

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

“ANTONIO NARRO”

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA



**EVALUACIÓN DE HÍBRIDOS DE MAÍZ FORMADOS A PARTIR
DE DOS GRUPOS GERMOPLÁSMICOS CONTRASTANTES**

Por:

ANA LUISA MORÁN MARTÍNEZ

T E S I S

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

Ingeniero Agrónomo en Producción

**Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
Marzo de 2010.**

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

“ANTONIO NARRO”

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

**EVALUACIÓN DE HÍBRIDOS DE MAÍZ FORMADOS A PARTIR
DE DOS GRUPOS GERMOPLÁSMICOS CONTRASTANTES**

TESIS

Por:

ANA LUISA MORÁN MARTÍNEZ

Que somete a la consideración de H. Jurado examinador como
requisito para obtener el título de

Ingeniero Agrónomo en Producción

Aprobada por:




M.C. Daniel Sámano Garduño

Asesor principal



Dr. Humberto de León Castillo


Sinodal



Dr. Alfredo de la Rosa Loera

Dr. Alfredo de la Rosa Loera

Sinodal



Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo

Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo

Sinodal



Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo
Coordinador de la División de Agronomía

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
Marzo de 2010.



AGRADECIMIENTOS

A mi Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, por abrirme las puertas de la sabiduría y albergar en sus aulas el conocimiento.

Al **MC. Daniel Sámano Garduño** por su amistad y gran apoyo en la realización de esta investigación.

Al **Dr. Humberto de León** por todo su apoyo brindado en la elaboración de este trabajo.

Al **Dr. Alfredo de la Rosa Loera** por emplear tiempo y aportar conocimientos a esta investigación, también por la amistad y confianza.

Al **Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo** por enseñarme que lo más importante de la vida es ser humilde, encontrando en él aun buen amigo.

Al **Dr. Julio Antonio Méndez Berlanga (†)** Un agradecimiento especial aun maestro y amigo que vio en mí las cualidades que ni yo misma conocía, dejando una huella imborrable en mi memoria.

A la **MC. Beatriz Eugenia Treviño Cueto** por los momentos agradables que pase, la disposición total de tiempo en el apoyo constante y desinteresado que me brindó.

Al **Ing. Raúl Gándara Huitrón** por hacer todos los labores de campo y contribuir de manera directa en esta investigación.

A la Lic. **Sandra Roxana López Betancourt** por ayudarme en el acomodo final de este trabajo de investigación.

Al **Ing. Deisy Adaly Hernández Martínez** por ser una gran fortaleza para mí y que el tiempo nos convirtió en grandes amigas

Al **Ing. Zaira Hiliana Esparza** por ser mi amiga, aportando conocimientos en mi paso por la universidad y siempre tener una sonrisa en su cara.

Al Ing. **Olga Lilia Hernández**, Por ayudarme este trabajo y ofrecerme su amistad.

Al Ing. **Cirilo Cahuare** gracias por el apoyo brindado en esta investigación.

DEDICATORIAS

El mayor agradecimiento es para Dios, por permitirme vida y por darme a mis mayores ejemplos, mis padres:

María Luisa Martínez y **Leonardo Morán Flores**

Para agradecerles todo lo que han hecho por mí no bastaría con escribir un libro, sus consejos me han llevado a ser quien soy, gracias por su amor, amistad que ha sido mi más grande apoyo en la vida, gracias por confiar en mí, y darme todo cuanto he ocupado. Y lo mejor es por regalarme una hermosa familia. Nunca acabare de pagarles.

“Los amo porque nunca me cortaron las alas para volar”

A mis hermanos: *Mayra, Zaida (Quiquis), Joel y Xochitl* gracias por estar conmigo siempre y cuidarme, por haberme regalo un abrazo que me ha durado todo el tiempo que he estado lejos de ustedes, han sido mis modelos y el prototipo de persona que quiero ser.

A mis sobrinos, *Isis, Jesús y Anna* que tienen en sus ojos la ternura y una luz que ilumina mi camino.

A mis cuñados *Francisco y Alberto* por estar siempre preocupados por mi bienestar.

A mis amigos incondicionales que me han acompañado en toda mi vida, han sido participes de mis alegrías y tristezas, *Fabián Rojas, Nicolás Eguiarte y Martín Rodríguez*

A mis amigos de generación *Hugo Camarena, Juan Carlos Olivares, Ramsés Padilla, Jorge Camarena y Francisco Barragán* con quienes compartí risas, sueños y aspiraciones.

A mis amigos que el destino hizo que los conociera, que compartiera mis años de estudiante, viviendo con ellos, pasando grandes aventuras inolvidables, muchísimos consejos y claro una valiosa amistad que no separará el mismo destino, *Monse Alvarado, René Colomo y Dany Cortés.*

ÍNDICE DE CONTENIDO

ÍNDICE DE CUADROS	vii
ÍNDICE DE FIGURAS	vii
I. INTRODUCCIÓN	1
1.1 Objetivos.....	3
1.2 Hipótesis.....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA	5
2.1 Hibridación.....	5
2.2 Híbridos simples.....	5
2.3 Selección de híbridos.....	6
2.4 Patrón heterótico.....	6
2.5 Índices de selección.....	7
2.6 Línea por probador.....	9
2.7 Modelos AMMI, SREG, gráficos GGE biplots para la exploración genotipo ambiente.....	10
III. MATERIALES Y MÉTODOS	13
3.1 Material genético.....	13
3.2 Descripción de los ambientes de evaluación y parcela experimental...	15
3.4 Labores de cultivo.....	15
3.5 Variables agronómicas evaluadas.....	16
3.6 Análisis de covarianza.....	19
3.7 Índice de selección.....	20
3.8 Análisis de regresión de IGA.....	25
3.9 Criterios de selección.....	26
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	27
V. CONCLUSIÓN	28

VI. RESUMEN.....	38
VII LITERATURA CITADA.....	40
VIII APÉNDICE.....	43

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 3.1. Genealogía de las líneas utilizadas como progenitores de los híbridos simples.....	14
Cuadro 3.2. Descripción de los ambientes de evaluación y parcela experimental.....	15
Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de los híbridos experimentales y testigos en base a los índices de selección en las tres localidades, evaluados en el ciclo primavera-verano 2008.....	27
Cuadro A1. Genealogía de 99 los híbridos considerados en esta investigación.....	44
Cuadro A2. Metas e intensidades utilizadas durante la selección para valores fenotípicos.....	46
Cuadro A3. Metas e intensidades utilizadas en la selección de ACG para probadores.....	47
Cuadro A4. Metas e intensidades en la selección de ACG para líneas.....	48

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 4.1 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para experimentos y testigos; CP1 y CP2= Componente 1 y Componente 2 respetivamente; A1= Tlahuelilpan, Hgo; A2= Celaya, Gto; A3= El Prado, NL; P= probador virtual.....	31
Figura 4.2 Proyección de la 4.1 donde se aprecia el probador virtual, los experimentos y testigos, más estables a través de ambientes de evaluación.....	32
Figura 4.3 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para los probadores. CP1 y CP2= primero y segundo cuadrante principal, A1: Tlahuelilpan, Hgo., A2: Celaya, Gto., El Prado, N L; Probador= Probador virtual.....	34
Figura 4.4 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para las líneas de híbridos simples. CP1 y CP2= primero y segundo componente respectivamente, A1: Tlahuelilpan, Hgo; A2: Celaya, Gto; A3: El Prado, NL.....	36

I. INTRODUCCIÓN

México es uno de los países más importantes en el consumo de maíz, con una gran tradición en el cultivo y fuerte arraigo en su consumo, por constituir la base de la alimentación de la población.

Los rendimientos de maíz se han incrementado y aunque la productividad es influenciada por muchos factores, no hay duda que los híbridos y variedades mejoradas han jugado un papel muy importante, siendo el objetivo primordial de los programas de mejoramiento, la generación de nuevos y mejores híbridos convencidos de los méritos de la heterosis, la uniformidad y los beneficios económicos de la producción de semillas.

Para el fitomejorador es de gran importancia tener conocimiento de la relaciones genéticas entre los materiales (*Betrán et al., 2003; Nestares et al., 1999*) esto con el objetivo de desarrollar nuevas líneas y asignarlas a grupos heteróticos correspondientes y así dar origen a nuevos y mejores híbridos (*Pinto et al., 2003*). Por éstas y otras razones los fitomejoradores tienen un gran interés en la caracterización de la diversidad genética entre y dentro de los grupos heteróticos existentes, por lo que es de suma importancia contar con información de los efectos de aptitud combinatoria (AC) para la selección eficiente de los mejores progenitores que darán origen a híbridos superiores.

Sin embargo, el proceso de selección no es sencillo ya que en muchos de los casos, se considera solo una variable y se descuidan otras de importancia; en otros casos, se consideran varios caracteres, que arrojan

mucha información y no se sabe qué hacer con ella. Ambas situaciones pueden originar sesgos en la selección.

Otro aspecto que se debe tomar en cuenta al momento de seleccionar a los mejores híbridos o líneas es la interacción genotipo-ambiente (IGA) ya que modelando dicha interacción se podrá establecer que los genotipos presentan una estabilidad general y específica o pueden ser inestables. Considerando también este otro factor se aumentará el avance de un programa de mejoramiento.

Ante esta situación se han generado estrategias estadísticas que facilitan y aumentan la eficiencia en el proceso de selección tal es el caso de Índice de selección (IS) el cual integra de forma numérica distintas variables cuantitativas según diferentes metas e intensidades estandarizados en función del promedio y la desviación estándar del grupo total. (Barreto, 1991)

Para modelar la IGA se ha hecho uso de los modelos lineales-bilineales los cuales permiten en forma general el comportamiento de los ambientes y de los genotipos en cada ambiente.

Considerando todo lo anterior, dentro del programa de mejoramiento genético de maíz para la región del bajo mexicano del Instituto Mexicano del Maíz (IMM) "Dr. Mario E. Castro Gil" de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) se ha identificado en forma preliminar un buen patrón heterótico formado por material enano y normal.

Por lo que la finalidad de este trabajo de investigación es valorar el comportamiento agronómico de 87 híbridos simples formados entre estos dos grupos heteróticos y comparar sus atributos con híbridos comerciales utilizando para la selección herramientas como IS y el modelo SREG, buscando cumplir con los siguientes:

OBJETIVOS

1. Conocer la relación heterótica que existe entre la población de maíz enano cruzada con la población de maíz normal a través de híbridos simples.
2. Identificar líneas de ambas poblaciones que tengan un excelente potencial genético medido a través de Aptitud combinatoria general (ACG).
3. Identificar al menos un híbrido simple con buenas características agronómicas, que presente estabilidad y que sea superior a los testigos, siendo prospecto a liberación comercial.

HIPÓTESIS

- Debido a que las dos poblaciones bajo estudio presentan al menos una característica contrastante (altura de planta) existirá una buena relación heterótica reflejada en el excelente comportamiento agronómico de los híbridos simples.
- Se espera que al menos uno de los híbridos simples experimentales supere al mejor de los testigos, en relación a varios caracteres agronómicos, así como una mejor estabilidad.

- Las dos poblaciones bajo estudio presentan una amplia variabilidad genética ocasionando que las líneas derivadas de cada una ellas, presenten diferencias en su ACG.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Hibridación

De León et al. (2005) manifiestan la superioridad que tiene la descendencia con respecto a los progenitores, llamado también como “vigor híbrido” este determinado valor solo puede ser expresado mediante mejoramiento dirigido, es planeado desde la elección del germoplasma apropiado para la producción de híbridos superiores maximizando así la respuesta a la heterosis.

Chávez (1995) menciona que un híbrido es la primera generación (F_1) de una cruce entre líneas autofecundadas; entre una línea por cruce simple o la cruce entre dos híbridos simples.

Híbridos simples

Un híbrido simple es el que se obtiene cruzando dos líneas puras. El híbrido simple generalmente es cultivado en zonas de alta demanda ya que su producción es más cara que un híbrido doble y triple, además es más difícil de producir. (**Ramírez, 2006**)

Morfin (1990) señala que los híbridos simples y dobles tienen una gran repuesta para obtener buenos rendimientos y que además tiene un amplio rango de adaptación y en su trabajo utilizó materiales simples tropicales bajo condiciones de temporal y concluye que los materiales utilizados fueron superiores en rendimiento al testigo.

Selección de híbridos

Con relación a la selección de líneas progenitoras de híbridos comerciales, es necesario identificar aquellas sobresalientes con base en sus efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE), su comportamiento *per se*, adaptación y producción de semilla (**González et al., 1990; Vasal et al., 1994; Vasal y Córdova 1996; Espinosa et al., 1998; Ramírez et al., 1998**).

Sierra et al. (1992) mencionan que en la formación de híbridos, deberá considerarse tres aspectos: a) Adaptabilidad de los híbridos para su uso comercial; b) Adaptabilidad y rendimiento de líneas progenitoras y; c) Tecnología de producción mediante la cual expresen al máximo su potencial genético como grano para el caso de los híbridos, y como semilla para el caso de líneas o cruza progenitoras, de manera que por un lado se explote el efecto heterótico definido por la divergencia genética y por otro lado la factibilidad real de uso al poder contar con semilla suficiente. La evaluación de líneas permite seleccionar aquellas con buen rendimiento *per se* adicional a la selección para ACG y ACE.

Patrón heterótico

El término patrón heterótico se refiere a un par específico de grupos heteróticos que al ser cruzados muestran una alta heterosis facilitando el desarrollo de híbridos potenciales (**Melchinger y Gumber, 1998**)

Los patrones heteróticos se utilizan para facilitar el uso de la heterósis y predecir el comportamiento de los híbridos, permitiendo asignar mejor los recursos y encontrar esfuerzos en combinaciones híbridas con mayor probabilidad de resultar prometedoras (**Ordás, 1991**).

Índices de selección

Celis et al. (1986) establece que en el rendimiento aunque no siempre se obtiene el éxito deseado, se han tenido avances significativos en esta variable, se desatienden otras de importancia agronómica. La selección puede ser más efectiva si se consideran simultáneamente otras particularidades.

Castañón et al. (2000) argumenta que fue **Smith (1936)** quién estableció las bases para la selección de plantas mediante el uso de índices de selección. A las cuales llamaron funciones discriminantes, éstas consisten en representar el valor de una planta como una función lineal de sus caracteres.

Barreto et al. (1991) desarrollo un software para realizar selección en la evaluación de genotipos en base a varias características simultáneamente es una de las mejores opciones. Dicho programa fue desarrollado en el CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo) el cual produce un parámetro que denomina índice, este integra de forma numérica distintas variables cuantitativas según diferentes metas e intensidades estandarizados en función del promedio y la desviación estándar del grupo total.

Finney (1962) menciona que un índice de selección es una función lineal del valor genético de dos o más características.

El IS puede resultar una opción muy eficiente dentro del mejoramiento, agilizando la selección (**Bänziger y Lafitte, 1997**), ya que es un criterio para

medir el mérito neto del mejoramiento de las unidades de selección **Hazel (1943)**. También a la selección mediante índices la llamó combinación lineal de los caracteres (**Henderson, 1963**).

Henning y Teuber (1996) mencionan que existen diversas maneras de seleccionar, cuando nos interesa más de una característica:

- **Selección en tándem:** cuando se selecciona primero para una característica y cuando logramos el nivel deseado para ese atributo iniciamos la selección para la segunda característica de interés. El problema que enfrentamos es que al seleccionar para la segunda característica dejamos de aplicar una presión de selección para la primera y generalmente perdemos gran parte de la respuesta obtenida.
- **Selección independiente:** cuando se selecciona paralelamente para todas las características deseadas, escogiendo como progenitores a los individuos que superen los umbrales que se han determinado previamente para cada característica. El problema de este tipo de selección es que generalmente existen muy pocos individuos que sean "superiores" para todas las características.
- **Índice de selección:** mediante este tipo de selección se pondera cada característica (su valor fenotípico estandarizado) por su valor económico relativo. Los valores obtenidos para cada característica son sumados y se obtiene un número que es el índice de Selección y seleccionamos los individuos que arrojaron los valores mayores para este índice. El índice de selección aquí descrito es el más simple pudiendo incluirse en la fórmula la heredabilidad de las características y las correlaciones genéticas entre ellas.

Línea por probador

Vasal et al. (1994) mencionan que los probadores son utilizados generalmente para cuantificar la aptitud combinatoria general (ACG), también indica que los probadores tienen un amplio uso dentro de un programa de mejoramiento.

Existen varios métodos para estimar la aptitud combinatoria general y específica (ACG y ACE respectivamente); entre las más utilizadas es el método de dialélicos propuestos por **Griffing (1956)** teniendo un inconveniente cuando el número de líneas es grande. **Gutiérrez et al. (2002)** menciona que el acomodo de este método fue la estrategia de línea por probador

Interacción

Tomando en cuenta que las respuestas genotípicas en los distintos ambientes son multivariadas, más que univariadas (**Lin et al., 1986**) serán las técnicas multivariantes las que permitan describir e interpretar los efectos de la interacción genotipo-ambiente (**Gauch Junior y Furnas, 1991**).

Thomson y Cunningham (1979). Establecen que cuando se evalúan un alto número de genotipos y ambientes (a nivel regional ó continental), las técnicas multivariantes y de ordenación pueden ser utilizadas para establecer la naturaleza de la interacción, al poner de manifiesto las asociaciones existentes entre genotipos y ambientes y por la caracterización que realizan de los ambientes

En la selección de los mejores híbridos, la adaptabilidad de los genotipos es importante, ya que permite conocer la respuesta a los diferentes ambientes, definidos por: clima, suelo y manejo agronómico (**Sierra et al., 2005; Espinosa et al., 1998**).

El análisis factorial de correspondencias es una técnica de ordenación que establece las relaciones existentes entre variables en términos de su posición relativa respecto a dos ó más ejes de coordenadas. Su empleo en el estudio de la interacción genotipo-ambiente fue propuesto inicialmente **(Hill, 1974)**

Modelos AMMI, SREG, gráficos GGE biplots para la exploración genotipo ambiente.

El procedimiento AMMI (modelo de efectos principales aditivos y la interacción multiplicativa) consiste en combinar técnicas del análisis de varianza y el análisis de componentes principales (ACP) en un solo modelo. En donde con un análisis de varianza da la pauta a estudiar de los efectos principales de los genotipos y de los ambientes, en tanto a la interacción genotipo ambiente **(Zobel, 1988; Gauch, 1992).**

El modelo SREG (modelo regresión de sitios) fue propuesto para explorar la respuesta de los genotipos a ambientes específicos; aunque este modelo es muy similar al AMMI, cambia, en los efectos principales de los genotipos estos se mandan al residual para modelarlo de forma multivariada junto con la interacción **(Yan et al., 2000).**

De León et al., (2003) menciona que el modelo SREG tiene un merito exclusivo, es que permite agrupar ambientes con similar desempeño e identificar gráficamente cuál es el genotipo con mayor potencial dentro de cada subgrupo de ambientes. Es decir, agrupa genotipos o ambientes sin interacción cruzada.

Yan et al., (2000) plantearon utilizar los efectos combinados de genotipos (G) y de interacción genotipo ambiente (IGA) en la evaluación del rendimiento en cultivares de trigo, obteniéndose los gráficos denominados “GGE biplot” que

facilitan la identificación visual de los genotipos y los ambientes de evaluación. Generalmente, los gráficos “GGE biplot” se confeccionan utilizando los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2).

(Gabriel, 1971) menciona que un biplot es una representación gráfica de datos multivariantes. De la misma manera que un diagrama de dispersión muestra la distribución conjunta de dos variables, un BILOT representa tres o más variables. **(Gabriel y Odoroff, 1990)**.

Yan et al. (2002) mencionan que el componente 1 (CP1) se encuentra altamente correlacionado con el efecto principal de genotipo, representa la proporción del rendimiento que se debe solo a las características del genotipo. El segundo componente, (CP2), representa la parte del rendimiento debida a la interacción genotipo ambiente.

En lo que respecta a los ambientes, **Yan et al. (2000)** establecen, cuando el ángulo formado entre los vectores de dos ambientes es igual o mayor a 90° estos ambientes tienden a ordenar de diferente manera a los genotipos y si el ángulo es menor de 90° dichos ambientes tienden a ordenar de manera semejante a los genotipos por lo que con solo un ambiente sería suficiente para la evaluación y si el ángulo es cercano a 180° indica que la correlación es negativa y que los sitios discriminan a los genotipos en forma diferente y esto se denomina interacción cruzada.

Estos mismos autores consideran que en general la longitud de los vectores de los ambientes se considera que los que están más retirados discriminan mejor a los genotipos; los cercanos al origen de la gráfica son los menos sensitivos o los que más se parecen al promedio.

Yan et al. (2000) al utilizar la técnica del GGE y Biplots, determinó que los genotipos con altos valores de CP1 tienden a tener elevados valores de rendimiento y los genotipos con valores cercanos a cero de CP2, se pueden considerar como los más estables. De igual manera, los ambientes con valores altos de CP1 y valores cercanos a cero de CP2, posibilitarían la identificación de tales genotipos.

Una de las ventajas de utilizar la metodología de GGE Biplot, es que nos permite trazar una línea entre los marcadores de los genotipos más alejados del punto de origen (0,0) formando un polígono de forma tal que contenga a los marcadores de los genotipos restantes. El polígono puede ser luego dividido en diferentes sectores trazando líneas perpendiculares a sus lados hasta el punto de origen del gráfico. De esta forma, el genotipo ubicado en el vértice de cada sector es el que representa el mejor comportamiento productivo en los sitios de ese sector particular. De esta forma, también es posible la identificación en forma gráfica de grupos de ambientes que son capaces de discriminar esos genotipos superiores. (**Yan et al., 2000; Yan et al., 2001; Yan, 2002; Yan y Kang, 2002 y Yan y Tinker, 2005**).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

El material genético utilizado en esta investigación lo constituyeron 99 híbridos, 87 híbridos experimentales de cruce simple y 12 testigos, de los cuales ocho son los mejores cruces del programa (TE) todos formados en el Instituto Mexicano del Maíz (IMM) “Dr. Mario Castro Gil”; y cuatro son híbridos comerciales (TC) cuya genealogía se concentro en Cuadro A1 del apéndice.

Para la formación de híbridos simples experimentales se utilizaron 28 líneas enanas que fueron apareadas con 39 líneas normales, cuya genealogía de estas líneas se concentró en el Cuadro 3.1.

Cuadro 3.1 Genealogía de las líneas utilizadas como progenitores de los híbridos simples.

Líneas enanas		Líneas normales	
(NE)MLS4-1-1-2	1	232-10-11R4-N-2	29
(PEEC1)-35-5-1	2	232-10-11R4-N-3	30
232-10-11-1-A-A	3	232-10-11RC4-N-13-1-2	31
LBCPC4S4	4	255-18-19N-14-1-A-4-2-A	32
LBCPC4S4-1	5	CAFIME-176-2-2-2-1	33
LBCPC4S4-2	6	CAFIME-176-3-2-2-2	34
LBCPC4S4-3	7	CL02181-1	35
LBCPC4S4-4	8	CLQ-66-04	36
PE-112-7-A-A-1-1	9	CLQ-66-04-1	37
PE-112-7-A-A-2-2	10	CLRCY-005	38
PE-112-7-A-A-3-1	11	CML-11	39
PE-114-3-A-A-1-1	12	CML-146-1	40
PE-114-3-A-A-1-2	13	CML-150	41
PE-114-3-A-A-2-2	14	CML-150-1	42
PE-114-3-A-A-2-3	15	CML-312	43
PE-114-3-A-A-2-4	16	CML-312-1	44
PE-114-3-A-A-3-6	17	CML-312-2	45
PE-114-3-A-A-4-3	18	CML-312-3	46
PE-114-3-A-A-5-2	19	CML-312-4	47
PE-114-3-A-A-5-6	20	CML-318	48
PE-115-3-1	21	CML-452-1	49
PE-115-3-1-1	22	CML-482	50
PE-115-3-1-10	23	CML-482-2	51
PE-115-3-1-11	24	CSS89YQ04	52
PE-115-3-1-12	25	E-174	53
PE-115-3-1-5	26	E-195	54
PE-115-3-1-6	27	E-197	55
PE-115-3-4-A-5	28	E-90	56
		E-94	57
		MH-2-2-4	58
		MLN	59
		PN-305-2-A-1-2	60
		PN-305-2-A-1-4	61
		PN-308-2	62
		PN-311-2-A-3-2	63
		V524	64
		V524-4119HC-218-3	65
		V524-4119HC-43-3-2-2	66
		V524-4119HC-43-3-2-4	67

Los cruzamientos se realizaron en Tepalcingo, Morelos durante el ciclo Otoño – Invierno del 2008. En donde se buscó que una línea de población enana se cruzara con al menos tres líneas de la población normal, sin embargo debido a la no coincidencia entre el germoplasma involucrado, se generaron diferentes numero de cruzamientos, los99 híbridos fueron evaluados en las

localidades de Tlahuelilpan, Hidalgo; Celaya, Guanajuato y El Prado, N.L. durante el ciclo de Primavera – Verano del 2008. Las principales características de las localidades se muestran en el Cuadro 3.2.

Cuadro 3.2 Descripción de los ambientes de evaluación y parcela experimental.

Localidad	Latitud Norte	Longitud Oeste	Altura (msnm)	Temperatura Media anual °C	Precipitación Pluvial (mm)
Tlahuelilpan, Hgo.	20° 08'	99° 14'	2040	18	675
Celaya, Gto.	20°32'	100°49'	1754	21	597
El Prado, NL	24°12'	100°05'	1890	18	300

INEGI, 2000

La siembra se realizó mediante un diseño de bloques incompletos con arreglo de alfa-latice con dos repeticiones por localidad, la parcela experimental fue de un surco de 5 m de longitud, a una distancia entre surcos de 0.75 m en Celaya, Gto y Tlahuelilpan, Hgo, para la localidad de El Prado N.L, fue de 0.92 m.

La siembra en Celaya, Gto se realizó en dos fechas con diferencia de 10 días, 18 y 28 de Mayo, respectivamente. En el Prado, N.L. se sembró el 23 de Mayo, en Tlahuelilpan, Hgo. fue el 31 de Mayo del 2008.

Labores de cultivo

Fertilización

La dosis de fertilización que se efectuó durante el ciclo vegetativo fue de 120-60-60, donde se aplicó el 50% del nitrógeno y el 100% del fosforo y potasio al momento de la siembra y el resto del nitrógeno se aplicó al realizar en la primera escarda.

Riegos

En las tres localidades se realizó un riego después de la siembra para asegurar la germinación y emergencia de los materiales, después los riegos fueron variables dependiendo de las condiciones climáticas que cada localidad presentó.

Control de malezas

Se realizaron aplicaciones con herbicidas pre-emergentes a la siembra como el Primagram Gold (cuyo ingrediente activo es S-Metalaclor + Atrazina) y post-emergentes, también se realizaron escardas mecánicas para la eliminación malezas que impedirán el buen desarrollo del cultivo, para evitar así, que sean hospederos de plagas.

Cosecha

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

Variables agronómicas evaluadas

Floración femenina (FF). Número de días transcurridos desde la fecha de siembra hasta cuando el 50 % de las plantas por parcela experimental presentaron jilotes con estigmas receptivos.

Floración masculina (FM). Número de días transcurridos desde la fecha de siembra hasta cuando el 50 % de las plantas por parcela experimental presentaron las anteras dehiscentes

Sincronía floral (SF): Diferencia expresada en días transcurridos entre la floración masculina con la floración femenina.

Altura de planta (AP). Distancia en centímetros comprendida desde el nivel del surco hasta la inserción de la hoja bandera. Se midió una planta representativa por parcela experimental.

Altura de mazorca (AM). Distancia en centímetros comprendida desde el nivel del surco hasta el nudo donde se inserta la mazorca principal. Se midió una planta representativa por parcela experimental.

Relación mazorca-planta (RMP). Relación que existe entre la altura de planta y mazorca, expresado en por ciento $RMP: \left(\frac{AP}{AM} \right) \times 100$

Mala cobertura (MC). Aquellas mazorcas que no se encuentran cubiertas totalmente por el totomoxtle (brácteas) en relación con el total de las mazorcas cosechadas en cada parcela experimental, expresado en por ciento.

Acame de tallo (AT). Número de plantas acamadas por parcela, considerando todas aquellas que presentan quebraduras en cualquier punto del tallo debajo de la mazorca, expresado en por ciento.

Acame de raíz (AR). Número de plantas que presentan un ángulo de inclinación de 30° con respecto a la vertical, expresado en por ciento.

Plantas con *fusarium spp* (PF). Por ciento de plantas que fueron susceptibles o dañadas totalmente en cada parcela experimental por este hongo.

Calificación de mazorcas (CM). Se refiere al valor asignado a la mazorca en base a su apariencia visual, conjuntando daños causados por insectos, enfermedades, tamaño, uniformidad. La escala asignada fue de uno a cinco; uno, muy bueno y cinco, muy mala.

Calificación de planta (CP): Calificación visual de las plantas por parcela útil, considerando el porte, sanidad y uniformidad. La escala va de 1 a 5, donde 1 es muy bueno y 5 es muy mala.

Prolificidad. (PROL). Número de mazorcas cosechadas entre número de plantas cosechadas por parcela expresada en por ciento.

Se estima mediante la siguiente fórmula:

$$\text{Prolificidad} = \frac{\text{No.deMazorcas}}{\text{No.dePlantas}} \times 100$$

Peso de campo (PC). Es el peso total de mazorcas por parcela experimental con la humedad existente al momento en que se realiza la cosecha. Su valor se expresa en kilogramos (Kg.).

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

Rendimiento (REND). Para estimar el rendimiento de mazorca en toneladas por hectárea al 15.5 % de humedad de todos los tratamientos, se multiplicó el peso seco (PS) por el factor de conversión (FC), cuyas formulas son las siguientes:

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

Donde:

%H = Por ciento de humedad. PC = Peso de campo.

$$FC = \frac{10000m^2}{APU \times 0.845 \times 1000}$$

Donde:

FC = Factor de conversión para expresar el rendimiento en toneladas por hectárea de mazorca al 15.5 por ciento de humedad. 10,000 m² = Valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m². APU = Área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre plantas por el número correcto de plantas por parcela útil. 0.845 = Constante para obtener el rendimiento al 15.5 por ciento de humedad. 1000 = Coeficiente para obtener el rendimiento en ton ha⁻¹.

Análisis de covarianza

Se realizó un análisis de covarianza por cada localidad con sus respectivas repeticiones, por que el número de plantas cosechadas fue variable entre parcelas, repercutiendo en la expresión del rendimiento, una vez comprobando que la covariable presentó significancia mediante la prueba de F,

donde $P \leq 0.05$ y $P \leq 0.01$, se procedió a realizar el ajuste de rendimiento con la siguiente fórmula:

$$\hat{Y}_{ij} = Y_i - \beta_i(X - \mu)$$

Donde:

Y_{ij} = es el rendimiento ajustado por covarianza; Y_i = rendimiento observado; β_i = coeficiente de regresión estimado; X = número de plantas cosechas y μ = media de plantas cosechadas en el experimento.

Índice de selección

La identificación y selección de los genotipos más sobresalientes considerando varias características agronómicas deseables, puede ser complicado cuando se tienen más de dos variables, como es el caso de esta investigación, donde se consideraron ocho caracteres agronómicas como fueron: relación mazorca planta (RMP), calificación de mazorca (CM), días a floración masculina (FM), sincronía floral (SF), acame de raíz (AR), plantas con *fusarium* (PF), mala cobertura (MC) y rendimiento (RTO). Por lo que es necesario hacer uso de los índices de selección para reunir todas estas en un solo valor que es el índice.

En este trabajo se utilizó el índice de selección descrito por **Barreto et al. (1991)**, por repetición a través de la siguiente fórmula.

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

Donde:

IS = Índice de selección; $Z_{i..n}$ = variable en unidades Z; $M_{i..n}$ = meta de selección $I_{i..n}$ = intensidad de selección

Las variables que fueron incluidas en la selección se encontraban con valores en unidades distintas (toneladas, centímetros, días, porcentajes, etc.), por lo que fue necesario estandarizar cada uno de ellos y de esta forma, las características pudieran combinarse mediante la fórmula siguiente:

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

Donde:

Z = valor estandarizado; y_j = valor observado para la entrada j ; \bar{y} = promedio de todas las entradas; s = desviación estándar del grupo de entradas.

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.

La **intensidad de selección** es el grado de importancia que se le asignan a cada una de las variables a utilizar en la selección y toma valores de 1 a 10. Este valor es diferente para cada una de las variables, según el criterio del investigador. El valor de intensidad más pequeño (1) es asignado a la variable de menor interés y el valor más alto (10) representa la variable de mayor importancia.

Para este trabajo el criterio que se tomó para asignar el valor de la meta de selección a cada una de las variables fue buscando que solamente se considerara al 10% superior del total.

La estimación del índice de selección se realizó por repetición siendo la intensidad de selección la única constante a través de las repeticiones. Las metas e intensidades que se utilizaron para cada repetición de cada localidad y para cada variable se presentan en el Cuadro A.2.

El valor estandarizado de cada una de las variables entre más cerca se encuentre a la meta deseada más pequeño será el valor del IS y más cerca se encontrará el genotipo de los criterios deseados, y sin embargo, entre más grande sea el valor de IS más alejado se encuentra del genotipo con los criterios establecidos. El genotipo que obtenga el valor de IS más pequeño es considerado como superior, ya que reúne la mayoría de los caracteres requeridos en la selección.

En esta investigación se utilizó la metodología por repetición, utilizando diferentes metas e intensidades para cada repetición en las tres localidades, para aquellas variables que se encuentran correlacionadas mostrando valores mayores de 0.6 fueron eliminadas, en esta investigación las variables que mostraron correlación fueron AM, AT, FF, para las tres localidades, la variable PF (Plantas con Fusarium) fue eliminada en la localidad tres (El Prado NL), ya que no se presentó dicha enfermedad y la variable PROL. Fue eliminada debido a que no nos interesa si una planta tiene dos o tres mazorcas si su rendimiento es bajo.

Es importante mencionar que de las 14 variables que se consideraron al principio, solo ocho fueron utilizadas para el índice de selección ya que algunas estaban correlacionadas.

Análisis de varianza

Una vez realizado el índice de selección (IS), se procedió a efectuar un análisis de varianza general combinado a través de localidades bajo un diseño de bloques al azar, para determinar las diferencias estadísticas de los híbridos, localidades y su interacción. Empleando el siguiente modelo estadístico:

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

Donde:

Y_{ijk} = valor del IS de la i -ésima localidad de la j -ésima repetición del k -ésimo genotipo; μ = media general; L_i = efecto de la i -ésima localidad; $R_{j(i)}$ = efecto de la j -ésima repetición dentro de la i -ésima localidad; T_k = efecto del k -ésimo genotipo; $TL_{k(i)}$ = efecto del k -ésimo tratamiento por la i -ésima localidad; ε_{ijk} = efecto del error.

La estimación de efectos genéticos de los híbridos experimentales, se analizó bajo el modelo de línea por probador, siguiendo la estrategia propuesta por **Sing y Chaudhary (1985)** ya que permitió establecer la partición de línea por probador, línea, probador, con el objeto de estimar la aptitud combinatoria general (ACG).

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

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

La estimación de efectos genéticos de ACG en el experimento, se realizo mediante una fórmula descrita por **Singh y Chaudhary (1985)**:

Estimación de efectos de ACG para líneas:

$$L_i = \frac{X_i \dots}{pra} - \frac{X \dots}{lpra}$$

Estimación de efectos de ACG para probadores:

$$P_j = \frac{X.j \dots}{Ira} - \frac{X \dots}{Ipra}$$

Donde: L_i = aptitud combinatorio general de líneas; P_j = aptitud combinatoria general de probadores; p = número de probadores; r = repeticiones; a = número de ambientes; $X_i \dots$ = sumatoria de la i -ésima línea; $X.j \dots$ = sumatoria del j -ésimo y $X \dots$ = sumatoria total.

Análisis de interacción genotipo-ambiente (IGA)

Debido que la fuente de variación híbridos por localidad fue significativa, hubo la necesidad de modelar la IGA, que se realizó con el modelo de regresión en sitios (SREG) que es una extensión del modelo AMMI, dicho modelo fue utilizado con la finalidad de conocer la respuesta de cada genotipo, de los ambientes de evaluación y la interacción genotipo ambiente. El modelo utilizado fue el siguiente:

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

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

Este modelo, aunado con el GGE biplots permiten la identificación gráfica de aquellos genotipos que presenten mayor potencial y estabilidad entre los ambientes donde son evaluados. En general por la longitud de los vectores de los ambientes se considera que los que están más retirados discriminan mejor a los genotipos; los cercanos al origen de la gráfica son los menos sensitivos o los que más se parecen al promedio.

Para lograr una buena selección del genotipo, se calculó el promedio de los eigenvalores (DIM1 Y DIM2) para obtener las coordenadas del ambiente virtual (P), con esta nueva coordenada y considerando el origen de la grafica se

traza una línea que ocasiona la rotación de los ejes, aquellos genotipos que se encuentran más cerca del probador virtual son los más estables.

Criterio de selección

Obteniéndose el índice de selección se espera obtener los mejores genotipos de acuerdo al valor más cercano a 0 ya que es el que más se acerca a lo esperado y además se encuentra más cercano al ambiente virtual, pero otro punto importante que debe de ser considerado en la etapa final del mejoramiento genético de plantas es la interacción genotipo ambiente (IGA), para que se realizó la selección de aquel genotipo que sea estable entre los diferentes ambientes donde fue evaluado, presentando un amplio rango de adaptación.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Dentro de esta investigación se plantearon objetivos que tienen que cumplirse y así mismo comprobarse la hipótesis establecida, por lo que en este capítulo se discutirá el análisis de varianza combinado a través de localidades para la variable índice de selección de 99 híbridos evaluados en tres ambientes diferentes. Cuyos resultados fueron concentrados en el Cuadro 4.1.

Cuadro 4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de los híbridos experimentales y testigos en base a los índices de selección en las tres localidades, evaluados en el ciclo primavera-verano 2008

FV	GL	SC	CM	
Localidades (L)	2	296.84	148.42	**
Bloques/ L	3	96.66	32.22	*
Híbridos (H)	98	3207.28	32.72	**
Experimentales (E)	86	2864.29	33.30	**
Testigos (T)	11	336.40	30.58	**
E vs. T	1	6.58	6.58	
H x L	196	2177.63	11.11	**
E x L	172	1935.65	11.25	**
T x L	22	174.36	7.92	
EE	294	1453.85	4.94	
C.V	20.01			
Media gral.	11.11			
Media exp.	11.15			
Media test.	10.85			

*y** significancia al 0.05 y 0.01 de probabilidad; FV = fuentes de variación; GL = grados de libertad; SC= suma de cuadrados; CM = cuadrados medios.

En este Cuadro se aprecia que la fuente de variación localidades mostró diferencias significativas ($P \leq 0.01$) infiriendo que las condiciones edáficas, climáticas y el manejo agronómico, fueron discrepantes de una localidad a otra. Estos resultados son deseables ya que permiten tener un conocimiento más profundo de los genotipos, aumentando la eficiencia en la selección.

La fuente de variación bloques dentro de localidades presentó diferencias ($P \leq 0.05$), esto indica que existen diferencias entre los bloques por lo que se considera que el diseño fue eficiente al lograr minimizar el efecto del error.

La fuente de variación híbridos presentó diferencias significativas ($P \leq 0.01$) en esta fuente de variación la cual incluye tanto híbridos experimentales como testigos y estos últimos pueden contribuir más a la variación ya que son híbridos de una compañía trasnacional así como del propio instituto que están a la venta por su alto grado de estabilidad y buenas condiciones agronómicas, otra causa de variabilidad es que los testigos experimentales son cruza simples, triples y dobles, así mismo se presentó la propia diferencia entre híbridos experimentales causada por la heterogeneidad de los materiales; la variabilidad genética es importante para un programa de mejoramiento ya que se podrá seleccionar a los mejores individuos que cumplan las expectativas del fitomejorador.

Esta fuente se particionó en tres componentes que fueron experimentales, testigos, así como la comparación entre ellos medio a través de un contraste ortogonal.

Esta partición reflejo que los experimentales contribuyeron mayormente a la variación de los híbridos (89 %), seguidos de la variación encontrada en los testigos (10 %) teniendo muy poca participación la diferencia entre estos dos grupos de híbridos.

Las diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) detectadas en los híbridos experimentales, reflejan que al menos una de las poblaciones involucradas en esta investigación, presenta una amplia variación genética, lo que permitirá seleccionar a los mejores individuos.

En cuanto a los testigos, que también presentaron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) se puede establecer que aun y cuando pertenecen a una misma empresa tienen atributos disímiles, que puede ser explicado por estar en el mercado con un distinto nombre.

Para tener una estimación efectiva de la relación heterótica existente en el cruzamiento de los individuos de la población enana con los de la población normal, hubiera sido necesario hacer cruzamientos entre individuos dentro de cada población y hacer comparaciones entre ellas. Sin embargo, en este trabajo no fue posible realizar lo anterior por lo que se tuvieron que utilizar a los testigos como punto de comparación de la relación heterótica, debido a que estos últimos son híbridos comerciales e híbridos experimentales que a través del tiempo han mostrado superioridad por lo que son factibles de comparación.

Esta comparación se realizó a través de un contraste ortogonal entre, experimentales vs testigos (Cuadro 4.1) que al no presentar diferencias significativas, es un indicativo del buen comportamiento de los híbridos

experimentales, por lo que se puede establecer que estas dos poblaciones (enano y normal) presentan una buena relación heterótica.

Con este resultado se puede establecer que los grupos germoplasmicos son opuestos, pudieron formar un patrón heterótico, que puede ser explotada a través de un programa de relación recíproca recurrente. **Sámano (2007)** menciona que entre más divergentes sean las expresiones de un carácter en los progenitores, se espera una mayor expresión en el carácter del híbrido, debido a que la base genética fundamental de la heterosis es la heterocigosis en los genes de herencia cuantitativa y en algunos casos cualitativa.

La fuente de variación híbrido por localidad presentó diferencias estadísticas significativas ($P \leq 0.01$) lo que indica que estos materiales se comportan de manera desigual a través de ambientes, es decir, no mantienen los mismo de orden relativo, lo que refleja la falta de estabilidad de los genotipos.

Este resultado fue generado por los híbridos experimentales ya que fueron los únicos que tuvieron una interacción significativa con el ambiente. Como era de esperarse, los testigos fueron los únicos que presentaron estabilidad.

Ante esta situación la selección de los mejores híbridos no puede realizarse de una manera directa considerando solamente la media, en estos casos, donde la IGA es importante, es necesario hacer uso de modelos lineales-bilineales específicos tal es el caso del modelo SREG.

En la Figura 4.1 se presenta el grafico biplot de los 99 híbridos bajo prueba, donde se puede observar el comportamiento con las localidades, el de los genotipos, permitiendo identificar al más estable.

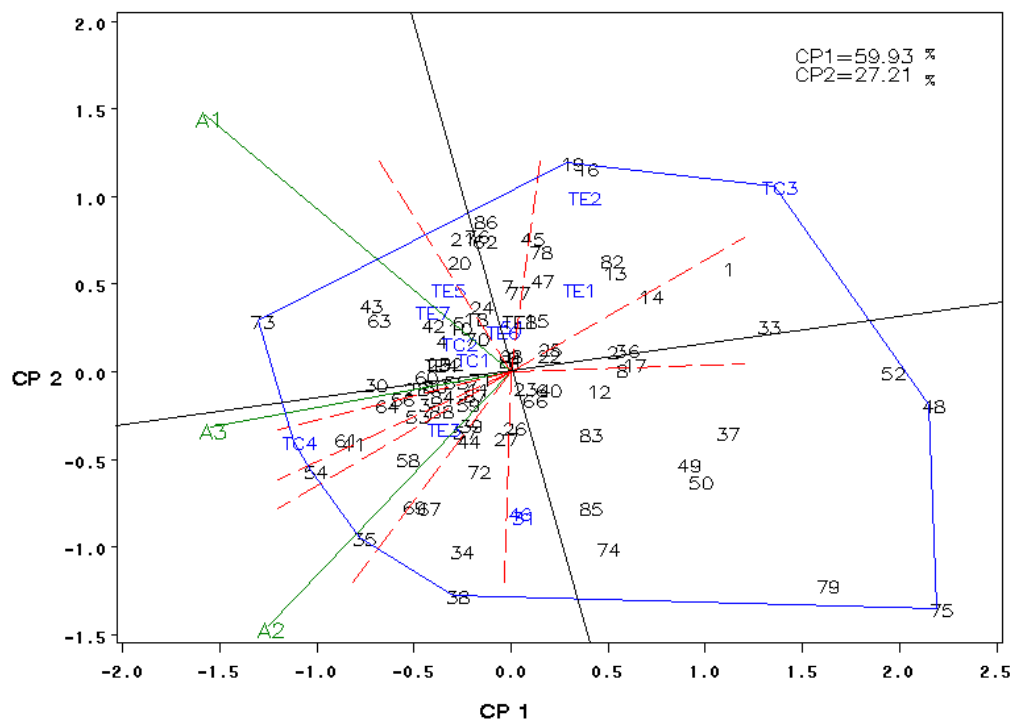


Figura 4.1 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para experimentos y testigos; CP1 y CP2= Componente 1 y Componente 2 respectivamente; A1= Tlahuelilpan, Hgo; A2= Celaya, Gto; A3= El Prado, NL; P= probador virtual.

El análisis de regresión de los sitios (SREG), permitió realizar una exploración más detallada del comportamiento de los híbridos a través de ambientes. La Figura 4.1 corresponde al grafico biplot GGE para la interpretación de los genotipos de los híbridos y testigos evaluados.

Este grafico muestra que los ambientes pertenecen a un mega ambiente ya que los ángulos que se forman entre ellos no son mayores de 90°.

El ambiente A1 y A2 correspondientes a Tlahuelilpan, Hgo. y Celaya, Gto. son los que presenta un mayor poder discriminatorio al poseer el vector más largo, caso contrario presentó el A3 que corresponde al Prado, N.L. siendo su vector más reducido.

Para que se observe mejor el comportamiento de los materiales, mostrados en la Figura 4.1, se hace una expansión de la Figura 4.2

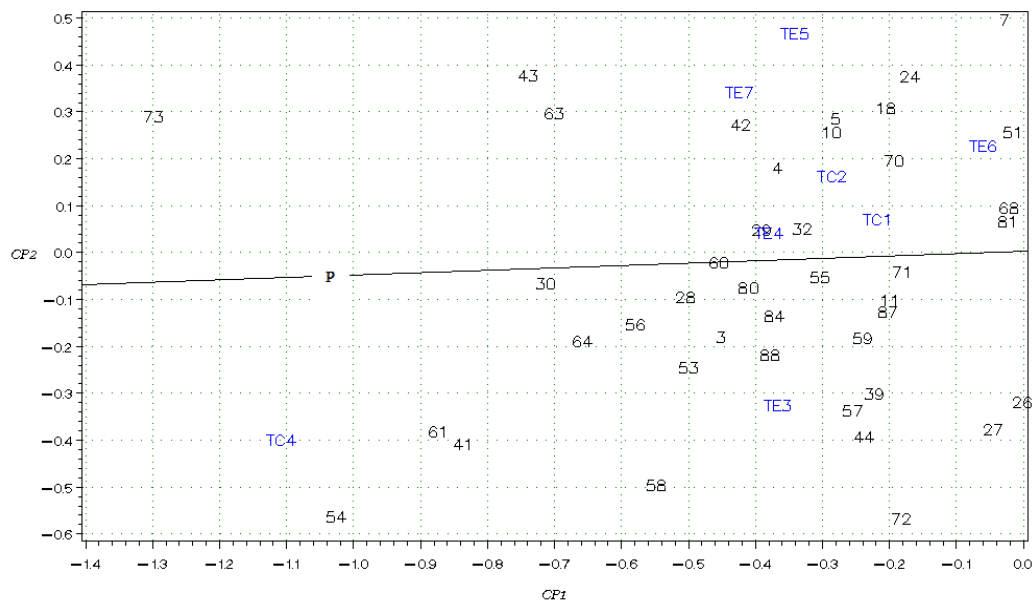


Figura 4.2 Proyección de la 4.1 donde se aprecia el probador virtual, los experimentos y testigos, más estables a través de ambientes de evaluación.

La Figura 4.2 permite visualizar que 39 híbridos experimentales, que representan el 45% del total tuvieron un comportamiento agronómico similar, y en algunos casos superiores a la mayoría de los materiales utilizados como testigos. Este comportamiento refleja que los híbridos formados entre el cruzamiento de líneas enanas con líneas normales, presentan un

comportamiento agronómico aceptable, reflejando la existencia de una relación heterótica.

En forma específica en esta misma Figura se encontró que los híbridos que presentaron los valores más bajo de índices de selección (IS), fueron el 73, TC4, 54, 61 y 41 la genealogía se observa en Cuadro A1, los cuales los podemos identificar como híbridos con mejor potencial y genotipos deseables por la baja interacción con el ambiente y sus cambios, sin embargo no muestran una buena estabilidad.

El material con un mejor índice y muy superior fue 73, por presentar un valor de índice de selección más cercano a cero, los progenitores de este genotipo son (PE-114-3-A-A-1-2) x (CML-312-4).

Mientras tanto; el genotipo más estable a través de localidades fue el genotipo 30, con un índice de selección ubicado en el número siete, los progenitores de este híbrido fueron (255-18-19N-14-1-A-4-2-A) x ((NE) MLS4-1-1-2), este genotipo puede ser clasificado como un híbrido excelente o idóneo. Este híbrido pertenece a programa de mejoramiento del IMM.

Debido a que ambas poblaciones presentaron una amplia variación genética es necesario seleccionar dentro de cada una de ellas, las líneas que presenten las mejores características y la mejor aptitud combinatoria general, este valor se estimó para cada variable integrándose todas después a un índice de selección. Para eficientizar la selección de estas líneas la estimación de ACG y la construcción del índice de selección se realizó por localidad para modelar la interacción genotipo ambiente por graficas biplot.

En la Figura 4.3 se integro el biplot de la ACG para las líneas de poblaciones, normales. En este grafico se puede observar que con respecto a los vectores de los ambientes A1 y A3 se encuentran dentro de un mismo sector, dentro de este sector se encuentra la mayoría de los probadores están asociadas a estos dos ambientes. El vector de mas grande longitud A1, este presentó una mejor capacidad para discriminar probadores.

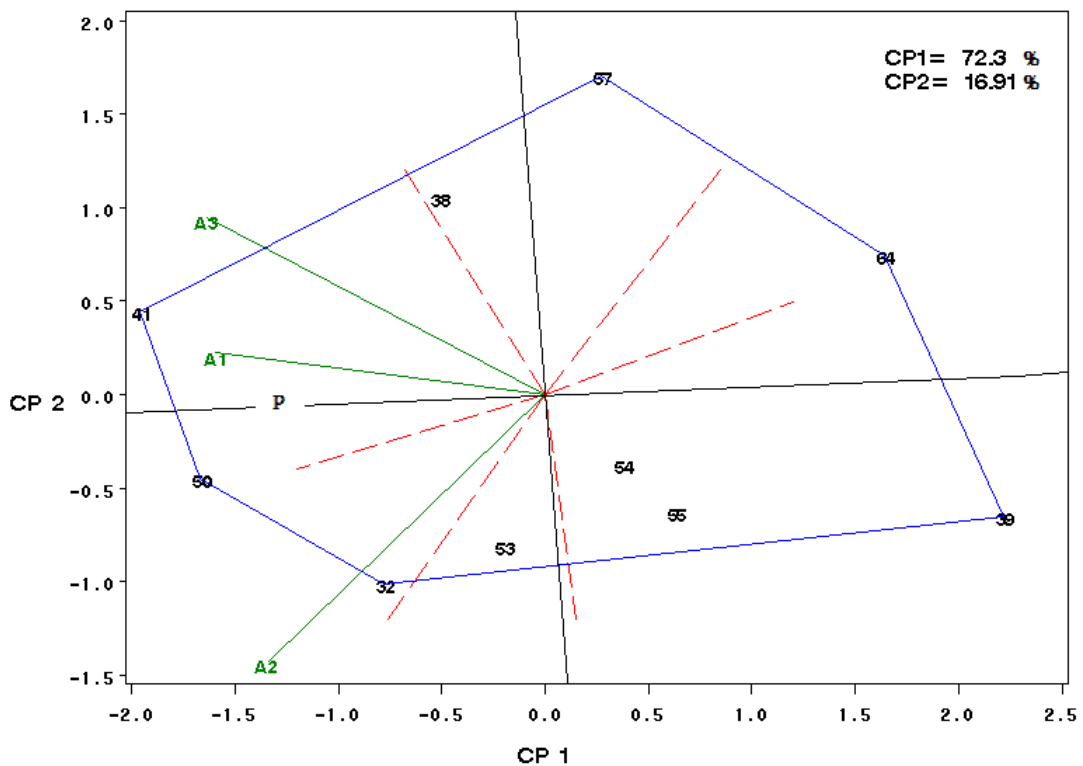


Figura 4.3 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para los probadores. CP1 y CP2= primero y segundo cuadrante principal, A1: Tlahuelilpan, Hgo., A2: Celaya, Gto., El Prado, N L; Probador= Probador virtual

Los probadores que tuvieron un índice de selección menor fueron: 41, 50, 32 con genealogía (CML-150), (CML-482), (255-18-19N-14-1-A-4-2-A) respectivamente, estos probadores cuentan con un excelente atributo de ACG para la mayoría de las variables de evaluación.

El mejor probador para el ambiente A3 que pertenece al Prado N.L y para el A1 perteneciente a Tlahuelilpan, Hgo es el 41, el probador 60 es ideal para el ambiente A1 y A2, mientras que el probador 32 es solo es bueno para el ambiente A2.

El probador que presentó mayor estabilidad es el 60, por estar mas cercano al probador virtual (P). El ambiente que discrimina mejor es el A2, por tener un vector más largo

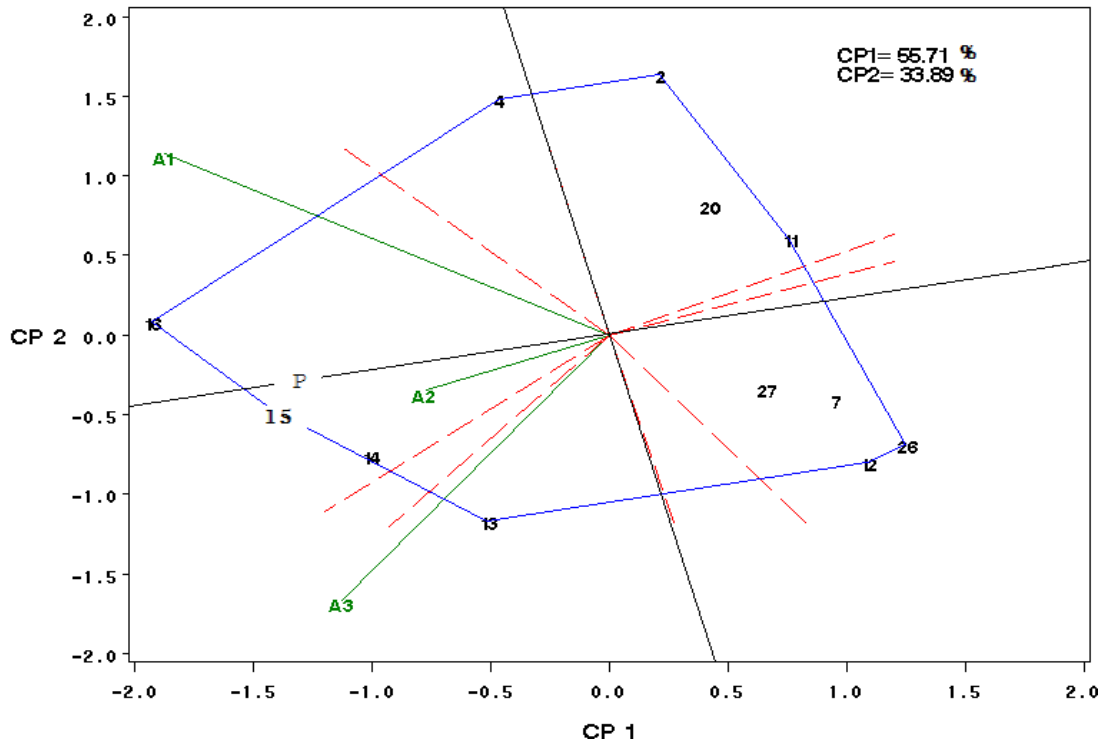


Figura 4.4 Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS para las líneas de híbridos simples. CP1 y CP2= primero y segundo componente respectivamente, A1: Tlahuelilpan, Hgo; A2: Celaya, Gto; A3: El prado, NL.

Dentro de la interpretación de los gráficos biplot GGE, aplicando el índice de selección de líneas, las más superiores fueron la 16, 15 y la 14 (PE-114-3-A-A-2-4), (PE-114-3-A-A-2-3), (PE-114-3-A-A-2-2) que representaron un valor menor del índice a través de las localidades, estas líneas cuentan con un excelente atributo de ACG para la mayoría para las variables de evaluación.

El ambiente más discriminativo fue el A1 ya que tiene el vector más largo, siendo de la localidad Tlahuelilpan, Hgo. La línea idónea para el A1 y A2 es 16 para A2 es el 15, para A2 y A3 es 14 y solo el que presenta buen IS para el A3 es la línea 13.

V. CONCLUSIONES

De acuerdo con los objetivos planteados al principio de esta investigación se concluye lo siguiente:

El cruzamiento entre líneas de la población enana y líneas de la población normal presentó una excelente relación heterótica reflejada en el buen comportamiento agronómico de los híbridos en comparación con los testigos.

Ambas poblaciones presentaron una amplia variabilidad genética seleccionando las líneas 16, 15 y 14 con la de mejor atributo genético para la población enana. Mientras que para la población normal las mejores líneas fueron la 41, 50, 32.

De los híbridos simples evaluados el del mejor atributos agronómicos fue el 73, pero es algo inestable y el híbrido 30 que se encontró entre los mejores 6 pero presenta una buena estabilidad.

VI. RESUMEN

México es uno de los países más importantes en el consumo de maíz, con una gran tradición en el cultivo y fuerte arraigo en su consumo, por constituir la base de la alimentación de la población. Los rendimientos de maíz se han incrementado y aunque la productividad es influenciada por muchos factores, el uso de híbridos superiores son de mayor trascendencia, dicho factor ayuda al incremento de la producción. El objetivo de esta trabajo de investigación fue estimar la relación heterótica que existe en el cruzamiento entre líneas de una población de maíz enano y líneas de una población normal e identificar, aquellas con buen potencial genético, buscando encontrar al menos un híbrido con buenas características agronómicas y estable, superior a los testigos. El material genético consistió en 99 híbridos, 87 experimentales y 12 testigos, evaluados en tres localidades, Tlahuelilpan, Hgo, Celaya, Gto y El Prado, NL. Se consideraron ocho variables agronómicas que fueron integradas en un índice de selección. Se realizó un análisis de varianza combinado a través de localidades, también se realizó un análisis bajo el diseño de líneas por probador para estimar la ACG para líneas y probadores para las 8 variables, integrándose después en un índice de selección. La IGA de híbridos, ACG de líneas y de probadores se explicó bajo el modelo SREG auxiliado de gráficos biplot GGE. Los resultados del análisis de varianza indicaron que las fuente de variación localidades, repeticiones dentro de localidades, híbridos e híbridos por localidad presentaron diferencias significativas, teniendo una mayor aportación a la variación total la fuente híbridos (44%), en donde los experimentales fue la causa principal de esta variación (89%) seguida de los testigos (10%) la comparación de estos híbridos no fue significativa. El grafico biplot arrojó que 16 híbridos experimentales fueron superiores a la mayoría de los testigos y solamente el híbrido 73 fue superior al mejor testigo que fue el TC4, pero ambos

inestables. Por otro lado el híbrido 30 que se encuentra dentro de los mejores seis híbridos fue el que presentó la mejor estabilidad. El diseño de línea por probador se utilizaron 28 líneas enanas que fueron apareadas con 39 líneas normales, en ambos casos se estimó la ACG para cada una de las variables para después integrar estos estimados en un índice de selección. El biplot SREG identificó para la población enana fueron la 16, 15 y la 14 y en la población normal fueron 41, 50, 32.

Palabras clave: Grupos germoplásmicos complementarios, Índice de selección, Aptitud combinatoria general.

VII. LITERATURA CITADA

- Barrios A., A.; Turrent F., A.; Cortés F., J. I.; Ortiz S., C. A.; Gómez M., N. O. y Martínez G., A. 2004** Interacción genotipos x prácticas de manejo en híbridos de maíz: Efectos sobre el diseño de recomendaciones. Rev. Fitotec. Mex.
- Betran, F. J., J. M. Ribaut, D. Beck and D. Gonzalez de León. 2003.** Genetic diversity, specific combining ability and heterosis in tropical maize under stress and non-stress environments. Crop Science 43:797-806.
- Castañón G., Cruz R., Del Pino R., Panzo E., Montiel M y Filobello L. 2000.** Selección de líneas de maíz por resistencia a sequia. Agronomía Mesoamericana 200 p-164
- Chávez A., J. L. 1993** Mejoramiento de Plantas 1. Editorial Trillas. Segunda edición, México D. F. pp.: 73-74
- De León, C. H., F. Rincón, S., M. H. Reyes, V., D. Sámano, G., G. Martínez, Z., R. Cavazos, C. y J.D Figueroa. C. 2005.** Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. Rev. Fitotec. Mex. 26(004):279-284
- De León. C. H., Espinoza V. J., Sámano G.D., y De la Rosa L. A.,** Análisis del comportamiento genético de dos grupos germoplásmicos complementarios de maíz (UAAAN) (En línea): <http://www.uaaan.mx/DirInv/Rdos2003/maiz/analgen.pdf>

- De León. C. H., Espinoza V. J., Sámano G.D., y De la Rosa L. A., (2003)**
Análisis de los patrones de respuesta de grupos germoplásmicos y ambientes por biplots. (UAAAN) (En línea) <http://www.uaaan.mx>
- Gauch, H. G. 1992.** Statistical analysis of regional yield trials: AMMI Analysis of Factorial Designs. Elsevier Science Publishers. USA. 278 p.
- Espinoza C. A., A. Turrent. 2000.** QPM: Maíz de calidad proteica. Énfasis. Alimentos. Tecnología. Empaque. México 1:6 – 13
- Gutiérrez Del R. E., A Palomo G., A. Espinoza B., A., J. J. Solano G. Y O. Antuna., Grijalva., 2004.** Aptitud combinatoria de híbridos de maíz para la comarca lagunera, Rev. Fitotec. Mex. Vol. 27: 7 – 11.
- Hallauer, A. R. 2000.** Quantitative genetics and breeding methods. *In*: A. Gallais (ed). Biometrics in Plant Breeding. Eucarpia. Paris. pp. 127-138.
- Hazel, L. N. 1943.** The genetic basis for constructing selection index. Genetics 28: 476- 490.
- Morfin V. A. 1990.** Cruzas simples tropicales de maíz bajo condiciones de temporal. Resumen del XIII Congreso Nacional de Fitogenética. Pág. 354.
- Nestares, G. E., E. Frutos and G. Eyherabide. 1999.** Combining ability evaluation in orange flint lines of maize. Pesquisa Agropecuaria Brasileira 34:1 399-1 406.
- Peña D. A. 2008.** Identificación de germoplasma con atributos para desarrollar híbridos de maíz, Tesis de Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento UAAAN, Saltillo, Coahuila, México.

- Pinto, R. de M. C., C. L. de Souza Jr., L.A. Carlini-Garcia, A. A. F. García and A. Pereira de Souza. 2003.** Comparison between molecular markers and diallel crosses in the assignment of maize lines to heterotic groups. *Maydica* 48:63-73.
- Ramírez, L. 2006.** Mejora de plantas alogamás. Universidad pública de Navarra. Depto., de Producción Agraria. P. 1-33
- Sámano, G. D. 2007** Caracterización genética de dos grupos germoplasmicos de maíz y comportamiento agronómico del patrón heterótico. Tesis de Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento. UAAAN, Saltillo, Coahuila, México.
- Singh R.K. and B.D. Chaudhary. 1985.** Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis. Kaylani Publishers. New Delthi, Ludhiana. Pp. 205-213.
- Sierra, M., M.; A. Palafox, C., A.; Espinoza, C., F. Caballero, H., F.; Rodríguez, M., S.; Barrón F., R. Valdivia, B. 2005.** Adaptabilidad de híbridos triples de maíz y de sus progenitores para la región del sureste de México. *Agronomía Mesoamericana* 16 (1) 13-18.
- Vasal S., K; Vergara A., N. y Mc Lean, S. 1994.** Estrategias en el desarrollo de híbridos tropicales de maíz. *Agronomía Mesoamericana* 5 (2): 184–189.
- Yan, W.; L. A. Hunt; Q. Sheng and Z. Szlavnic. 2000.** Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40 (3): 597-605.
- Yan, W. and M.S. Kang. 2002.** GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press, Boca Raton, Fl., USA.
- Zobel R.W., M.J Wright H.G. Gauch. 1988.** Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388-393.

VII APÉNDICE

Cuadro A1. Genealogía de 99 los híbridos considerados en esta investigación.

Clave	Híbrido experimental	Clave	Híbrido experimental
1	E-90 x PE-114-3-A-A-5-6	51	CML-11 x PE-114-3-A-A-2-4
2	E-90 x LBCPC4S4	52	CML-11 x PE-115-3-1-6
3	E-94 x LBCPC4S4	53	CML-146-1 x PE-112-7-A-A-1-1
4	E-174 x PE-114-3-A-A-5-6	54	CML-150 x PE-112-7-A-A-3-1
5	E-174 x PE-115-3-4-A-5	55	CML-150 x PE-114-3-A-A-2-2
6	E-195 x (PEEC1)-35-5-1	56	CML-150 x PE-114-3-A-A-2-4
7	E-195 x PE-114-3-A-A-5-6	57	CML-150 x PE-114-3-A-A-5-2
8	E-195 x PE-115-3-1-5	58	CML-150 x PE-115-3-1-6
9	E-195 x LBCPC4S4	59	CML-150-1 x PE-115-3-1-6
10	E-197 x (PEEC1)-35-5-1	60	CML-312 x PE-115-3-1-6
11	E-197 x PE-114-3-A-A-1-1	61	CML-312-1 x PE-114-3-A-A-1-2
12	E-197 x PE-115-3-1-12	62	CML-312-2 x PE-114-3-A-A-2-4
13	E-197 x LBCPC4S4	63	CML-312-3 x LBCPC4S4
14	E-197 x LBCPC4S4	64	CML-318 x PE-114-3-A-A-2-2
15	E-197 x LBCPC4S4-1	66	CML-452-1 x PE-114-3-A-A-1-2
16	232-10-11-1-A-A x E-94	67	CML-482 x PE-112-7-A-A-3-1
17	PE-112-7-A-A-2-2 x E-94	68	CML-482 x PE-114-3-A-A-1-2
18	PE-114-3-A-A-1-1 x E-94	69	CML-482 x PE-114-3-A-A-2-3
19	PE-114-3-A-A-3-6 x E-94	70	CML-482 x PE-114-3-A-A-2-4
20	PE-114-3-A-A-4-3 x E-94	71	CML-482 x PE-114-3-A-A-5-2
21	PE-115-3-1 x E-197	72	CML-482-2 x PE-114-3-A-A-1-2
22	PE-115-3-1-1 x E-197	73	PE-114-3-A-A-1-2 x CML-312-4
23	LBCPC4S4-3 x E-174	74	LBCPC4S4-3 x CLQ-66-04-1
24	LBCPC4S4-3 x E-195	75	LBCPC4S4-3 x CML-11
25	LBCPC4S4-3 x E-197	76	V524-4119HC-43-3-2-2 x LBCPC4S4
26	LBCPC4S4-3 x E-174	77	V524-4119HC-43-3-2-4 x LBCPC4S4
27	LBCPC4S4-4 x E-174	78	V524 x PE-112-7-A-A-3-1
28	MH-2-2-4 x (PEEC1)-35-5-1	79	V524 x PE-115-3-1-10
29	MLN x PE-115-3-1-5	80	LBCPC4S4-2 x V524-4119HC-43-3-2-2
30	255-18-19N-14-1-A-4-2-A x (NE) MLS4-1-1-2	81	LBCPC4S4-3 x V524-4119HC-43-3-2-4
31	255-18-19N-14-1-A-4-2-A x PE-114-3-A-A-1-1	82	LBCPC4S4-3 x V524-4119HC-218-3
32	255-18-19N-14-1-A-4-2-A x PE-114-3-A-A-5-6	83	LBCPC4S4-3 x V524
33	255-18-19N-14-1-A-4-2-A x PE-115-3-1-11	84	CAFIME-176-2-2-2-1 x PE-114-3-A-A-2-4

34 255-18-19N-14-1-A-4-2-A x PE-115-3-1-5
 35 255-18-19N-14-1-A-4-2-A x LBCPC4S4
 36 232-10-11R4-N-2 x LBCPC4S4
 37 232-10-11R4-N-3 x LBCPC4S4
 38 232-10-11RC4-N-13-1-2 x PE-114-3-A-A-2-3
 39 LBCPC4S4-3 x CAFIME-176-3-2-2-2
 40 CL02181-1 x PE-114-3-A-A-1-2
 41 CL S89YQ04 x PE-114-3-A-A-2-4
 42 CLQ-66-04 x PE-114-3-A-A-2-3
 43 CLQ-66-04 x PE-115-3-1-6
 44 CLQ-66-04-1 x PE-114-3-A-A-1-2
 45 CLRCY-005 x PE-114-3-A-A-1-2
 46 CLRCY-005 x PE-114-3-A-A-2-4
 47 CLRCY-005 x PE-115-3-1-6
 48 CML-11 x PE-112-7-A-A-1-1
 49 CML-11 x PE-112-7-A-A-3-1
 50 CML-11 x PE-114-3-A-A-2-3

85 PN-305-2-A-1-2 x PE-112-7-A-A-3-1
 86 PN-305-2-A-1-4 x PE-115-3-1-5
 87 PN-308-2 x PE-114-3-A-A-2-2
 88 PN-311-2-A-3-2 x PE-114-3-A-A-2-3

Testigos

TE1 CML-318-1 x CAFIME-176-2-2-1-2
 TE2 43-46 x 351-296
 TE3 (43-46x351-296) x MLS4-1
 TE4 (255-18-19-60xMLS4-1) x (351-296-1-6x43-46-2-3-2)
 TE5 (255-18-19-60xPE-115-3-1) x (351-296-1-6x43-46-2-3-2)
 TE6 (MLS4-1xLBCPC4S4) x (351-296-1-6x43-46-2-3-2)
 TE7 (MLS4-1x232-10-11-1-A-A) x (351-296-1-6x43-46-2-3-2)
 TE8 (MLS4-1xPE-115-3) x (351-296-1-6x43-46-2-3-2)
 TC1 AN-452
 TC2 30 F 83
 TC3 32 D 06
 TC4 30 V 46

Cuadro A2. Metas e intensidades utilizadas durante la selección para valores fenotípicos

Variable	Intensidades L1, L2, L3	meta ajustada					
		L1r1	L1r2	L2r1	L2r2	L3r1	L3r2
calm	8	-1.63	-2.02	-1.01	-1.51	-1.44	-0.2
Fm	7	-1.47	-1.45	-1.40	-1.62	-1.21	-1.18
Sf	5	-1.12	-0.90	-1.31	-0.82	-0.7	-0.09
rmp	10	-0.47	-0.89	-1.24	-1.33	1.23	-1.22
Ar	8	-0.54	-0.74	-0.61	-0.90	-0.71	-0.44
mc	6	-1.04	-0.86	-0.62	-0.72	-0.84	-0.83
Pf	9	-1.19	-1.12	-1.15	-1.40	0	0
Rto	10	1.21	1.44	1.33	1.61	1.45	1.26

L1= localidad 1, L2= localidad 2, L3= localidad 3, L1r1= localidad 1 repetición 1, L1r2= localidad 1 repetición 2, L2r1= localidad 2 repetición 1, L2r2= localidad 2 repetición 2, L3r1= localidad 3 repetición 1, L3r2= localidad 3 repetición 2.

Cuadro A3. Metas e intensidades utilizadas en la selección de ACG para probadores

Variable	Intensidades L1, L2, L3	meta ajustada		
		L1	L2	L3
calm	8	-2.08	-0.94	-0.75
Fm	7	-0.57	-0.40	-0.47
Sf	5	-0.59	-2.38	-2.23
rmp	10	-0.73	-0.99	-0.90
Ar	8	-0.76	-0.45	-0.59
mc	6	-0.52	-0.76	-0.70
Pf	9	-0.56	-0.69	0
Rto	10	0.89	0.72	0.54

L1= localidad 1, L2= localidad 2, L3= localidad 3.

Cuadro A4. Metas e intensidades en la selección de ACG para líneas

Variable	Intensidades L1, L2, L3	meta ajustada		
		L1	L2	L3
calm	8	-0.75	-0.59	-0.90
Fm	7	-0.69	-0.78	-0.25
Sf	5	-1.28	-0.36	-1.07
rmp	10	-1.26	-0.94	-0.58
Ar	8	-0.88	-0.43	-0.47
mc	6	-0.47	-0.50	-0.64
Pf	9	-0.50	-0.44	0
Rto	10	1.45	1.51	1.91

L1= localidad 1, L2= localidad 2, L3= localidad 3.