H10 = P2946W; H11 = PH0709; H12 = 30P45; H13 = 30P49; H14 = 30M16; H15 = 30G54; H16 = PH0710; H17 = PH0612; H18 = PH0613; H19 = PH0614; H20 = PH0711; L1 = El Carrizo; L2 = Chavez Talamantes; L3 = Ruiz Cortinez; L4 = Guasave; L5 = Santa Blanca; L6 = Campo 35; L7 = Maquipo; L8 = Angostura; L9 = Cruz de Elota; L10 = Culiacancito; L11 = El Desague; L12 = Villa Juarez; L13 = Costa Rica; L14 = Obispo.

Mishra *et al.* (2006) indican que las interacciones cruzadas (IC) son cambios de rango entre cultivares a través de ambientes. Los mejoradores se interesan acerca de (IC) porque frecuentemente afecta la clasificación desde un ambiente de predicción a la clasificación en otros ambientes.

Los ambientes que discriminan sin interacción cruzada a los genotipos fueron los ambientes 12, 14, 11, 3, 10 y 4 los cuales conformarían un mega-ambiente particular. Formando un ángulo mayor de  $90^\circ$  con las localidades anteriores se encontraron a las localidades 9, 8, 2, 1, 7, 6, 5, y 13, por lo que interacciona de forma cruzada con las localidades primeramente mencionadas. Esto de acuerdo con Crossa *et al.* (2002) los cultivares localizados en sectores opuestos de el biplot, junto con los sitios incluidos en estos sectores, forman subconjuntos de interacción cruzada de cultivares y sitios.

Crossa *et al.* (2002) señalan que un ángulo menor de  $90^\circ$  o mayor de  $270^\circ$  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  $90^\circ$  y menores de  $270^\circ$ .



Esto concuerda con los resultados del grafico, en el cual los genotipos con un ángulo menor de 90° en relación con alguna localidad fueron: el genotipo 5(PH0805 E), y 1(PH0801 E) en relación con la localidad 14, el genotipo 2(PH0802 E) con la localidad 12, el genotipo 18(PH0613 E) con la localidad 11, el genotipo 20(PH0711 E) y 14(30M16 C) con las localidades 10 y 3, los genotipos 15(30G54 C), 16(PH0710 E) y 7(PH0807 E) con la localidad 4.

En los sectores opuestos del grafico también se presento asociación de los genotipos con las localidades y estos fueron: los genotipos 9(P3030W C) y 17(PH0612 E) en la localidad 8, los genotipos 10(P2946W C) y 9(P3030W C) con la localidad 2, la localidad 5 con el genotipo 6(PH0806 E). Puede apreciarse claramente que dentro de estos sectores las localidades fueron muy cercanas entre si, y los genotipos 17, 10, 19, 9 y 6 se encontraron también muy asociados a ellas.

Con base en lo que señala Samonte *et al.*(2005) el cultivar con un bajo resultado absoluto IPCA1 debe producir un menor efecto de interacción GE que el cultivar con un mayor resultado absoluto IPCA1 y tener una menor variación (más estabilidad) de rendimiento a través de ambientes. Con base en esto en nuestro grafico concluimos que los mejores genotipos fueron el 18, 20, 7 y 5

Alejos *et al.*, (2006) señalaron que el modelo AMMI es útil para entender la compleja interacción genotipo por ambiente existente en caracteres cuantitativos como el rendimiento de grano, lo que permite ganar precisión, mejorando el proceso de selección e incrementando la eficiencia experimental.

Se realizó una comparación entre los valores  $\beta_i$  del modelo de Eberhart y Russell y los valores del segundo componente principal (CP2) del modelo AMMI que se muestran en el siguiente cuadro, para conocer la correspondencia existente en ambos métodos en cuanto a capacidad de detectar y clasificar genotipo estables.

En el Cuadro 4.10 Los genotipos que por sus valores  $\beta_i$  se adaptaron a ambientes favorables fueron: 18(PH0808 E), 20 PH0711 E), 7(PH0807), 14(30M16 C), 16(PH0710 E), 5(PH0805 E), 15(30G54 C), 3(PH0803 E), 2(PH0802 E) y 1(PH0801 E), los cuales están ordenados por los valores CP2 de estabilidad. Seguimos de igual manera con los genotipos que se adaptaron a ambientes desfavorables los cuales fueron: 10(P2946W C), 11(PH0709 E), 19(PH0614 E), 9(P3030W C), 17(PH0612 E), 6(PH0806 E), 12(30P45 C), 4(PH0804 E), 13(30P49 C) y 8(PH0808 E) y se encuentran ordenados de la misma manera que los anteriores.

**Cuadro 4.10** Valores de media de rendimiento (REND), segundo componente principal (CP2) del modelo AMMI2 y valores  $\beta_i$  del modelo de Eberhart y Russell de 20 genotipos evaluados a través de 14 localidades de Sinaloa durante el 2008.

GEN	REND	CP2	$\beta_i$
1	15.050	0.0259	1.23
2	15.082	0.0415	1.33
3	14.637	0.0251	1.4
4	14.803	0.0239	0.91
5	15.1340	0.0127	1.1
6	14.7820	-0.0061	0.88
7	15.0260	-0.0064	1.02
8	14.5530	-0.0433	0.77
9	14.3290	-0.0012	0.85
10	14.4030	0.0012	0.89
11	13.7980	0.0037	0.8
12	13.5850	-0.0177	0.88
13	14.2630	-0.0296	0.75
14	13.7370	-0.0107	1.25
15	13.1120	-0.0151	1.07
16	13.9190	-0.0114	1.02
17	13.7830	0.0072	0.93
18	13.1830	0.0024	1.08
19	13.2630	0.0040	0.85
20	14.1440	-0.0063	0.99

Vallejo *et al.* (2005) quienes explican el modelo de Eberhart y Russell, señalan que genotipos con valores  $B_i$  superiores a uno son recomendables para ambientes favorables y genotipos con valores  $B_i$  inferiores a uno responden a ambientes desfavorables o con algún tipo de estrés. En la figura 4.2 puede constatarse que en este punto lo expuesto por Eberhart y Russel concuerda con los resultados arrojados por el grafico AMMI2.

El modelo de Eberhart y Russell y el AMMI2 tienen una correspondencia de 60% en cuanto a clasificar la estabilidad de los genotipos. Resultados similares fueron obtenidos por Córdova (1992) quien obtuvo una coincidencia del 40% de los casos para identificar híbridos estables y rendidores.

### **Análisis de estabilidad y rendimiento mediante el modelo SREG o GGE**

Toda vez que se han revisado estrategias para tener una exploración del comportamiento de los híbridos para IGA resta explorar una alternativa interesante para los programas de mejoramiento donde se analiza el rendimiento en un ambiente como un efecto mixto de los efectos de IGA más efectos del genotipo. A esta estrategia en el medio se le conoce como GGE, el cual se originó a partir de la prueba de multi-ambientes.

La Figura 4.3 pertenece al gráfico biplot GGE en donde fue posible apreciar la respuesta de los genotipos a los ambientes involucrados en el experimento, según Yan y Rajcan (2002) Sitios dentro de el mismo sector comparten el mismo genotipo ganador, y sitios en diferentes sectores tienen diferentes genotipos ganadores, esto concuerda con los resultados obtenidos como se puede apreciar el polígono se encuentra dividido en 6 sectores, en el sector donde se ubican las localidades 12, 14 y 9 gana o tiene mejor desempeño el genotipo 2 (PH0802 E), como señalan Yan *et al.*

(2001) el cultivar que se encuentra en el vértice de cada sector es el mejor intérprete en los sitios incluidos en ese sector.

De acuerdo con los autores anteriormente mencionados y que respaldan los resultados obtenidos podemos continuar mencionando que en el sector donde se ubican las localidades 11, 10, 4 y 3 gana el genotipo 3(PH0803 E). En el sector donde se encuentran las localidades 7, 8, 6, 2, 13, 1, y 5 gana el genotipo 4(PH0804 E).

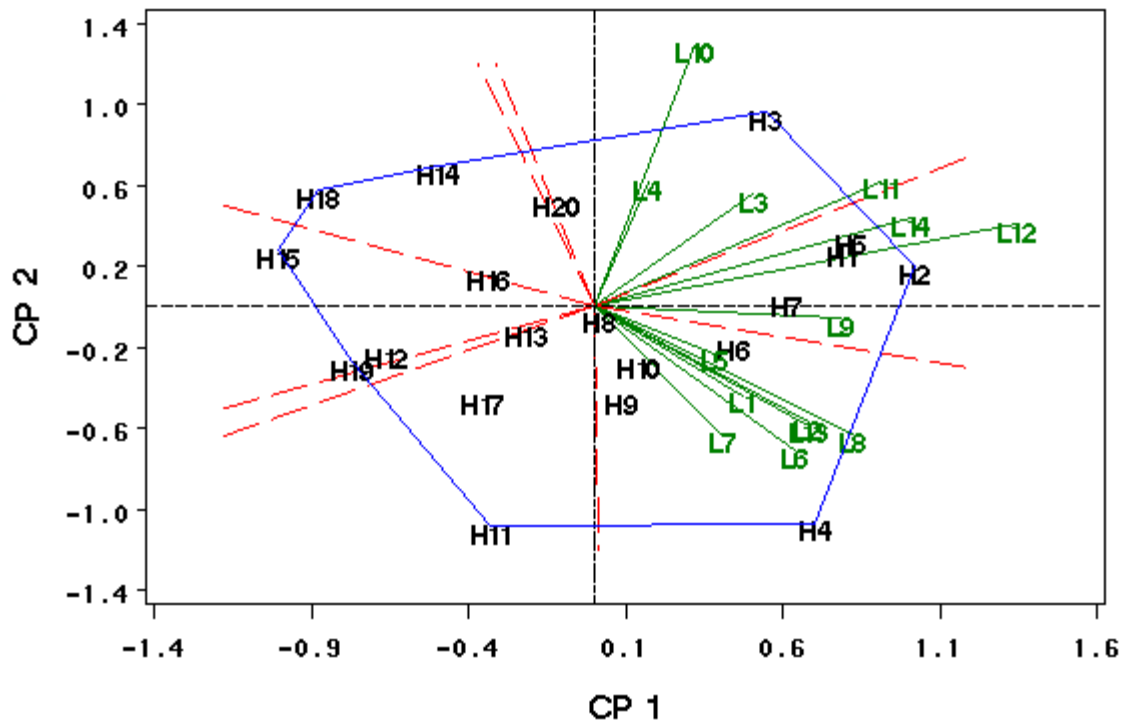


Figura 4.3 Biplot GGE patron de respuesta "cual-gano-donde" de 20 híbridos evaluados en 14 localidades. CP1 y CP2 = Primer y segundo componente principal; H1 = PH0801; H2 = PH0802; H3 = PH0803; H4 = PH0804; H5 = PH0805; H6 = PH0806; H7 = PH0807; H8 = PH0808; H9 = P3030W; H10 = P2946W; H11 = PH0709; H12 = 30P45; H13 = 30P49; H14 = 30M16; H15 = 30G54; H16 = PH0710; H17 = PH0612; H18 = PH0613; H19 = PH0614; H20 = PH0711; L1 = El Carrizo; L2 = Chavez Talamantes; L3 = Ruiz Cortinez; L4 = Guasave; L5 = Santa Blanca; L6 = Campo 35; L7 = Maquipo; L8 = Angostura; L9 = Cruz de Elota; L10 = Culiacancito; L11 = El Desague; L12 = Villa Juarez; L13 = Costa Rica; L14 = Obispo.

Yan y Rajcan (2002) señalan que genotipos ideales deben tener alta habilidad de rendimiento PC1 y una pequeña puntuación PC2 (alta estabilidad) y puede verse que los genotipos que se acercan a estas características fueron: 2(PH0802 E) y 7(PH0807 E) al presentar un rendimiento aceptable y mayor estabilidad.

Según Yan *et al.* (2001) cultivares ideales deben tener una gran puntuación PC1 (alta media de rendimiento) y una puntuación PC2 cercana a cero (más estabilidad). Similarmente, ideales ambientes de prueba deben tener gran puntuación PC1 (mas discriminación de los cultivares) y puntuación PC2 cercana a cero (más representatividad de un promedio de ambientes). En este caso la localidad más representativa es la 9.

Las localidades que mejor discriminaron a los genotipos en los diferentes sectores fueron: la 12, 10 y 8 por presentar el vector más largo, como indica Yan *et al.* (2007) ambientes de prueba con vectores largos son los más discriminativos de los genotipos, si los marcadores de los ambientes de prueba se ubican cerca a el origen del biplot, es decir, si el ambiente de prueba tiene un vector muy corto, esto significa que todos los genotipos se comportaron de manera similar y por lo tanto provee poca o ninguna información acerca de las diferencias de los genotipos.

En los restantes sectores si bien quedan incluidos los restantes genotipos, no así alguna de las localidades que integran este experimento, por lo que puede decirse que ninguno de estos genotipos tiene potencial dentro de las localidades, como señalan Yan *et al.* (2001) genotipos que se encuentran en el vértice sin ningún sitio en sus sectores no son los genotipos de mayor rendimiento en ningún sitio, además, estos son los más pobres genotipos en todos o algunos sitios.

## V. CONCLUSIONES

De los ambientes evaluadas en la zona costera del Estado de Sinaloa la localidad que mayor representatividad tuvo de este mega-ambiente fue la localidad 9(Cruz de Elota) y las que realizaron mayor efecto de discriminación de los híbridos evaluados fueron 10(Culiacancito), 12(Villa Juárez) y 8(Angostura).

Los híbridos que presentaron buen potencial de rendimiento y la mejor estabilidad a través de todos los ambientes evaluados detectados por el gráfico GGE fueron el 2 (PH0802 E) y el 7(PH0807 E).

De los modelos empleados para evaluar la interacción genotipo x ambiente el que mejor clasificación realizó de los genotipos en base a su potencial de rendimiento y estabilidad, además de indicar la capacidad de discriminación de los ambientes y permitir una visualización objetiva de la asociación de los híbridos a ambientes específicos fue el modelo regresión en los sitios o gráfico GGE.

El híbrido que en base a la prueba honesta de Tukey presentó mayor rendimiento fue el 5(PH0805 E).



## VI. RESUMEN

En el presente trabajo se evaluó el comportamiento agronómico y genético de 20 híbridos de la empresa Pioneer a través de 14 localidades. Con los objetivos de: i) Evaluar 20 híbridos en 14 ambientes de la región costera del Estado de Sinaloa para poder identificar cuáles son los ambientes más representativos y los de mayor discriminación. ii) Seleccionar los mejores materiales que puedan ser utilizados como híbridos en la región costera de Sinaloa, en base a rendimiento y estabilidad. iii) Explorar la interacción genotipo x ambiente mediante tres modelos y decidir cuál de ellos es el más recomendable. iv) Determinar si los híbridos experimentales muestran ganancia en rendimiento en comparación con los híbridos comerciales El experimento fue conducido usando un diseño de bloques completos al azar, la unidad experimental fue de 4 surcos de 4m, cosechándose solo los surcos centrales. En el análisis de rendimiento se empleo el diseño bloques al azar combinado cuyos resultados detectaron diferencias en todas las fuentes, debido al impacto del efecto de la IGA, 2.5 veces mayor que el efecto de tratamientos, en la variación total se emplearon para su exploración los modelos de Eberhart y Russell, el modelo de efectos aditivos principales

e interacciones multiplicativas AMMI de y el regresión de los sitios SREG. Los resultados de esta exploración arrojados por los modelos AMMI Y SREG indican que las localidades empleadas se pueden subdividir en dos grandes grupos para no tener interacción cruzada, el primero se encuentra formado por las localidades 9(Cruz de Elota), 12 (Villa Juárez), 14 (Obispo), 11 (El Desague),10 (Culiacancito), 4 (Guasave) y 3 (Ruiz Cortinez) y el segundo por las localidades 8 (Angostura), 2(Chávez Talamantes), 1 (El Carrizo), 7 (Maquipo), 6 (Campo 35), 13 (Costa Rica) y 5 (Santa Blanca). De estos ambientes el que más representa al mega-ambiente analizado es la localidad 9.

El modelo SREG o grafico GGE permitió detectar dos híbridos con potencial de rendimiento y con estabilidad a través de los ambientes el 2 (PH0802) y 7(PH0807) y tres localidades discriminativas las cuales fueron 12(Villa Juarez), 10 (Culiacancito) y 8 (Angostura).

La prueba honesta de Tukey arrojó como resultado que el híbrido que presentó mayor rendimiento fue el 5(PH0805 E).

**Palabras clave: ambientes representativos, híbridos, interacción genotipo ambiente, biplot.**

## VII. LITERATURA CITADA

- Abdulai M, P. Y. K. Sallah and O. Safo-Kantanka. 2007. Maize grain yield stability analysis in full season lowland maize in Ghana. *International Journal of Agriculture & Biology*. Vol. 9 No. 2.
- Alejos G, P. Monasterio y R. Rea. 2006. Análisis de la interacción genotipo-ambiente para rendimiento de maíz en la región maicera del Estado Yaracuy, Venezuela. *Agronomía Tropical*. 56(3):369-384.
- Alberts M.J.A. 2004. A comparison of statistical methods to describe genotype x environment interaction and yield stability in multi-location maize trials. Thesis for the degree Magister Scientiae Agriculturae in the University of the Free State Bloemfontein Available in:  
<<http://www.megarotic.com/es/?d=E31T6BD8>> Accedido en 31-07-2009.
- Annicchiarico P. 2002. Adaptation and yield stability. In *Genotype x environment interactions-challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations*. Roma: FAO. Available in:  
<<http://www.fao.org/docrep/005/Y4391E/y4391e00.htm#Contents> > Accedido en 22-06-2009.
- Babic V, M. Babic and N. Delic. 2006. Stability parameters of commercial maize (*Zea mays* L.) hybrids. *Genetika*. Vol. 38, No.3, pp. 235-240.
- Balderas-Colunga Juan Carlos. 2008. Aumenta producción de maíz en Sinaloa. Disponible en:  
<[http://www.queo.com.mx/index.php?option=com\\_content&view=article&id=1058:aumenta-produccion-de-maiz-en-sinaloa-&catid=50:noticias&Itemid=13](http://www.queo.com.mx/index.php?option=com_content&view=article&id=1058:aumenta-produccion-de-maiz-en-sinaloa-&catid=50:noticias&Itemid=13)>  
Accedido en 19-06-2009
- Bejarano a. 2003. Desarrollo de híbridos simples de maíz: Seminarios INIA CENIAP. Disponible en: <<http://www.ceniap.gov.ve/seminarios/abejarano.htm>>  
Accediso en 17-03-2009
- Bertoia L. C. López, and R. Burak. 2006. Biplot analysis of forage combining ability in maize landraces. *Crop Science* 46:1346-1353.

- Blanche S.B. and G. O. Myers. 2006 Identifying discriminating locations for cultivar selection in Luisiana. *Crop science* 46: 946-949.
- Bonamico N., J. Aiassa, M. Ibañez, M. Di Renzo, D. Díaz, J. Salerno. 2004. Híbridos simples de maíz con marcador SSR. *RIA*, 33(2): 129-144. INTA Argentina.
- Bondari K. 2003. Statistical analysis of genotype x environment interaction in agricultural research. Available in: <<http://analytics.ncsu.edu/sesug/2003/SD15-Bondari.pdf>> Accedido en 01-02-2009
- Castañón G. 1994. Estudio de la estabilidad en líneas avanzadas y variedades de arroz (*Oriza sativa L.*) usando dos metodologías. *Agronomía mesoamericana* 5:118-125.
- Cordova H. 1992. Respuestas diferenciales para rendimiento de híbridos de maíz evaluados en ambientes contrastantes de Latinoamérica PCCMCA 1990. *Agronomía Mesoamericana* 3:1-8
- Cordova H. S., H. J. Barreto y J. Crossa. 1994. Impacto del desarrollo de híbridos de maíz en Centro América. *Agronomía Mesoamericana* 5:78-87.
- Coutiño B. y V. A. Martínez. 2003. Estabilidad del rendimiento de grano de híbridos de maíz usando mejores predictores lineales insesgados. *Agrociencia*. 37:605-616
- Crossa J., J. Burgueño, P. L. Cornelius, G. McLaren, R. Trethowan, and A. Krishnamachari. 2006. Modeling genotype x environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. *Crop Science* 46:1722-1733.
- Cruz M. S., M. M. Gómez, M. E. Ortiz, A. M. Entzana, C. Y. Soares, V. Santillan. 2007 Situación actual y perspectivas del maíz en México 1996-2012. SIAP. SAGARPA Disponible en: <[http://w4.siap.gob.mx/sispro/IndModelos/SP\\_AG/Maiz/Descripci%C3%B3n.pdf](http://w4.siap.gob.mx/sispro/IndModelos/SP_AG/Maiz/Descripci%C3%B3n.pdf)> Accedido en 03-05-2009
- Dixon W. J. y F. J. Massey. 1965. Correlación por rangos En: *Introducción al análisis estadístico*. Ediciones Castilla. Madrid España.
- De León C. H. A. de la Rosa y D. Sámano. 2003. Análisis de los patrones de respuesta de grupos germoplasmicos y ambientes por "biplots" en maíz. Disponible en: <<http://www.uaaan.mx/DirInv/Rdos2003/maiz/analresp.pdf>> Accedido en 16-04-2009.

- De León C. H., F. Rincón, M. H. Reyes., D. Sámano., G. Martínez., R. Cavazos y J. D. Figueroa. 2005. Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplasmicas formadas entre grupos de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana* Vol. 28(2):135-143.
- Ebdon J. S. and H. G. Gauch. 2002. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: II. Cultivar recommendations. *Crop Science* 42:497-506.
- Egesi C.N., P. Ilona, F. O. Ogbe, M. Akorada, and A. Dixon. 2007. Genetic variation and genotype x environment interaction for yield and other agronomic traits in Cassava in Nigeria. *Agonomy Journal* 99:1137-1142.
- Fan X., M. S. Kang, H. Chen, Y. Zhang, J. Tan, and C. Xu. 2007. Yield stability of maize hybrids evaluated in multi-environment trials in Yunnan, China. *Agronomy Journal* 99:220-228.
- Fikere M., E. Fikiru, T. Tadesse, and T. Legesse. 2009. Parametric stability analyses in field pea (*Pisum sativum* L.) under south eastern Ethiopian condition. *World Journal of Agricultural Sciences* 5(2) 146-151.
- García J. G., F. Zavala, N. Mayek, C. G. S. Valdés, A. Gutiérrez, M. A. Cantú y G. Salinas. 2009. Evaluación por estabilidad en variedades de frijol en ambientes contrastantes de humedad y presencia de *Macrophomina phaseolina*. XXX Ciclo de Seminarios de Postgrado e Investigación. Disponible en: <http://www.agronomia.uanl.mx/pruebas/JESUS%20GERARDO%20GARCIA%20OLIVARES%20PAG%2085-86.pdf>> Accedido en 17-08-2009
- Gordon M. R., I. Camargo, J. Franco y A. González. 2006. Evaluación de la adaptabilidad y estabilidad de 14 híbridos de maíz, Azuero, Panama. *Agronomía Mesoamericana* 17(2):189-199.
- Ibañez, M.A, M.M Cavanagh, N.C Bonamico. 2006. Análisis grafico mediante biplot del comportamiento de híbridos de maíz. *RIA*. 35(3):83-93 INTA Argentina.
- Lee E. A, T. K. doerksen and L. W. Kannenberg. 2003. Genetic components of yield stability in maize breeding populations. *Crop Science*. 43:2018-2027.
- Lin C. S, M. R. Binns and L. P. Lefkovitch.1986. Stability analysis: where do we stand?. *Crop Science* 26:894-900.

- Naveed M., M. Nadeem and N. Islam. 2007. AMMI analysis of some upland cotton genotypes for yield stability in different milieus. *World Journal of Agricultural Sciences* 3(1):39-44.
- Malacarne M.F y F. M. San Vicente G. 2003. Patrones heteroticos de líneas tropicales blancas de maíz. *Agronomía Tropical* Vol. 53 No. 4.
- Margari R. and M. Kang. 1997 SAS-STABLE: stability analyses of balanced and unbalanced data. *Agronomy Journal* 89:929-932.
- Mendenhall W., R. L. Scheaffer y D. D. Wackerly. 1986. *Estadística matemática con aplicaciones*. Grupo Editorial Iberoamerica. México.
- Mishra R., P. S. Baenziger, W. K. Russell, R. A. Grayboseh, D. D. Baltensperger, and K. M. Eskridge. 2006. Crossover interactions for grain yield in multienvironmental trials of winter wheat. *Crop Science* 46:1291-1298.
- Ortega J., y O. S. Magaña. 1992. *Parametros de estabilidad*. Programa de Analisis. Version 2.1. INIFAP-REGION Centro. Chapingo, México.
- Mood A. M. y F. A. Graybill. 1972. *Métodos no parametricos En: Introducción a la teoría de la estadística*. Editorial Aguilar. Madrid España.
- Palau Blanco Eduardo. 2006. El futuro del maíz de Sinaloa. INIFAP. Disponible en: [http://www.inifap.gob.mx/tablero\\_visitas/informate/noticias\\_anteriores\\_2006.htm](http://www.inifap.gob.mx/tablero_visitas/informate/noticias_anteriores_2006.htm)
- Paliwal R. L., G. Granados, H. R Lafitte y A. D. Violic. 2001. Mejoramiento del maiz hibrido. En *El maíz en los trópicos mejoramiento y producción*. FAO. Disponible en: <<http://www.fao.org/docrep/003/X7650S/x7650s00.HTM>> Accedido en 20-06-2009
- Parsad R., V. K. Gupta, L. M. Bhar, V. K. Bhatia. 2008. *Advances in Data Analytical Techniques: Module VI: Biplot graphic display: some concepts*. Indian Agricultural Statistic Research (ICAR). Available in: <<http://www.iasri.res.in/ebook/EBADAT/6-Other%20Useful%20Techniques/3-SOME%20CONCEPTS%20OF%20BIPLOT%20GRAPHIC%20DISPLAY-9.pdf>> Accedido en 19-05-2009
- Pham H. N, S. R. Waddington and J. Crossa. 1989. Yield stability of CIMMYT maize gerplasm in international and on-farm trials. En *Variability in grain yields*

implications for agricultural research and policy in developing countries (pp 185-205). USA: IFPRI by Johns Hopkins University Press. USA.

Rezende E, T. Sedyiama, C. Damiao and R. de Cássia. 2003. Adaptability and stability of soybean genotypes evaluated using three backcrosses generations: BC4, BC5 and BC6. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. Vol. 3 No. 2 pp 117-124.

Rodriguez J. E., J. Sahagun, H. E. Villaseñor, J. D. molina y A. Martinez. 2002. Estabilidad de siete variedades comerciales de trigo (*Triticum aestivum L.*) de temporal. *Revista Fitotecnia Mexicana* Vol. 25(2): 143-151.

Samonte S. O., L. T. Wilson, A. M. McClung, and J. C. Medley. 2005. Targetin cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. *Crop Science* 45:2414-2424.

Salinas M. 2007. Modelos de regresión y correlación IV. Correlación de Spearman. *Cienc. Trab.* 9(25):143:145

Soriano V. J. M., C. Damiao. 2002. Analysis of stability and adaptability through different models of linear regression. *Cienc. Agrote., Lavras* Vol. 26 No.3 p 455-462.

Srinivasan G., S.K. Vasal, F. González, H. Cordova, S. Pandey y N. Vergara. 1993. Rendimiento y estabilidad de híbridos de maíz de cruza simples evaluadas en Colombia, México y Centro América. *Agronomía Mesoamericana* 4:23-29.

Steel R. G. D., J. H. Torrie, R. Martinez y J. M. Castaño. 1985. *Bioestadística: principios y procedimientos*. Editorial McGRAW-HILL. México.

González T., E. Monteverde, C. Marin y P. M. Madriz. 2007. Comparación de tres métodos para estimar estabilidad del rendimiento en nueve variedades de algodón. *Interciencia* Vol. 32 No.5.

Vallejo F. A., M. Espitia, O. Checa, F. Salazar, E. Respreto. 2005. Análisis estadístico para los diseños genéticos en fitomejoramiento. Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira. Cali, Colombia.

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

Vargas M., J. Crossa, F. Van Eeuwijk, K. D. Sayre, and M. P. Reynolds. 2001. Interpreting treatment x environment interaction in agronomy trials. *Agronomy Journal* 93:949-960.

- Vasal S. K., N. Vergara, Mclean. 1994. Estrategias en el desarrollo de híbridos tropicales de maíz. *Agronomía Mesoamericana*. 5:184-189.
- Yamane T. 1979. Correlation por rangos En: *Estadística*. Editorial Harla Harper & Row Latinoamerica. México.
- Yan W. and I. Rajcan. 2002. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*. 42:11-20.
- Yan W., M. S. Kang, B. Ma, S. Woods and P. L. Cornelius. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science* Vol. 47:643-655.
- Yan W., and L. A. Hunt. 2002. Biplot analysis of diallel data. *Crop Science* 42:21-30.
- Yan W., L. A. Hunt, Q. Sheng and Z. Szlavncs. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science* 40:597-605.
- Yan W., M. S. Kang, B. Ma, S. Woods, and P. L. Cornelius. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science* 47:643-655.
- Yan W., P. L. Conelius, J. Crossa, and L. A.Hunt. 2001. Two types of GGE biplots for analysing multi-environment trial data. *Crop Science* 41:656-663.



## VIII. APENDICE

**Cuadro A1** Media de genotipos individuales a través de localidades y por localidad.

HIBRIDO	LOCALIDADES														MEDIA
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	
1	14.2122	11.1211	17.7145	15.1768	14.2523	12.4253	10.9243	12.6816	18.4295	13.3068	17.9756	18.6853	12.8537	20.9408	15.0500
2	13.1403	10.0215	16.3020	14.8487	13.2978	13.0891	10.4070	13.1247	19.0607	13.4077	18.2309	20.9889	15.2654	19.9557	15.0815
3	12.0720	9.7879	15.8224	15.9519	14.0800	11.5892	9.7733	12.0948	16.5026	14.5392	19.1236	20.0194	12.7980	20.7565	14.6365
4	12.0319	11.3682	13.8008	12.8036	15.2696	14.4923	12.4267	14.7548	17.9982	11.6028	17.8380	17.8799	15.4857	19.4911	14.8031
5	12.1749	11.5521	15.9386	14.9713	15.1279	11.9554	11.0759	13.6865	18.4096	15.8458	18.0065	19.1375	14.7729	19.2164	15.1337
6	12.4432	10.9410	15.7602	14.2503	13.2612	15.1994	11.5135	13.9628	17.0689	15.2410	16.9938	16.8760	14.1075	19.3249	14.7817
7	13.8563	10.5039	16.1047	15.7403	13.5978	12.9246	11.2461	13.3294	17.4931	14.8281	17.9405	17.4134	16.1384	19.2539	15.0264
8	12.3681	10.7160	15.2137	16.5297	15.1313	13.2570	11.2757	12.9813	13.9655	15.1733	17.0148	16.1638	15.8793	18.0718	14.5529
9	13.3458	11.7811	16.1883	13.4499	13.6035	12.5877	10.9530	12.6692	16.9721	13.0276	16.8956	16.6458	14.7368	17.7464	14.3288
10	11.4740	11.8926	16.5371	14.3536	14.4889	13.2773	10.7395	13.8251	17.1717	13.4223	15.9037	16.9413	13.1235	18.4941	14.4032
11	12.9715	11.8989	14.8794	14.3976	14.0573	12.2875	10.4952	12.6204	17.0668	9.3437	15.5968	15.8329	14.3667	17.3506	13.7975
12	13.0855	8.4914	14.3007	14.8918	12.7514	13.5992	10.4804	11.9849	15.9682	12.9764	16.4939	15.0196	12.9571	17.1892	13.5850
13	13.5145	11.3196	15.4328	15.9453	14.2646	12.7732	11.0817	11.6850	15.8604	14.4256	16.1020	16.1027	14.0634	17.1160	14.2633
14	11.7319	9.1636	16.1313	15.1841	12.9852	11.1691	8.7618	10.9592	16.9470	14.1949	17.6709	14.0594	13.3117	20.0487	13.7371
15	11.4755	8.6061	17.1729	14.8266	13.0782	10.7395	9.0810	10.7709	14.4461	11.6928	16.3387	15.2594	12.9667	17.1160	13.1122
16	10.4223	9.7850	15.0986	15.2842	14.9600	12.7755	9.9307	11.1528	16.6121	14.0931	16.0432	17.0021	14.3090	17.3963	13.9189
17	12.5362	9.3817	15.3115	13.5381	14.2390	11.8278	10.6408	12.9352	17.3137	12.4231	14.3883	16.8680	13.8634	17.7002	13.7834
18	9.6489	8.9168	14.2010	13.6959	13.4475	11.3458	9.3442	11.0280	17.4552	15.4760	14.8127	16.6672	11.5645	16.9580	13.1830
19	13.0760	9.2132	11.7288	13.2317	12.3888	10.3656	12.0407	11.8897	16.0140	13.4760	15.4753	16.3757	12.7151	17.6905	13.2629
20	11.4679	10.7573	15.6769	14.8045	13.0572	10.6046	11.2077	12.6404	16.6923	15.5152	18.3577	16.8857	13.1183	17.2279	14.1438
MEDIA	12.3524	10.3609	15.4658	14.6938	13.8670	12.4142	10.6700	12.5388	16.8724	13.7006	16.8601	17.0412	13.9199	18.4522	14.2292