

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA



**ESTABILIDAD DE RENDIMIENTO Y PRECOCIDAD PARA SELECCIÓN DE
HÍBRIDOS Y EFECTOS GENÉTICOS PARA ELEGIR LÍNEAS, EN MAÍZ**

Por:

ANA LUISA GÓMEZ ESPEJO

TESIS

Presentada como Requisito Parcial para

Obtener el Título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México

Mayo del 2011

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

**ESTABILIDAD DE RENDIMIENTO Y PRECOCIDAD PARA SELECCIÓN DE
HÍBRIDOS Y EFECTOS GENÉTICOS PARA ELEGIR LÍNEAS, EN MAÍZ**


TESIS POR:

ANA LUISA GÓMEZ ESPEJO


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

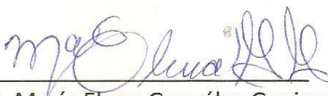
INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

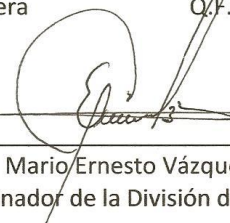
Aprobada por:


Dr. Humberto de León Castillo
Asesor principal


M.C. Daniel Sámano Garduño
Sinodal


Dr. Alfredo de la Rosa Loera
Sinodal


Q.F.B. María Elena González Guajardo
Sinodal


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



Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Mayo del 2011

AGRADECIMIENTOS

*A MI **DIOS** por haberme dado la sabiduría y el entendimiento para poder llegar al final de mi carrera, por acompañarme en todo momento de dificultad, por cuidar a mi familia en las horas de ausencia y en general por cada regalo de gracia que me has dado y que inmerecidamente he recibido.*

*A MI **ALMA MATER** por ser mi hogar durante estos últimos años, donde he crecido tanto personal y profesionalmente, a mis profesores, a todo el personal que labora en esta majestuosa institución y a mis compañeros “buitres” por enseñarme ese lazo de hermandad que nos une.*

Y en especial a mis asesores, aprovecho estas líneas para honrarlos y decirles que admiro su ejemplo de servicio y constancia:

*Al **Dr. Humberto de León Castillo** por su valiosa enseñanza al brindarme la oportunidad de recurrir a su capacidad y experiencia en un marco de confianza, afecto y amistad, fundamentales para la concreción de este trabajo.*

*Al **M. C. Daniel Samano Garduño** por la paciencia, apoyo, amistad y dedicación que me brindó al revisar cada capítulo del presente trabajo de tesis.*

*Al **Dr. Alfredo de la Rosa Loera** por ser mi amigo, maestro y consejero, gracias por estar conmigo de buenas o de malas, por los momentos compartidos y los regaños impartidos, por su participación en este trabajo de tesis.*

*A la **Q.F.B. María Elena González Guajardo** por su colaboración como jurado examinador en este trabajo de tesis.*

*A la empresa **PIONEER** por la confianza en mi depositada para el análisis de sus datos y la realización de este trabajo de tesis, además de brindarme una de las más invaluable experiencias durante mi estancia profesional, al personal que labora en esta, y por los amigos y amigas logrados...GRACIAS.*

*A todo el personal del **Instituto Mexicano del Maíz**: ING. Raúl Gándara, Sr. Jesús Zavala.*

A mis amigos de la Carrera Choco y Berna gracias por su amistad y momentos vividos.

A mi Ricardo, no tengo las palabras para decirte lo mucho que te quiero, gracias por apoyarme y creer en mí, por las horas de desvelo, por ser parte de mi presente y de mi futuro, por todos los momentos a tu lado, junto a ti me han pasado las cosas más increíbles... GRACIAS por amarme a pesar de como soy...

A la familia Bobadilla Saldivar por hacerme sentir parte de su familia en cada convivencia juntos, por la confianza y apoyo que me han dado.

Gracias a todos los que han representado parte importante en cada etapa de mi vida y que a pesar del tiempo recuerdo con gratitud...Nubia, Yesi, Petra...etc...

DEDICATORIA

A MIS PADRES:

Salomón Gómez Salazar e Isaela Espejo González

Mil gracias por el apoyo incondicional que me brindaron, por su comprensión y paciencia en momentos difíciles que tuvimos, por su cariño, gracias por ser mis padres, por ser como son, por no cortarme las alas y respetar siempre mis decisiones...porque nadie más que ustedes han representado mi estímulo para seguir adelante...porque cada logro hecho es en su honor...GRACIAS MIS VIEJITOS...

A mis hermanos y hermanas, sobrinos y sobrinas...recuerden que los quiero mucho y que a pesar de todo y la distancia también han representado parte importante de mi vida.

Y nuevamente a ti Ricardo por tu apoyo incondicional y por mostrarme la parte más hermosa del vivir, ser y sentir...por todos los sueños contruidos y los esfuerzos hechos en común para lograrlos.

Por último la dedico a todos aquellos que creyeron en mí y me consideraron una mujer inteligente y capaz de lograr los más inmensos esfuerzos para conseguir mis propósitos.

“Nuestra recompensa se encuentra en el esfuerzo y no en el resultado, un esfuerzo total es una victoria completa”.

Mahatma Gandhi

ÍNDICE DE CONTENIDO

ÍNDICE DE CUADROS.....	Página viii
ÍNDICE DE FIGURAS.....	ix
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivos.....	3
Hipótesis.....	4
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	5
2.1 Híbridos.....	5
2.2 Heterosis.....	6
2.3 Aptitud combinatoria.....	8
2.4 Diseño genético estadístico línea por probador.....	10
2.5 Interacción genotipo – ambiente.....	12
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	15
3.1 Material genético.....	15
3.2 Formación de cruzas de prueba.....	16
3.3 Descripción de las localidades.....	16
3.4 Descripción de la parcela experimental.....	17
3.5 Labores culturales.....	17
3.6 Variables agronómicas de interés.....	18
3.7 Manejo estadístico de los datos agronómicos.....	19
3.7.1 Análisis de varianza.....	19
3.7.2 Estudio de la interacción genotipo – ambiente.....	20

3.7.3 Estudio de la interacción entre progenitores mediante el gráfico biplot del modelo AMMI.....	21
3.7.4 Análisis de varianza línea por probador.....	22
3.8 Criterios de selección.....	24
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	25
4.1 Análisis de varianza	25
4.2 Selección de híbridos experimentales mediante el análisis de la interacción genotipo ambiente (IGA) para la variable de rendimiento empleando el modelo SREG y gráficos biplot.....	30
4.3 Análisis de varianza línea por probador.....	34
4.4 Clasificación de probadores en grupos por afinidad genética mediante el modelo de interacción multiplicativo y efectos principales aditivos (AMMI).....	36
4.5 Selección de progenitores considerando su aptitud combinatoria.....	38
4.6 Selección de progenitores mediante el análisis de regresión en los sitios (SREG).....	40
4.6.1 Probadores.....	40
4.6.2 Líneas.....	41
4.6.3 Interacción línea x probador.....	42
4.7 Concentración de datos con los mejores genotipos seleccionados según su rendimiento, precocidad y estabilidad.....	43
V. CONCLUSIONES.....	45
VI. RESUMEN.....	46
VII. LITERATURA CITADA.....	48
VIII. APÉNDICE.....	55

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 3.1	Claves de líneas y probadores como progenitores de híbridos experimentales.....	15
Cuadro 3.2	Localidades de evaluación y ubicación geográfica.....	16
Cuadro 3.3	Fechas de siembra de las localidades.....	17
Cuadro 4.1	Cuadros medios de los híbridos en base al análisis de varianza general a través de repeticiones, evaluado en 10 localidades del estado de Sinaloa durante el ciclo 2009-2010.....	26
Cuadro 4.2	Agrupación estadística de 10 localidades en base a la prueba de Tukey.....	26
Cuadro 4.3	Media general de rendimiento y humedad a través de 10 localidades de los mejores 30 híbridos evaluados durante el ciclo 2009-2010, en base a prueba de Tukey.....	29
Cuadro 4.4	Cuadros medios del análisis de varianza línea x probador para rendimiento y humedad de 150 híbridos, evaluados en 10 localidades del estado de Sinaloa durante el ciclo 2009-2010.....	34
Cuadro 4.5	Aptitud combinatoria general de líneas en base a rendimiento y cruza con probadores.....	38
Cuadro 4.6	Concentración de híbridos, probadores y líneas seleccionados.....	44
Cuadro A.1	Claves de híbridos experimentales y testigos comerciales empleados en la evaluación.....	56
Cuadro A.2	Agrupación estadística de 12 probadores en base a la prueba de Tukey.....	58
Cuadro A.3	Agrupación estadística de 12 líneas en base a la prueba de Tukey.....	58

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 4.1	Biplot GGE patrón de respuesta “cual-ganó-donde” para 144 híbridos experimentales y 6 testigos comerciales evaluados en 10 localidades.....	31
Figura 4.1A	Proyección cual-ganó-donde del Biplot GGE de la Figura 4.1.....	32
Figura 4.1B	Proyección de la Figura 4.1 donde se aprecia el ambiente virtual y los híbridos más estables.....	33
Figura 4.2	Biplot AMMI agrupamiento de líneas y probadores.....	37
Figura 4.3	Biplot GGE patrón de respuesta de probadores.....	40
Figura 4.4	Biplot GGE patrón de respuesta de líneas.....	42
Figura 4.5	Biplot GGE patrón de respuesta de la interacción línea x probador.....	43

I. INTRODUCCIÓN

Nativo de Mesoamérica, desde siempre, el cultivo del maíz en México ha suscitado un gran interés por sus múltiples usos y aplicaciones, ya que desde el punto de vista alimentario, económico y social, es el cultivo más importante del país, representando la base de la alimentación, nuestro folklore, cultura y tradición.

Para mantener dicha importancia, desde el aspecto económico el cultivo del maíz se debe tornar más redituable, por ello, es pertinente auxiliarse de diversas tecnologías que nos proporcionen un aumento en la producción sin tener la necesidad de aumentar los costos de producción a pesar de las adversidades climáticas.

La obtención de rendimientos superiores ha sido un tema de gran interés y una forma de lograr dichos objetivos es mediante las herramientas que ofrece el mejoramiento genético, el cual es realizado por diversas instituciones públicas y privadas, las cuales han empleado años de investigación y dinero en el desarrollo de híbridos adaptados a las necesidades actuales del país.

Las estrategias en un programa de desarrollo de híbridos, deben estar orientadas y evolucionar a través del tiempo para lograr objetivos a corto plazo, satisfaciendo la necesidad de identificar y liberar híbridos superiores. Es por ello que deben diseñarse y aplicarse procedimientos innovadores que permitan el desarrollo e identificación de genotipos que poseen características agronómicas deseables en cuanto a rendimiento, calidad, sanidad, resistencia a factores abióticos y bióticos que le permiten explotar al máximo su vigor híbrido, en un periodo de tiempo reducido mediante la disminución de las etapas de evaluación.

En el germoplasma base es esencial conocer la aptitud combinatoria, la diversidad genética y la heterosis, dichos parámetros genéticos pueden ser estimados mediante diseños de apareamiento, como los es el descrito por Singh y Chaudhary (1977) llamado Análisis Línea x Probador.

Este diseño permite la clasificación de las líneas y la formación e identificación de híbridos superiores mediante la utilización de varios probadores, ya que con estos es mucho más eficiente dirigir los cruzamientos de las líneas seleccionadas logrando así buenas combinaciones híbridas, pues permiten discriminar las líneas en base a su buena ACG y a las cruzas por su ACE, además de su comportamiento *per se* desde el punto de vista de su rendimiento, adaptación y producción de semilla.

En la actualidad, las técnicas utilizadas en el proceso de selección de híbridos son más efectivas pues están reforzadas con la exploración de la interacción genotipo – ambiente, pretendiendo con ello la elección de híbridos con buen comportamiento agronómico y alto grado de estabilidad, es decir que presenten comportamientos con menores variaciones entre distintos años las condiciones climáticas de cada sitio. Y una de las formas de medir la estabilidad es por medio de un análisis de regresión en los sitios (SREG).

La empresa Pioneer en México genera año con año una serie de cruzamientos entre líneas elite, buscando obtener una mayor productividad en sus combinaciones híbridas. El presente trabajo de investigación tuvo como meta la evaluación agronómica de germoplasma para el estado de Sinaloa, consistente de 144 híbridos simples, derivados de los cruzamientos de 12 líneas homocigóticas con 12 probadores, evaluando las combinaciones híbridas con respecto a su estabilidad y rendimiento, así como el comportamiento genético de los progenitores. Teniendo en mente cumplir con los siguientes:

OBJETIVOS

- Explorar la interacción línea x probador para identificar y seleccionar las mejores cruzas (híbridos) para la región de Sinaloa en base a su rendimiento, estabilidad y superioridad a testigos comerciales.
- Identificar aquellos probadores que permitan una buena expresión de las líneas en cuestión, así como aquellos que expresen una buena capacidad de combinación.
- Seleccionar líneas que tengan buen potencial genético medido a través de su aptitud combinatoria general y estabilidad, que puedan ser utilizadas como progenitoras de híbridos comerciales.
- Identificar el ambiente que muestre mayor poder discriminativo de los genotipos.

HIPÓTESIS

- Entre los híbridos a evaluar existen diferencias, pues al menos uno presentara superioridad en rendimiento y estabilidad con respecto a los demás.
- De los probadores al menos uno mostrara buena capacidad de discriminación con las líneas en prueba y de estas al menos una o dos tendrán buena aptitud combinatoria general.
- Entre las localidades al menos una mostrara mayor poder de discriminación de los híbridos en cuestión.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Híbridos

Fuentes *et al.* (2002) consideran a la hibridación en maíz como un método genotécnico que tiene como objetivo el aprovechamiento de la generación F_1 , proveniente del cruzamiento entre dos progenitores. Para Chávez (1995) además de la explotación del vigor híbrido, con la hibridación se forman genotipos específicos para determinados ambientes, se induce variabilidad y se seleccionan materiales que intervendrán como progenitores en las cruzas más adecuadas y deseables de acuerdo con las exigencias del consumidor.

El mejoramiento genético de maíz por hibridación fue iniciado por Shull en 1909, con la obtención de líneas endogámicas poco productivas, y la formación de híbridos simples de mayor rendimiento que la variedad original (Shull, 1952). En México esta práctica tiene sus inicios en 1937, logrando un mayor interés y continuidad hasta 1943 (López, 2003).

Muchos años de investigación han pasado en el desarrollo de híbridos e innumerables los avances que se han logrado con respecto a ello. Los enfoques y las metodologías de investigación utilizados en los programas de mejoramiento se han adecuado a través del tiempo y han permitido obtener ganancias en rendimiento e incorporar características agronómicas y arquetípicas en híbridos, variedades, sintéticos y líneas progenitoras (Sierra *et al.*, 2005).

Para Trifunovic *et al.* (2003) el desarrollo de híbridos con excelente potencial de rendimiento y con un buen comportamiento agronómico, es un resultado tangible de los programas de mejoramiento genético, cumpliendo con el objetivo de desarrollar nuevas y mejores líneas en forma *per se*.

Para De la Rosa *et al.* (2006) el uso de material genético mejorado ofrece una de las mejores opciones para lograr el propósito de incrementar la productividad del maíz mediante el uso eficiente de los recursos disponibles.

Según cifras del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT, 1994) el uso de semilla del híbrido simple ha aumentado recientemente en los países en desarrollo, debido a que este tipo de híbridos presenta mayor uniformidad y potencial de rendimiento, por lo tanto es importante desarrollar progenitores con buenos atributos agronómicos que faciliten la producción de semilla híbrida.

Con respecto a ello, Vasal *et al.* (1997^a) indica que en la identificación de buenos progenitores es importante y necesario enfatizar en la aptitud combinatoria de las líneas y en el comportamiento *per se* de las mismas, especialmente su capacidad para producir buena cantidad y calidad de semilla. Por lo anterior deben ser líneas vigorosas, de buen rendimiento y características agronómicas que favorezca su empleo en la formación de híbridos y la multiplicación de semilla comercial (Espinosa, 1997).

Heterosis

Gaytán y Mayek (2010) definen la heterosis, como un fenómeno que ha sido ampliamente explotado en el mejoramiento del maíz, ocurre cuando el híbrido supera a sus progenitores en características fenológicas de crecimiento y rendimiento, resulta

de la interacción de varios factores independientes aportados por los progenitores que participan en la formación de dicho híbrido. El mejoramiento genético de plantas alógamas como el maíz enfatiza la síntesis de híbridos donde se capitaliza al máximo la heterosis (Ramírez *et al.*, 2007).

Por su parte, Sierra (2002) considera que la heterosis surge de la complementación de loci génicos dominantes en los híbridos como consecuencia de su aportación hecha por los progenitores al cruzarse. Otros autores, además consideran que las acciones genéticas aditivas, de dominancia, sobredominancia, epistasis; así como las interacciones genético-ambientales, contribuyen a la existencia de heterosis, que a su vez se basa en el cruzamiento de germoplasma con acervos genéticos y orígenes geográficos distintos (De la Cruz *et al.*, 2003; Ramírez *et al.*, 2007).

Para X Qi *et al.* (2010) la heterosis o vigor híbrido, se refiere al rendimiento superior que un híbrido F_1 presenta en relación a sus padres, con respecto a los diversos fenotipos biológicos, incluyendo rasgos agronómicos como el rendimiento y sus componentes.

Hablando de las bases genéticas de la heterosis, Hallauer y Miranda (1981) Miranda (1997) Márquez (1988) y Reyes (1985) reportan que varias hipótesis han sido desarrolladas y discutidas sobre la existencia de este fenómeno, pero todas ellas pueden estar incluidas en las siguientes categorías: a) Estimación fisiológica (o interacción alélica o sobredominancia) y b) factores de crecimiento favorable dominantes. Además, el último autor menciona que la heterosis aprovecha el tipo de acción génica no aditiva (dominancia, sobredominancia, epistasis).

La utilización de patrones heteróticos en un proyecto de formación de híbridos de maíz, constituye una estrategia que permite explotar y capitalizar la heterosis, así

mismo, usar en forma eficiente el germoplasma disponible para la generación de combinaciones híbridas superiores.

Para facilitar el uso de la heterosis y predecir el comportamiento de los híbridos, es necesario el establecimiento y uso de grupos heteróticos. El trabajo de afiliación de genotipos ha sido necesario debido a que no se ha podido correlacionar suficientemente el comportamiento de las líneas *per se* con el comportamiento de la progenie híbrida para características importantes agronómicamente, principalmente rendimiento (Hallauer, 2000).

Melchinger y Gumber (1998) definen grupo heterótico como un grupo de individuos relacionados o no, que provienen de la misma o diferente población, pero que muestran similar comportamiento en habilidad combinatoria y heterosis cuando son cruzados con individuos de otro grupo genéticamente diferente.

Los patrones o pares heteróticos son modelos de combinación de germoplasma que expresen alta heterosis. Su importancia reside en que el grado de expresión se mantiene a través del tiempo e incluso puede maximizarse mediante métodos de selección interpoblacional (Márquez, 1988), y para su mejor aprovechamiento deben conceptualizarse en sentido amplio.

Aptitud combinatoria

Para Lobato *et al.* (2010) el aspecto práctico del mejoramiento genético del maíz por hibridación está basado en el desarrollo de líneas endogámicas y la evaluación de su aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) para obtener híbridos comerciales de alto rendimiento.

Hay dos tipos de aptitud combinatoria que han sido reconocidos en la genética cuantitativa, aptitud combinatoria general y la aptitud combinatoria específica, ACE se define como la desviación en el desempeño de los híbridos de la productividad esperada basada en la rentabilidad media de las líneas afectadas en la combinación híbrida, mientras que la ACG se define como el rendimiento promedio de una línea en una serie de cruzas, además considera que la aptitud combinatoria es útil especialmente en las cruzas de prueba, donde se desea estudiar y comparar el rendimiento de las líneas en combinaciones híbridas (Panhwar *et al.*, 2008).

Sprague y Tatum (1942) definieron aptitud combinatoria general (ACG) como el comportamiento promedio de una línea en combinaciones híbridas, valorada a través de la prueba de cruzamientos con un conjunto de líneas diferentes, y a la aptitud combinatoria específica (ACE) como la desviación que presenta la progenie de una craza específica con respecto al promedio (ACG) de sus progenitores.

La ACG hace referencia al comportamiento de las líneas en sus cruzamientos y la ACE al tipo de acción génica aditiva para ACG y desviación de aditividad (Dominancia, sobredominancia, epistasis) pero sobre todo a la mejor forma de aprovechamiento, tanto en la formación de híbridos como la recombinación genética para formar sintéticos (Reyes, 1985).

Morata *et al.* (2006) Los estudios de aptitud combinatoria proveen información sobre la capacidad de las líneas de maíz para la formación de híbridos. La ACG está relacionada a factores genéticos con efecto aditivo y la ACE a factores genéticos con efecto no aditivo (dominancia y epistásis). Ambos parámetros se estiman a partir de cruzas dialélicas.

Los estimadores de ACG y ACE ayudan a los mejoradores a visualizar estrategias de mejoramiento por hibridación y selección (Welcker *et al.*, 2005; De la Vega y

Chapman, 2006) y su uso como herramientas en el mejoramiento genético es muy común no sólo para rendimiento de grano sino para otros caracteres, como tolerancia a salinidad (Welcker *et al.*, 2005).

Sierra *et al.* (2000) establece que el programa de maíz del trópico cuenta con un grupo importante de líneas que pueden ser usadas para la formación de nuevos híbridos y es necesaria su discriminación en base a su aptitud combinatoria y su comportamiento *per se* según su rendimiento, adaptación y producción de semilla. Con respecto a ello, Soengas *et al.* (2003) argumentan que la aptitud combinatoria de líneas endogámicas de maíz puede calcularse a través de cruza de prueba con probadores divergentes, cuyo comportamiento permita estimar la distancia genética entre ellas, así como clasificarlas en grupos heteróticos.

Diseño genético estadístico línea por probador

Existe un número de diseños de apareamiento que son utilizados por los mejoradores de plantas para estimar los componentes de la varianza genética en una población. Márquez (1985) define los diseños genéticos como planes de cruzamiento entre los individuos de una población cuyo objetivo principal es estudiar los efectos genéticos y estimar los parámetros genéticos de interés.

Davis (1927) sugiere el uso de mestizos (topcross), el cual utiliza una amplia base de genotipos usando un probador para determinar la aptitud combinatoria general de líneas endocriadas en un programa de mejoramiento de híbridos de maíz.

El concepto de análisis línea x probador fue introducido por Kempthorne en 1957, siendo Singh y Chaudhary (1977) quienes desarrollaron el procedimiento de análisis línea x probador, en el que se sugiere la utilización de varios probadores, proporcionando información de aptitud combinatoria general y específica, y además

estimar varios tipos de efectos genéticos, resultando así un método más eficiente que el de mestizos.

Con respecto a la interacción línea por probador, Vencovsky & Barriga (1992) señalan que ésta es indicadora de la existencia de efectos de aptitud combinatoria específica (ACE) de las líneas con los probadores y que ponen en evidencia la presencia de dominancia y/o efectos epistáticos que involucran dominancia en el control del carácter en cuestión.

Ahmed *et al.*, (2003) utiliza la técnica línea x probador en calabazas de verano para medir y evaluar la acción de genes aditivos y no aditivos, además de calcular la aptitud combinatoria general y específica, y la heterosis de 14 híbridos resultantes de las cruces de siete líneas con dos probadores, determinando que el cruzamiento entre poblaciones de cucurbitáceas contribuyen a un aumento de la heterosis, promoviendo la explotación de esta a través de la producción de variedades híbridas o sintéticas.

Singh y Kumar (2004) también identificaron las mejores líneas de alta heterosis y producción para usarlas como progenitores, a través del análisis línea x probador en arroz. También Muhammad *et al.* (2007) utilizaron el mismo diseño de apareamiento en genotipos de arroz para determinar heterosis, aptitud combinatoria, así como la acción de los genes de rendimiento y sus componentes.

Lobato *et al.* (2010) cruzaron 50 líneas S_1 derivadas de una variedad original con tres probadores: una línea de baja y otra de alta ACG, así como la población original, concluyendo que el mejor probador fue la línea de baja ACG, siguiendo el criterio de que el mejor probador es aquel cuyos mestizos tienen cuadrado medio y coeficientes de variación fenotípica y genotípica que son los máximos siempre que exista amplia diferencia entre la ACG de las líneas en prueba.

Interacción genotipo – ambiente

De León (2005) define la interacción genotipo ambiente como una respuesta diferencial de los genotipos en los ambientes de evaluación, además argumenta que cuando el fenómeno es de magnitud grande dificulta la elección y recomendación de genotipos estables y torna lento el avance de la selección, por lo que representa una preocupación constante para los fitomejoradores. Con respecto a ello, Lozano *et al.* (2009) recomienda que los estudios sobre la estabilidad de producción de un genotipo a través de diferentes ambientes se debe determinar antes de su liberación y recomendación como variedad comercial para una localidad o región determinada.

Para Rodríguez (2005) la interacción genotipo ambiente (IGA) causa variaciones importantes en el comportamiento de los genotipos a través del tiempo, ocasionadas por factores no permanentes (precipitación, temperaturas, presencia de patógenos, etc.), que dificultan la identificación de genotipos superiores.

Una importante opción para estimar las respuestas genotípicas diferenciales a variadas condiciones ambientales y estimar la interacción genotipo-ambiente, es la evaluación de variedades en diferentes localidades a lo largo del tiempo (Aulicino *et al.*, 2000).

El concepto agronómico de estabilidad de un genotipo es aquel comportamiento sobre ambientes cambiantes que debiera ser el nivel correspondiente estimado o predicho (Yue *et al.*, 1997).

Kraan y Di Pane (2009) consideran a la estabilidad como una serie de condiciones intrínsecas de un cultivar que hacen que pueda sortear con menores variaciones entre distintos años las condiciones climáticas de cada sitio. Para la obtención de nuevas variedades es necesario evaluar los materiales en diferentes ambientes y medir su interacción genotipo ambiente, la cual da una idea de la

estabilidad fenotípica de las variedades ante las fluctuaciones ambientales (Roa *et al.*, 2010).

Para Coutiño y Vidal (2003) el deseo del fitomejorador es obtener cultivares estables con buen rendimiento en todas las condiciones de la región de interés. Por ello considera benéfico la incorporación de la estabilidad en su programa, con énfasis en la selección final de cultivares potenciales comerciales, minimizando así el uso de genotipos estables.

Alejos *et al.* (2006) consideran que la ocurrencia de interacción genotipo ambiente exige la realización de estudios adicionales con el propósito de precisar la selección de individuos con adaptabilidad general y específica.

Por ello varios procedimientos estadísticos han sido usados para estudiar la interacción genotipo ambiente (IGA), incluyendo métodos univariados y multivariados (Rea y De Sousa, 2002). Entre los que se encuentran los de Eberhart y Russell, el de “Efectos Principales Aditivos e Interacción Multiplicativa” (AMMI) y el de regresión en los sitios (SREG).

El procedimiento 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 G x A la cual es tratada de forma multivariada para su interpretación (Alejos *et al.*, 2006).

Para De León (2005) el modelo de regresión de sitios (SREG), se basa en un modelo similar al del AMMI, solo que este permite agrupar ambientes y genotipos con similar desempeño e identificar gráficamente cuál es el genotipo con mayor potencial dentro de cada subgrupo de ambientes. El SREG es generador de la figura “biplot” GGE,

donde se consideran simultáneamente en el análisis de componentes principales los efectos genéticos con los efectos de la interacción genotipo ambiente y a su vez permite la identificación del genotipo de mayor potencial en cada ambiente y agrupar genotipos y ambientes con patrones similares de respuesta (Yan, 2002; Burgueño *et al.*, 2003; Ibáñez *et al.*, 2006).

De León (2010) realizó comparaciones de los 3 métodos para estudiar la IGA, encontrando que la metodología de Eberhart y Russell y los del AMMI, hacen clasificaciones un tanto similares, con relación a las gráficas “biplot” de las metodologías del AMMI y SREG observo diferencias entre ellas, considerándose más adecuada para los mejoradores la que ofrece la SREG, ya que permite la identificación de genotipos superiores con adaptación específica y logra una clasificación de los ambientes de prueba con base en su poder de discriminación.

Rodríguez (2005) comparo los resultados de cuatro métodos de análisis multivariado: agrupamiento sin transformación de datos, agrupamiento con datos estandarizados dentro de ambientes, análisis AMMI y análisis SREG en la caracterización de áreas de trigo, encontrando que en el estudio de la interacción genotipo ambiente el método con mayores ventajas fue el SREG.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

El material genético utilizado en esta investigación perteneciente a la empresa Pioneer, fue integrado por 144 cruza simples, resultantes del apareamiento de 12 líneas homocigóticas con 12 probadores, visualizados en el Cuadro 3.1; incluyendo en la evaluación la presencia de 6 híbridos comerciales como testigos, cuatro pertenecientes a la misma empresa (TA) y dos a otra empresa (TB), la clave de estos híbridos se presenta en el Cuadro A.1 del apéndice.

Cuadro 3.1 Claves de líneas y probadores como progenitores de híbridos experimentales.

Clave	Líneas	Clave	Probadores
1	NSSFT	1	SSS0B
2	NSSFV	2	SSSV3
3	NSSFW	3	SSSG7
4	NSSFY	4	SSSKT
5	NSSFZ	5	SSSKM
6	NSSG0	6	SSSKP
7	NSSG1	7	SSSK7
8	NSSG2	8	SSSK9
9	NSSG3	9	SSSKE
10	NSSFS	10	SSSKF
11	NSSG4	11	SSSKK
12	NSSG5	12	SSS00

Formación de cruces de prueba

Los cruzamientos entre las líneas y probadores se realizaron en los viveros de PIONEER ubicados en Tlajomulco de Zuñiga, Jalisco, generando 144 cruces de prueba, se usó como hembras a las líneas y como machos a los probadores.

Descripción de las localidades

La evaluación de los híbridos se llevo a cabo en 10 localidades representativas de la llanura costera del estado de Sinaloa durante el ciclo 2009-2010, caracterizada por poseer un clima cálido semi-seco en la llanura, con una temperatura media entre 24° y 25°C y una precipitación pluvial anual de 600 mm, que aumenta hasta 1 400 mm al sur del estado. Las localidades y algunas de sus características se describen en el cuadro 3.2.

Cuadro 3.2 Localidades de evaluación y ubicación geográfica.

	Localidades	Altitud msnm*	Latitud Norte	Longitud Oeste
1	El Carrizo	21	26°10'18''	108°58'29''
2	Ahome costa	38	25° 90' 76''	109° 14' 86''
3	Guasave	19	25°29'53''	108°21'42''
4	Santa Blanca	21	25°55'02''	108°54'37''
5	San Rafael	11	25° 47' 55''	108° 31' 38''
6	Angostura	13	25°12'14''	108°06'11''
7	Villa Juárez	14	24°30'07''	107°24'07''
8	Culiacancito	24	24°48'57''	107°30'15''
9	Costa rica	5	24°29'11''	107°26'22''
10	Quila	37	27° 44' 42''	107° 30' 45''

* 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, cada parcela experimental consistió en 2 surcos, con una longitud de 4.20 metros, separados a 0.75 m con 40 plantas para cada surco y una densidad de población de 120, 000 plantas por hectárea.

Labores culturales

Preparación del terreno: Todos las localidades se prepararon iniciando con un subsuelo y posteriormente se aplicaron dos pasos de rastra.

Siembra: Se realizó mediante una sembradora de semi-presición. Las fechas de siembras fueron diferentes por localidad estas fechas se concentraron en el Cuadro 3.3.

Cuadro 3.3 Fechas de siembra de las localidades.

No.	Localidad	Fecha	No.	Localidad	Fecha
1	El Carrizo	28-Oct-09	6	Angostura	08-Dic-09
2	Ahome costa	12-Nov-09	7	Villa Juárez	19-Nov-09
3	Guasave	23-Nov-09	8	Culiacancito	21-Nov-09
4	Santa Blanca	17-Nov-09	9	Costa Rica	22-Nov-09
5	San Rafael	05-Dic-09	10	Quila	22-Nov-09

Fuente (Pioneer).

Fertilización: La dosis aplicada en cada localidad fue 400N- 100P- 50K ha⁻¹, la aplicación se hizo en dos momentos: la mitad del nitrógeno y todo el fosforo y potasio (50% de N y 100% de P y K) fue al realizarse el surcado y el resto del nitrógeno se aplico cuando el cultivo se encontraba en V5.

Riegos: Se aplicó un riego de pre-siembra para mantener la humedad en el suelo esperando el momento más oportuno para la siembra y asegurar la germinación. Los próximos riegos fueron a los 55, 85, 115, y 140 días después de la siembra para todas las localidades.

Control de malezas: El control se hizo mediante las aplicaciones de Gesaprim Calibre 90 cuyo ingrediente activo es la atrazina, se aplicó al momento de la emergencia de la maleza para evitar una infestación.

Control de plagas: Se aplicó en siembra Lorsban 3G (ingrediente activo clorpirifos) 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, todas las aplicaciones se hicieron de manera preventiva.

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

Variable agronómica de interés

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

Rendimiento: Es la producción estimada en toneladas por hectárea de grano al 15.5% de humedad. Este dato se obtuvo al multiplicar el peso seco (PS) por un factor de conversión (FC), cuyas fórmulas se describen a continuación:

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

Donde:

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

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

Donde:

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⁻¹; y **10000** = Valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m².

Manejo estadístico de los datos agronómicos.

Análisis de varianza

El análisis de varianza de la variable de respuesta rendimiento y humedad se realizó bajo un diseño de bloques completos al azar, debido a la existencia de una repetición por localidad, éstas fueron consideradas como 10 repeticiones dentro de una localidad. Cuyo modelo estadístico fue el siguiente:

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

Donde:

Y_{ij} = variable observada en la j-ésima repetición del i -ésimo tratamiento; μ = efecto de la media general; T_i = efecto del tratamiento; B_j = efecto del bloque; E_{ij} = 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 fuente 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.

Estudio de la interacción genotipo x ambiente

Para realizar una exploración del efecto de la interacción genotipo por ambiente y analizar la respuesta a ambientes específicos y estabilidad de los 150 híbridos evaluados en 10 localidades se empleo el modelo de regresión en los sitios (SREG) (Crossa *et al.*, 2002) cuya descripción estadística es:

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

Donde:

Y_{ij} : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j, μ_j : Media del ambiente j para todos los genotipos y en este modelo se estima por medio de

$\hat{\mu}_j = \bar{Y}_{\bullet j}$, λ_k : Es el valor propio del eje k de componentes principales, γ_{ik} : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a λ_k , α_{jk} : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a λ_k , ε_{ij} : Error del genotipo i en el ambiente j, p : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo SREG.

Para lograr una buena selección de los genotipos en base a su estabilidad, se calculó el promedio de los eigenvalores (DIM1 Y DIM2), para obtener las coordenadas del probador 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.

Cabe destacar que el mismo modelo estadístico fue empleado para explorar la interacción genotipo-ambiente de líneas y probadores, determinando los más estables.

Estudio de la interacción y agrupación entre probadores mediante el grafico biplot del modelo AMMI

Una vez identificados los híbridos potenciales en base a su rendimiento y estabilidad de acuerdo con el grafico GGE de SREG; se empleo el modelo de **efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI)** para conocer el patrón de agrupación entre líneas y probadores, con la finalidad de observar la presencia de interacción opuesta y no opuesta. Bajo el siguiente modelo estadístico:

$$Y_{ij} = \mu_j + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j ; μ_j : Media del ambiente j para todos los genotipos y en este modelo se estima por medio de $\hat{\mu}_j = \bar{Y}_{\bullet j}$; g_i : efecto del i -ésimo genotipo; e_j : efecto del j -ésimo ambiente; λ_k : Es el valor propio del eje k de componentes principales; γ_{ik} : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a λ_k ; α_{jk} : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a λ_k ; ε_{ij} : Error del genotipo i en el ambiente j , p : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI.

Análisis de varianza línea por probador

El cálculo de los efectos de aptitud combinatoria para identificar progenitores con capacidad de transmitir características a su descendencia fueron estimados mediante el diseño línea por probador descrito por Singh y Chaudhary (1977) particionando los tratamientos en tres componentes: línea, probador y línea por probador. Para este caso se estimó la ACG de la variable de rendimiento primero de los probadores en sus cruzas con todas las líneas, posteriormente considerando los probadores en 2 diferentes grupos según su origen heterótico.

Mediante el modelo lineal siguiente:

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

Donde:

Y_{ijk} = es la variable de respuesta; μ = efecto de la media general; A_i = efecto del i -ésimo ambiente; $R_{j(i)}$ = efecto del j -ésimo bloque dentro del i -ésimo ambiente; L_k = efecto de la K -ésima línea; P_l = efecto de 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; ϵ_{ijkl} = error experimental.

Formulas para estimar efectos genéticos de ACG de los híbridos

- Efectos de ACG de líneas:

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

- Efectos genéticos de ACG de probadores:

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

Donde:

L_i = aptitud combinatoria de las líneas; P_j = aptitud combinatoria general de los probadores; l = número de líneas; P = número de probadores; r = número de repeticiones; a = número de ambientes; $Xi\dots$ = sumatoria de la i -ésima línea; $X.j..$ = sumatoria del j -ésimo probador; $X\dots$ = es la sumatoria total.

Criterios de selección

Para la identificación y selección de los híbridos con mayores posibilidades de explotación comercial se consideró su potencial de rendimiento, precocidad y su estabilidad.

Para la selección de ambientes de prueba se considero su representatividad del mega-ambiente y su poder de discriminación sobre los híbridos evaluados en ellas considerando la longitud del vector.

Para la selección de los mejores progenitores de híbridos (líneas y probadores) se consideró en base a los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y estabilidad.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.

Los resultados obtenidos en esta investigación se presentan en este capítulo con el propósito dar cumplimiento a los objetivos e hipótesis planteados. Se analizó el comportamiento agronómico de 150 híbridos evaluadas en 10 localidades, de los cuales 144 se formaron por el cruzamiento de 12 líneas endogámicas (hembras) con 12 probadores (machos) todos ellos propiedad de la empresa Pioneer; y 6 híbridos comerciales utilizados como testigos. Se modeló la interacción genotipo x ambiente mediante el modelo de regresión en los sitios (SREG) y la aptitud combinatoria de líneas y probadores considerando el rendimiento, estabilidad y precocidad.

Análisis de varianza

La fase experimental comprendió en primer lugar la ejecución de un análisis de varianza mediante el modelo de bloques completos al azar, debido a que en el ejercicio las localidades carecen de repeticiones para su análisis fue requerido que se considerarán como repeticiones, cuyos resultados se concentraron en el Cuadro 4.1.

En lo que respecta a la fuente de variación repeticiones que corresponden a cada una de las localidades de evaluación, se observaron diferencias estadísticas altamente significativas ($P \leq 0.01$) para ambas variables (rendimiento y humedad) debido probablemente a que las localidades no presentaron las mismas condiciones y que estas influenciaron en la variable de respuesta, permitiendo hacer una discriminación más acertada de los híbridos.

Cuadro 4.1 Cuadrados medios de los híbridos en base al análisis de varianza general a través de repeticiones para las variables de rendimiento y contenido de humedad a la cosecha, evaluados en 10 localidades del estado de Sinaloa durante el ciclo 2009-2010.

FV	GL	SC	CM	SC	CM		
		RENDIMIENTO (kg ha ⁻¹)		HUMEDAD (%)			
Repeticiones	9	5445395548	605043950	**	3602.6	400.3	**
Híbridos	149	890989071	5979792	**	981.6	6.6	**
Exp	143	859709868	6011957	**	909.4	6.4	**
Test A	3	14518449	4839483		18.4	6.1	**
Test B	1	1306037	1306037		17.9	17.9	**
Exp vs Test	1	11039712	11039712		18.4	18.4	**
T.A. vs T.B.	1	9443436	9443436		28.8	28.8	**
Error	1341	3514978298	2621162		783.4	0.6	
Total	1499	9851362918			5367.6		
Media			12053			18.6	
Media Exp.			12040			18.6	
Media T. A.			12083			18.4	
Media T. B.			12924			19.9	
CV			13			4.1	

*, ** = significativo al punto 0.05 de probabilidad y punto 0.01 respectivamente; fuentes de variación (FV); grados de libertad (GL); suma de cuadrados (SC); cuadrados medios (CM); coeficiente de variación (CV).

Estadísticamente la agrupación de las localidades se muestra en el Cuadro 4.2 donde puede verse que en base a la media de rendimiento las mejores localidades fueron: 3 (Guasave), 8 (Culiacancito) y 10 (Quila).

Cuadro 4.2 Agrupación estadística de 10 localidades en base a la prueba de Tukey para la variable de rendimiento.

REP	3	8	10	5	9	7	2	4	1	6
MEDIA	13632.2	13220.8	13218.2	12890.7	12830.7	12701.3	12416.2	12364.6	10312.1	6944.1
TUKEY	A	AB	AB	BC	BC	BC	C	C	D	E

Medias con la misma letra son estadísticamente iguales. Repeticiones (REP).

Para la fuente de variación híbridos se observaron significancias estadísticas ($P \leq 0.01$), indicando que entre los materiales de estudio existen diferencias de comportamiento. Dicha variación se atribuye a que en el análisis se considero tanto a híbridos experimentales como a testigos comerciales pertenecientes a dos distintas empresas, considerando que la variación existente dentro de cada grupo se debe al origen genético de los materiales y a la diferente conformación de los híbridos experimentales.

Para observar una mejor estimación de las variaciones en los híbridos, esta fuente se particionó en tres componentes, considerando híbridos experimentales y testigos comerciales de la empresa A, como de la empresa B, así como la comparación entre ellos por medio de un contraste ortogonal (Cuadro 4.1).

El análisis reflejo que la variación total que se expreso en los híbridos tanto en la variable de rendimiento como en la variable de humedad, fue ocasionada por los híbridos experimentales que aportaron un 95.94% y 91.59% respectivamente, dicha diferencias se atribuyen a que la participación de híbridos experimentales es mayor en relación a los comerciales.

Al hablar de los testigos comerciales se observo que para la variable rendimiento, estos no presentaron diferencias significativas demostrando la existencia de comportamientos similares entre ellos, y que éstos en relación con los híbridos experimentales no aportaron variación aún y cuando algunos pertenecen a la misma empresa y otros a la competencia poseen atributos similares.

En cuanto a la variable de humedad ocurrió lo contrario, pues los testigos comerciales mostraron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) demostrando ser más precoces los testigos de la empresa A. Ello considerando la existencia de atributos

desiguales en lo referente a su nivel de maduración y una aportaron de 3.65% a la variación al total de los híbridos.

Uno de los objetivos de los programas de mejoramiento genético es generar híbridos que superen a los híbridos comerciales, de manera que los genotipos generados en cada investigación deben de compararse con testigos comerciales. Dicha comparación se puede apreciar por medio del contraste ortogonal (Cuadro 4.1) del que se observa que en cuanto a rendimiento la comparación de los híbridos experimentales contra los testigos comerciales estos no arrojaron diferencias significativas mostrando un comportamiento similar en esta variable.

En la variable de humedad se podría decir que de acuerdo a su precocidad los híbridos experimentales tuvieron un comportamiento disímil con significancia estadística ($P \leq 0.01$) lo que permite hacer selección de aquellos genotipos más precoces, en tanto que para el rendimiento no hubo diferencias se recomienda trabajar más en dicha característica elevando el nivel de competitividad de los híbridos experimentales contra los comerciales.

Al hablar de híbridos comerciales, es de particular interés para las empresas presentes en el ramo semillero considerar el comportamiento de sus materiales ya liberados en relación con los de las empresas competencia, es por ello que en esta investigación se considero establecer el contraste ortogonal entre los testigos comerciales los cuales pertenecen a dos distintas empresas, el resultado muestra que en cuanto a la variable rendimiento no hubo variación pues no presentaron diferencias significativas, es decir entre los híbridos de ambas empresas sus medias de rendimiento son muy semejantes.

En relación a su contenido de humedad el contraste ortogonal entre los testigos comerciales mostró diferencias altamente significativas, manifestando en cuanto a su

nivel de maduración existen comportamientos diferentes, lo que indica que entre una compañía y otra existen híbridos más precoces que otros.

Las diferencias significativas en los híbridos experimentales en cuanto a rendimiento y humedad es una muestra de la variabilidad genética presente en el experimento, lo que indica que para efectos de mejora genética dicha variabilidad se puede explotar sin restricciones, pudiendo hacer una selección más amplia de los mejores genotipos.

En el Cuadro 4.3 se muestran los híbridos con mejor media de rendimiento y humedad. En el cual se observa la existencia de 4 híbridos experimentales que mostraron rendimientos altos con un porcentaje de humedad bajo, estos fueron el 1(NSSF/SSS0B), seguido del 15 (NSSF/SSSV3), 87 (NSSF/SSSK9) y 5 (NSSFZ/SSS0B).

Cuadro 4.3 Media general de rendimiento y humedad a través de 10 localidades de los mejores 30 híbridos evaluados durante el ciclo 2009-2010, en base a prueba de Tukey.

REND	% HUM	HIB	HUM*	REND*	REND	% HUM	HIB	HUM*	REND*
13827.5	19.4	121	E	A	12929.8	20.0	109	E	A B C D
13656.6	18.3	72	E	A B	12894.5	17.9	15	E	A B C D
13528.8	19.9	73	E	A B C	12892.1	18.0	96	E	A B C D
13462.2	20.4	127	E	A B C	12888.8	18.8	TA1	E	A B C D
13254.6	18.8	97	E	A B C D	12858.1	19.9	84	E	A B C D
13253.9	18.3	4	E	A B C D	12856.9	17.9	87	E	A B C D
13236.5	18.7	7	E	A B C D	12852.4	18.7	49	E	A B C D
13220.8	20.7	79	E	A B C D	12836.0	17.9	5	E	A B C D
13204.7	19.7	78	E	A B C D	12827.5	18.4	46	E	A B C D
13179.8	20.9	TB1	E	A B C D	12810.9	19.3	124	E	A B C D
13165.7	17.9	1	E	A B C D	12785.5	19.2	125	E	A B C D
13163.6	18.4	12	E	A B C D	12770.4	19.2	36	E	A B C D
12967.3	19.6	74	E	A B C D	12745.1	19.2	19	E	A B C D
12965.3	18.6	98	E	A B C D	12728.3	18.3	65	E	A B C D
12946.7	19.0	132	E	A B C D	12713.6	18.1	70	E	A B C D

TA1 y TB1= Testigos comerciales; REND= Rendimiento en Kg ha⁻¹; % HUM= contenido de humedad a la cosecha; * agrupación estadística. Medias con la misma letra son estadísticamente iguales.

De acuerdo al análisis de varianza (Cuadro 4.1) se observan diferencias significativas ($P \leq 0.01$) en las fuentes de variación híbridos y localidades manifestando comportamientos desiguales para ambas variables, por lo que es de suponerse la presencia de interacción genotipo x ambiente en el experimento, reafirmando la hipótesis de que al menos uno de los híbridos cambia de orden a través de las localidades. La presencia de IGA dificulta la selección sobre todo cuando es interacción cruzada y para la identificación de un buen genotipo (estable y rendidor) es necesario emplear modelos estadísticos que permiten realizar estimaciones más dirigidas de la respuesta de los genotipos a determinados ambientes, tales como el de regresión en los sitios (SREG).

Selección de híbridos experimentales mediante el análisis de la interacción genotipo ambiente (IGA) para la variable de rendimiento empleando el modelo SREG y gráficos biplot.

El gráfico biplot GGE del SREG de híbridos evaluados en localidades del estado de Sinaloa se muestra en la Figura 4.1. Según Yan *et al.* (2000) en el polígono del biplot GGE se forman diversos sectores que ocasionan la separación de ambientes y grupos de genotipos en subgrupos, donde los genotipos y ambientes que caen dentro de un mismo sector están asociados y el grupo germoplásmico que está en el vértice de cada sector es el que tiene mejor desempeño en los ambientes incluidos.

Considerando lo dicho anteriormente el polígono se dividió en siete sectores, las localidades ubicadas en cada sector constituyen parte del mismo mega-ambiente, en el sector donde están las localidades 1, 5, 6, 7 y 10 el mejor desempeño lo tiene el híbrido 7 (NSSG1/SSSOB), en el sector donde se ubican las localidades 9 y 3 el mejor híbrido es el 121 (NSSFT/SSSKK), para la localidad 8 el híbrido 49 (NSSFT/SSSKM) es el mejor, y por ultimo para la localidad 4 se ubican como mejores híbridos el 127

(NSSG1/SSSKK), 132 (NSSG5/SSSKK) y 122 (NSSFV/SSSKK), en la Figura 4.1A se realiza una proyección del la Figura 4.1, donde se visualiza el comportamiento de los híbridos en las localidades de evaluación.

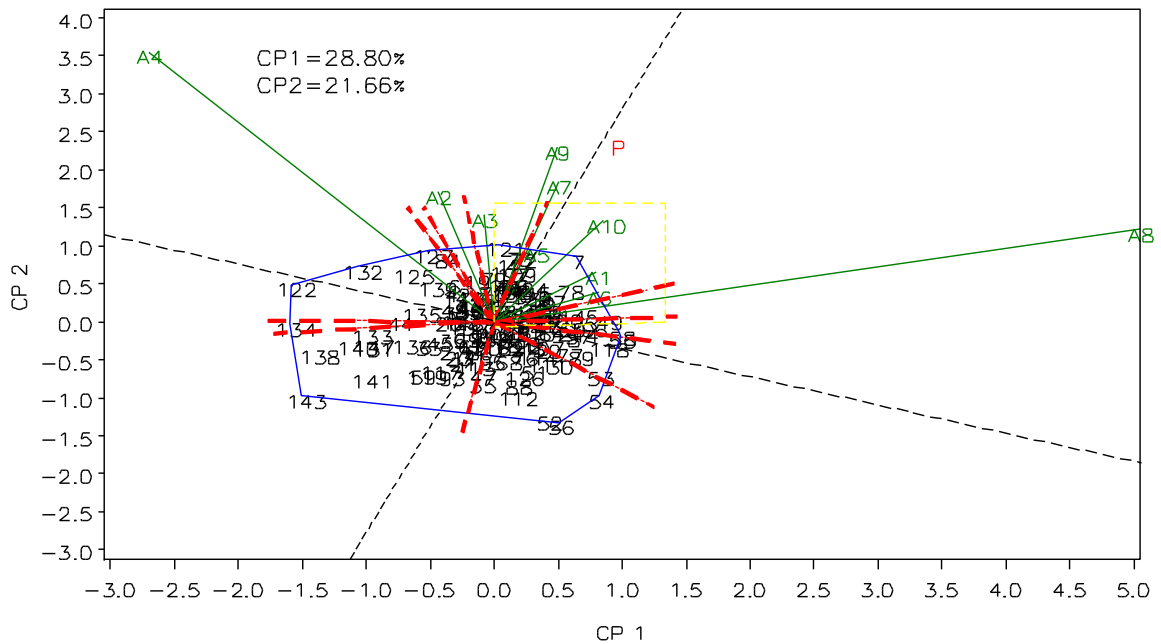


Figura 4.1 Biplot GGE patrón de respuesta “qual-ganó-donde” para 144 híbridos experimentales y 6 testigos comerciales evaluados en 10 localidades. CP1 y CP2= correspondiente a componente principal uno y dos; A1= El Carrizo; A2= Ahome; A3= Guasave; A4= Santa Blanca; A5= San Rafael; A6= Angostura; A7= Villa Juárez; A8= Culiacancito; A9= Costa Rica y A10= Quila. P= coordenadas del ambiente virtual. Los números corresponden a los híbridos descritos en el Cuadro A.1.

Al hablar de localidades y su poder de discriminación Yan *et al.* (2000) argumentan que el mejor ambiente es aquel que muestra mayor poder de discriminación y se identifica por poseer el vector más largo, además de considerarse como el más representativo de los ambientes evaluados, se deduce que la localidad con mayor poder de discriminación y el más representativo de todos los ambientes es la localidad 8 (Culiacancito), seguido de la localidad 4 (Santa Blanca) y por último la localidad 9 (Costa Rica).

Para la localidad 2 (Ahome) ningún híbrido en cuanto a rendimiento tuvo superioridad, es decir que el ambiente no presento las condiciones para que los genotipo se expresarán.

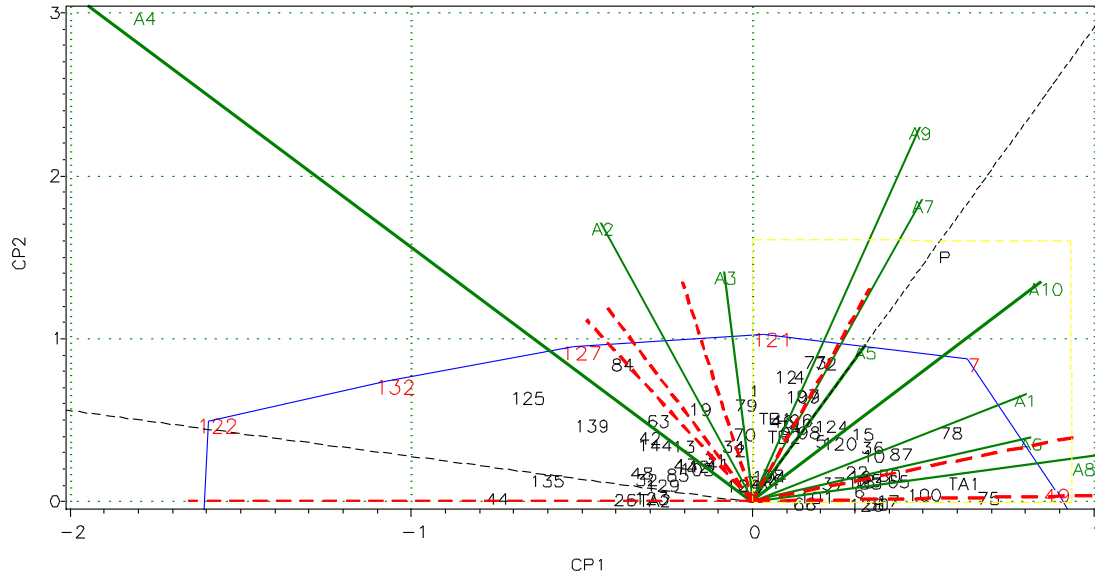


Figura 4.1A Proyección cual-ganó-donde del Biplot GGE de la figura 4.1 CP1 y CP2= componente principal uno y dos; A1= El Carrizo; A2= Ahome; A3= Guasave; A4= Santa Blanca; A5= San Rafael; A6= Angostura; A7= Villa Juárez; A8= Culiacancito; A9= Costa Rica y A10= Quila. P= coordenadas del ambiente virtual. Los números corresponden a los híbridos descritos en el Cuadro A.1.

Para tener una visión más clara de la estabilidad de los materiales de evaluación con respecto a las localidades se realizó otra proyección de la Figura 4.1, la cual se muestra en la Figura 4.1B. La presencia de los testigos indica que la posición de los híbridos experimentales con respecto a los comerciales para algunos casos es un tanto superior ó igual, determinando así que los objetivos del programa de mejoramiento de la compañía Pioneer se están cumpliendo.

En la proyección se observa como el testigo comercial TA1 mostro un rendimiento superior con respecto a los demás testigos, pero aunado a este los híbridos experimentales 78 (NSSG0/SSSK7), 75 (NSSFW/SSSK7), 48 (NSSG5/SSSKT) y 7 (NSSG1/SSSOB) también presentaron un rendimiento igual o superior a este testigo comercial.

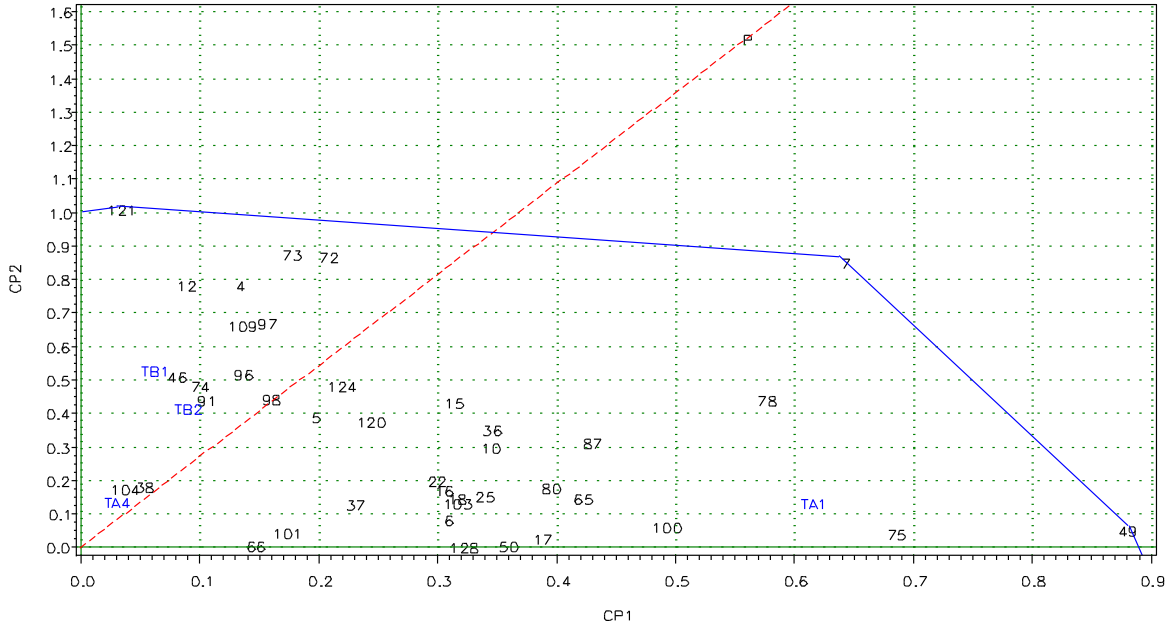


Figura 4.1B Proyección de la figura 4.1 donde se aprecia el ambiente virtual y los híbridos más estables. Testigos comerciales: TA1= P3030W, TA4= P2837W, TB1= ASGMF8798, TB2= ASGCebu; P= coordenadas del ambiente virtual. Los números corresponden a los híbridos descritos en el Cuadro A.1.

Con respecto a los testigos comerciales TA1, TB2 y TB1 se establece que aunque obtuvieron un rendimiento bajo, mostraron una buena estabilidad. De los experimentales de acuerdo a su posición con el ambiente virtual los híbridos 98 (NSSFV/SSSKE), 124 (NSSFY/SSSKK), 5(NSSFZ/SSSOB) y 120 (NSSG5/SSSKF) mostraron un alto grado de estabilidad superando a los testigos comerciales.

De los genotipos seleccionados en base a mejor estabilidad y rendimiento se recomiendan continuar con su evaluación por más ciclos para observar su comportamiento verificando así que reúnen todas las características para su explotación comercial.

Por último, al analizar el nivel de precocidad de los híbridos experimentales antes mencionados, el híbrido 5 (NSSFZ/SSSOB) posee la mejor precocidad con un 17.9% de humedad.

Parte importante en el proceso de selección de híbridos potenciales es también la selección de progenitores con atributos agronómicos sobresalientes, por ello se requiere de la realización de un análisis de varianza línea x probador con el fin de explorar las relaciones existentes entre líneas y probadores como progenitores de híbridos de maíz.

Análisis de varianza línea por probador

En el Cuadro 4.4 se muestran los cuadrados medios del análisis de varianza línea x probador de las diez localidades para rendimiento y humedad, donde se observa el comportamiento de efectos principales y de las interacciones entre efectos de los 150 híbridos en evaluación.

Cuadro 4.4 Cuadrados medios del análisis de varianza línea x probador para rendimiento y humedad de 150 híbridos, evaluados en 10 localidades del estado de Sinaloa durante el ciclo 2009-2010.

FV	GL	REND	HUM
Repeticiones (Rep)	9	587,486,432.0 **	387.9 **
Línea (L)	11	33,800,184.0 **	24.8 **
Probador (P)	11	17,532,620.0 **	50.9 **
Línea x Probador	121	2,438,422.0 **	0.6 **
Repetición x Línea	99	4,239,562.0 **	1.3 **
Repetición x Probador	99	12,999,699.0 **	2.7 **
Error	1089	1,567,265.0	0.3
Total	1439		
Media		12,040.1	18.6
CV		10.4	3.0
Máximo		13827.5	22.0
Mínimo		9459.9	16.6

** = significativo al punto 0.01 de probabilidad; fuentes de variación (FV), grados de libertad (GL), rendimiento (REND), humedad (HUM), Coeficiente de variación (CV).

En lo referente a las localidades (Rep) hubo diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para ambas variables agronómicas, diferencias atribuidas considerando que las localidades aportaron la mayor variabilidad por presentar condiciones adversas y discriminar entre los híbridos, líneas y probadores.

En la interacción repetición por línea se observan diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) en rendimiento y humedad, indicando que las líneas se comportaron de manera distinta en cada localidad, es decir fueron inestables a través de las localidades.

De igual manera se observaron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) en la interacción repetición por probador, haciendo referente a que los probadores también mostraron comportamiento inconsistente para ambas variables en cada una de las localidades, de lo que se puede argumentar que la presencia de interacción genotipo ambiente es la que explica la existencia de estas respuestas diferenciales.

Para las fuentes de variación líneas y probadores estas presentaron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) tanto para rendimiento como para humedad, aportando ambas fuentes un 95.47 % en rendimiento y un 99.18% en humedad a la variación total, lo que muestra que ambas características están dadas en su mayoría por genes de carácter aditivo.

Al hablar de las líneas en evaluación éstas aportaron la mayor variación en cuanto a la variable rendimiento (62.86%), situación contraria ocurrida en la variable de humedad pues en esta la mayor aportación de variación la hicieron los probadores (66.71%). Dicha variación se puede atribuir a la existencia de variabilidad genética entre líneas y probadores por poseer atributos agronómicos sobresalientes, dados por su origen diverso y manejo genético al que han sido sometidos.

En lo referente a los probadores indican que muestran diferente capacidad para discriminar líneas, permitiendo con ello la selección de líneas con potencial genético y la identificación de cruzamientos prometedores para su utilización como híbridos comerciales, las pruebas de medias concernientes a las fuentes de variación de líneas y probadores se observan en los Cuadro A.2 y A.3 del apéndice.

La interacción línea x probador resulto con diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) en las variables de rendimiento y humedad, lo que indica las inconsistencias de orden presentadas por las líneas al cruzarse con diferente probador, lo que nos muestra según lo dicho por Vencovsky y Barriga (1992) quienes consideran que la interacción línea por probador es la indicadora de la existencia de efectos de aptitud combinatoria específica (ACE).

Clasificación de probadores en grupos por afinidad genética mediante el modelo de interacción multiplicativo y efectos principales aditivos (AMMI).

En la evaluación de la interacción línea por probador se empleo el modelo AMMI con la finalidad de observar la presencia de interacción opuesta y no opuesta entre los probadores empleados, debido a que para considerar a la media como un buen criterio de selección se necesita la existencia de interacción no opuesta.

Lo anterior considerando lo dicho por Crossa *et al.* (2002) para quienes la presencia de interacción cruzada u opuesta limita los avances de la selección, representada por los cambios de rango entre cultivares a través de ambientes, debido principalmente a las implicaciones que representa el hacer selección cuando un cultivar es muy bueno para un determinado ambiente y muy malo en otro, por ello es necesaria la agrupación de cultivares seleccionando aquellos sin interacción cruzada.

La Figura 4.2 corresponde al biplot AMMI donde se aprecia simultáneamente el agrupamiento que muestran los genotipos, en este análisis los dos componentes principales logran representar el 70.44% de la varianza total de la interacción línea x probador.

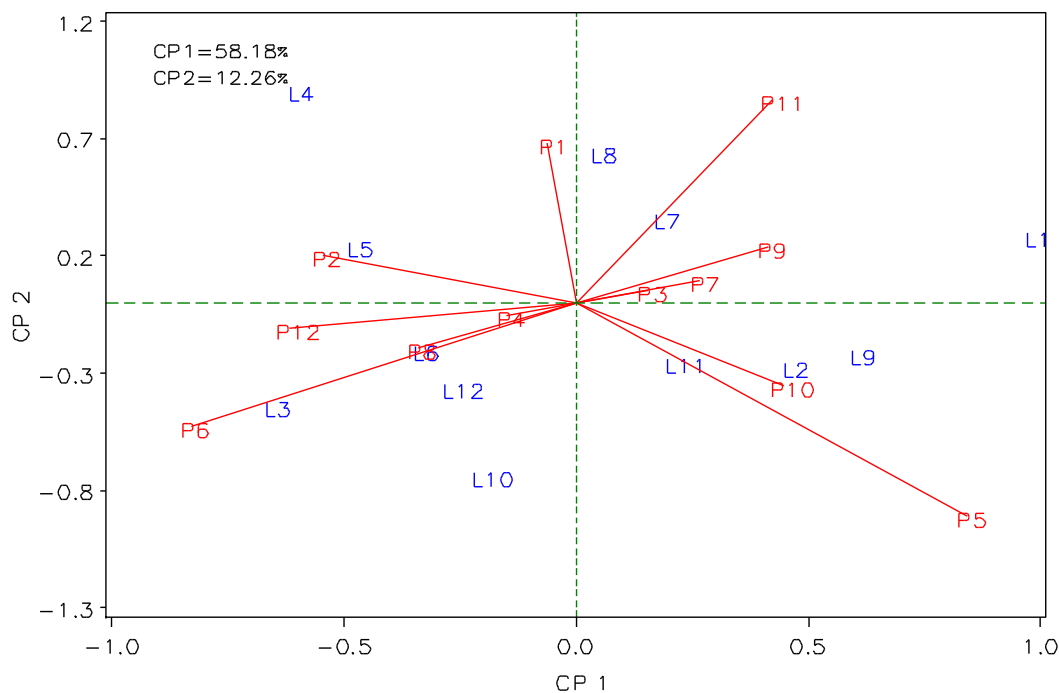


Figura 4.2 Biplot AMMI agrupamiento de líneas y probadores; **Líneas** L1= NSSFT, L2= NSSFV, L3= NSSFW, L4 = NSSFY, L5= NSSFZ, L6= NSSG0, L7= NSSG1, L8= NSSG2, L9= NSSG3, L10= NSSFS, L11= NSSG4 y L12= NSSG5; **Probadores** P1= SSS0B, P2= SSSV3, P3= SSSG7, P4 = SSSKT, P5= SSSKM, P6= SSSKP, P7= SSSK7, P8= SSSK9, P9= SSSKE, P10= SSSKF, P11= SSSKK y P12= SSS00; CP1 y CP2= correspondiente a componente principal uno y dos.

Para De León (2005) los vectores con ángulos menores a 90° guardan relación en la forma de ordenar a los genotipos, siendo los que más interesan a los mejoradores, mientras los que tienen un ángulo cercano a los 180° tienden a ordenar de manera contrastante a los genotipos evaluados. Por ello las estimaciones de aptitud combinatoria general deben realizarse entre genotipos que guardan relación entre sí.

Considerando lo anterior y de acuerdo con lo dicho por Crossa *et al.* (2002) para quienes 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, en el gráfico se observan como los probadores 3(SSSG7), 5(SSSKM), 7(SSSK7), 9(SSSKE) y 10 (SSSKF) se relacionan entre sí formando parte del mismo subconjunto y a su vez se sitúan contra los probadores 2(SSSV3), 4(SSSKT), 6(SSSKP), 8(SSSK9) y 12(SSS00). En cuanto a los probadores 1 (SSS0B) y 11 (SSSKK) se observa que manifiestan interacción no opuesta para ambos grupos.

Selección de progenitores considerando su aptitud combinatoria

Una vez agrupados los probadores de respuesta similar, es decir sin interacción cruzada, se estiman los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) para cada grupo, con la finalidad de obtener información sobre la capacidad de las líneas para la formación de híbridos según sean factores genético con efectos aditivos (ACG) o no aditivos (ACE) y seleccionar las líneas que mejor ACG mostraron en relación a sus cruzamientos con los diferentes probadores, Cuadro 4.5.

Cuadro 4.5 Aptitud combinatoria general de líneas en base a rendimiento y cruza con probadores.

LÍNEAS	PROBADORES		
	3, 5, 7, 9, 10 y 11	1, 2, 4, 6, 8 y 12	1...12
1	1027.51 **	235.27	643.32 **
2	402.66 *	-32.24	197.14
3	-272.46	244.25	-2.18
4	-368.05 *	141.93	-101.13
5	-196.50	314.91 *	71.13
6	-354.33 *	-70.03	-200.25
7	541.24 **	483.58 **	524.34 **
8	-209.46	-428.30 **	-306.95 **
9	-344.58 *	-882.14 **	-601.43 **
10	159.97	349.08 *	266.45 *
11	-1129.40 **	-1318.74 **	-1212.14 **
12	479.39 **	630.02 **	566.64 **

*, ** = significativo al punto 0.05 de probabilidad y punto 0.01 respectivamente.

El Cuadro 4.5 refleja que en los cruzamientos de las líneas con todos los probadores las líneas de mejor ACG fueron 1, 12, 7 y 10; y las líneas de menor ACG fueron 11, 9 y 8. En lo referente a las cruces de las líneas con el primer grupo de probadores, las líneas que mayor ACG tuvieron fueron 1, 7, 12 y por último la 2; en las cruces con el segundo grupo de probadores las mejores líneas fueron 12, 7, 10 y 5.

En dicho Cuadro (4.5) también se observa el cambio del efecto de ACG que sufren las líneas al ser cruzadas con los diferentes grupos de probadores y con todos los probadores, pues las líneas que muestran buena ACG con un grupo, no lo muestran con el otro.

En resumen y atendiendo a las coincidencias entre ambos grupos de probadores, las líneas que mejor ACG presentaron son la 1, 12 y 7, las cuales se recomienda su empleo práctico como progenitores de híbridos comerciales por poseer dicha característica.

Desde el punto clásico de probador Fehr (1982), Sierra *et al.* (1991) y Vasal *et al.* (1997^a) argumentan que el uso de probadores en la selección de líneas al mismo tiempo de la evaluación *per se* representa una estrategia metodológica alternativa en la generación de híbridos de maíz, ya que permite de una manera eficiente dirigir los cruzamientos de líneas seleccionadas y lograr mejores combinaciones híbridas. Por ello se considera que los probadores utilizados en la evaluación fueron útiles en la discriminación de las líneas proporcionando los efectos de aptitud combinatoria general y las mejores combinaciones híbridas.

Una vez conocidos los efectos de ACG y seleccionados los genotipos con mejores efectos, complementando dicha selección es necesaria la exploración de la interacción mediante modelos estadísticos como el SREG.

Selección de progenitores mediante el análisis de regresión en los sitios (SREG)

De acuerdo con los resultados reflejados en el Cuadro 4.2 la presencia de interacción tuvo influencias significativas sobre las líneas y probadores con los ambientes de evaluación, así como en la interacción línea x probador, por ello es necesaria la exploración de ésta mediante un grafico biplot GGE, visualizando el patrón de respuesta de las líneas y probadores en base a su estabilidad en las Figuras 4.3, 4.4 y 4.5.

Probadores

En la Figura 4.3 se observa una distribución heterogénea y dispersa en el comportamiento de probadores, lo que representa dificultades en la selección de los mejores, por ello la superioridad y consistencia a través de ambientes se considero en base al probador virtual, con el cual se identificaron a los probadores 6, 10, 7, 8 y 9 como los más estables.

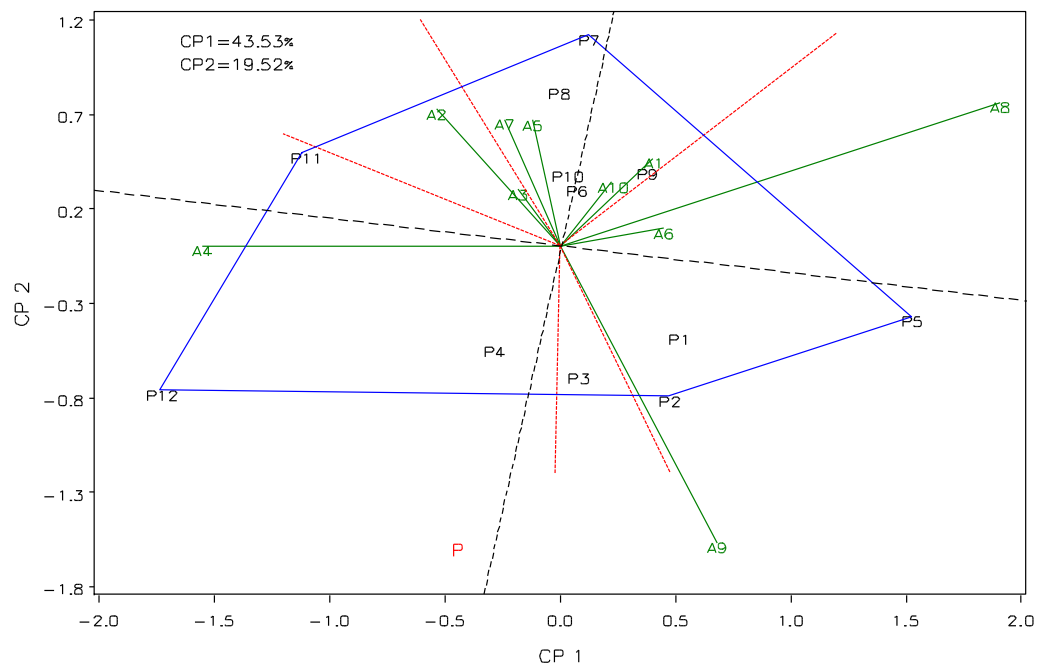


Figura 4.3 Biplot GGE patrón de respuesta de probadores; CP1 y CP2= correspondiente a componente principal uno y dos; A1= El Carrizo, A2= Ahome, A3= Guasave, A4= Santa Blanca, A5= San Rafael, A6= Angostura, A7= Villa Juárez, A8= Culiacancito, A9= Costa Rica y A10= Quila. P= coordenadas del ambiente virtual.

Con respecto a los mega-ambientes formados por los distintos sectores del polígono, se designa a los probadores 2 y 5 como los mejores para las localidades 9, 6 y 8; al probador 7 para las localidades 1, 10, 5 y 7; y por último a los probadores 11 y 12 para la localidad 4.

De las localidades las que mejor poder de discriminación hacen de los probadores fueron 8, 9 y 4, como indica Yan *et al.* (2007) ambientes de prueba con vectores largos son los más discriminativos de los genotipos, si el ambiente de prueba tiene un vector muy corto, significa que todos los genotipos se comportaron de manera similar y proveen poca o ninguna información acerca de las diferencias de los genotipos.

Líneas

En la Figura 4.4 se visualiza el comportamiento de las líneas a través de las 10 localidades, el grafico indica que la línea 10 tiene un sobresaliente comportamiento en las localidades 6, 1, 8, 5 y 7; las líneas 1 y 2 son las mejores en el mega-ambiente que comprende las localidades 2, 3, 9 y 4.

Al hablar de las líneas que presentaron una adecuada consistencia a través de las localidades de evaluación ubicadas alrededor del probador virtual, se detectaron las líneas 1, 2, 7 y 12 como las mejores.

En lo referente a las localidades 4, 7 y 9 son las que ostentan un excelente poder de discriminación entre líneas por su longitud vectorial en comparación con otros ambientes.

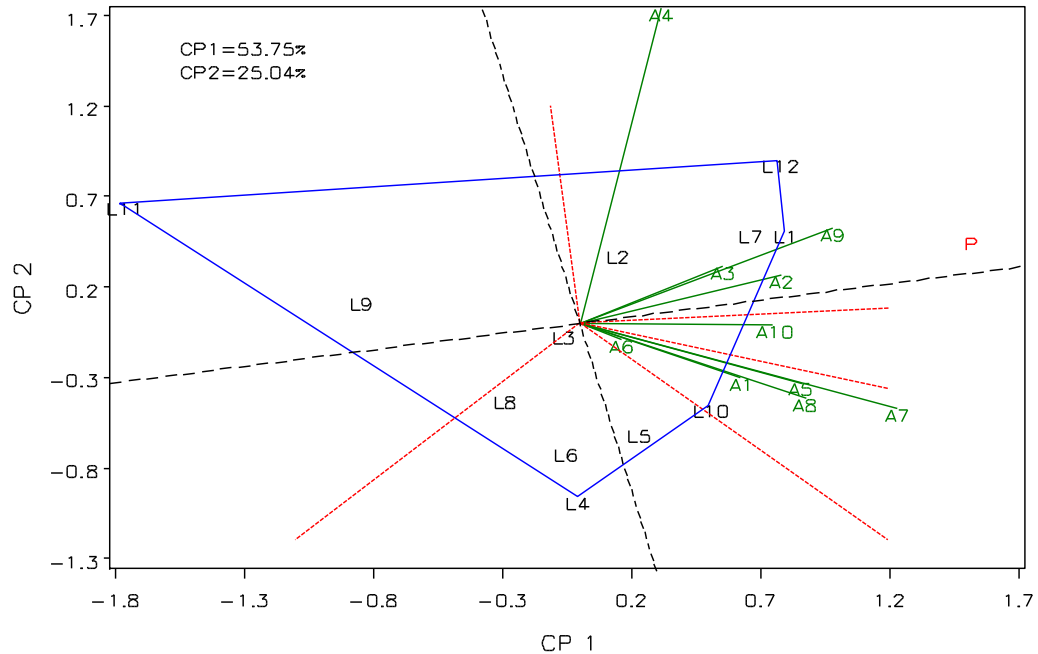


Figura 4.4 Biplot GGE patrón de respuesta de líneas; CP1 y CP2= correspondiente a componente principal uno y dos; A1= El Carrizo, A2= Ahome, A3= Guasave, A4= Santa Blanca, A5= San Rafael, A6= Angostura, A7= Villa Juárez, A8= Culiacancito, A9= Costa Rica y A10= Quila. P= coordenadas del ambiente virtual.

Interacción línea x probador

De acuerdo a la Figura 4.5 los probadores se agrupan en 4 diferentes sectores, donde los genotipos dentro del mismo sector se encuentran asociados y realizan una discriminación similar entre las líneas, pudiendo elegir los más representativos de cada grupo.

En el sector donde se ubican los probadores 3, 7, 9 y 11, la línea que mejor expresión tiene para este grupo es la 1, seguida de la 9 y 2. Para el sector de los probadores 1 y 2 la mejor línea es la 4, por último en el sector de los probadores 4, 6, 8 y 12 la línea 3 es la de mejor expresión.

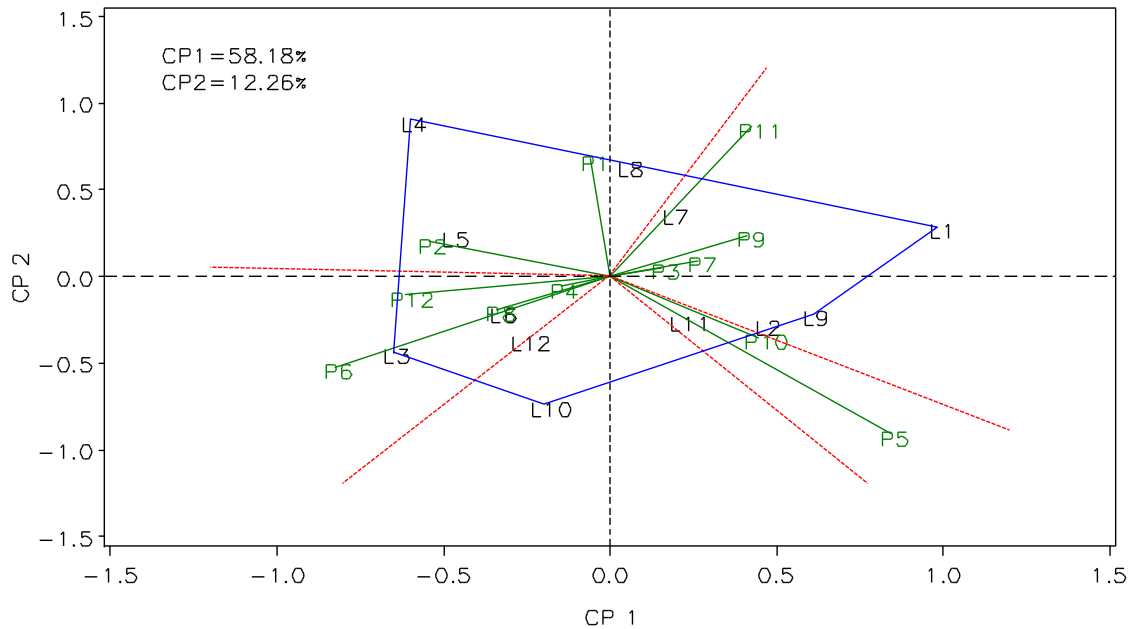


Figura 4.5 Biplot GGE patrón de respuesta de la interacción línea x probador; **Líneas** L1= NSSFT, L2= NSSFV, L3= NSSFW, L4 = NSSFY, L5= NSSFZ, L6= NSSG0, L7= NSSG1, L8= NSSG2, L9= NSSG3, L10= NSSFS, L11= NSSG4 y L12= NSSG5; **Probadores** P1= SSS0B, P2= SSSV3, P3= SSSG7, P4 = SSSKT, P5= SSSKM, P6= SSSKP, P7= SSSK7, P8= SSSK9, P9= SSSKE, P10= SSSKF, P11= SSSKK y P12= SSS00; CP1 y CP2= correspondiente a componente principal uno y dos.

Al hablar de la asociación de los probadores dentro de cada sector, se podría decir que el probador 3, 7 y 9 realizan una discriminación muy semejante de las líneas por lo que se podría prescindir de estos, situación similar ocurrida con los probadores 4 y 8. Los probadores que mejor discriminan para cada sector fueron 11, 2, 6 y 5.

Concentración de datos con los mejores genotipos seleccionados según su rendimiento, precocidad y estabilidad.

En el Cuadro 4.6 se puede apreciar que los híbridos con mayor media de rendimiento fueron híbridos experimentales 121 (NSSFT/SSSKK), 72 (NSSG5/SSSKP), 73 (NSSFT/SSSK7), 127 (NSSG1/SSSKK), 97 (NSSFT/SSSKE), 4 (NSSFY/SSS0B) y 7 (NSSG1/SSS0B), no obstante cabe mencionar que estadísticamente no hubo diferencias

entre las medias pertenecientes a los híbridos según la prueba de Tukey. De los híbridos con buen rendimiento, los que presentaron una menor media de humedad fueron los experimentales 1 (NSSFT/SSSOB), 15 (NSSFW/SSSV3), 87 (NSSFW/SSSK9) y 5 (NSSFZ/SSSOB).

Cuadro 4.6 Concentración de híbridos, probadores y líneas seleccionados.

ORDEN	HÍBRIDOS			PROBADORES			LÍNEAS			
	REND	H	SREG	REND	H	SREG	REND	H	ACG	SREG
1	121	1	TA4	7	8	6	1	11	1	1
2	72	15	104	1	12	10	12	3	12	2
3	73	87	38	9	1	7	7	9	7	7
4	127	5	98	11	2	8	10	10	10	12
5	97		124	6	6	9	2	2	2	
6	4		5	2	5		5	5	5	
7	7		120							

REND= Rendimiento, H= Humedad.

En relación a su estabilidad el híbrido experimental 5 (NSSFZ/SSSOB) resultó seleccionado por el SREG, aunado a ello dicho híbrido también presenta buen rendimiento y precocidad.

De los probadores los que mayor media de rendimiento y estabilidad mostraron según el SREG fueron 7 (SSSK7), 9 (SSSKE) y 6 (SSSKP).

En lo referente a líneas en evaluación las de mayor media de rendimiento y estabilidad presentaron fueron 1 (NSSFT), 12 (NSSG5), 7 (NSSG1) y 2 (NSSFV) cabe mencionar que dichas líneas también mostraron efectos positivos de ACG al cruzarse con los distintos probadores; de dichas líneas las más precoz fue la 10 (NSSFS).

V. CONCLUSIONES

Tomando en cuenta los objetivos planteados, el uso de las metodologías y el modelo SREG permitieron la identificación de 4 híbridos experimentales con potencial superior en estabilidad, rendimiento y precocidad, tales fueron: 98 (NSSFV/SSSKE), 124 (NSSFY/SSSKK), 5 (NSSFZ/SSS0B) y 120 (NSSG5/SSSKF), cabe mencionar que de éstos el híbrido 5 fue el más precoz.

De los probadores se seleccionaron los mejores en rendimiento y estabilidad, y de acuerdo a los estudios hechos los probadores 7 (SSSK7), 9 (SSSKE) y 6 (SSSKP) mostraron superioridad en ambas características, de los cuales el probador 6 (SSSKP) fue él que presento más precocidad. También hubo probadores que mostraron una mayor capacidad de discriminar entre las líneas en cuestión y estos fueron 5 (SSSKM), 6 (SSSKP) y 11 (SSSKK).

Se seleccionaron las líneas que mostraron un buen valor de aptitud combinatoria general, además de estabilidad y rendimiento, las cuales fueron: 1 (NSSFT), 12 (NSSG5), 7 (NSSG1) y 2 (NSSFV), demostrando la línea 2 (NSSFV) ser la más precoz.

De las localidades de evaluación las que mayor efecto de discriminación hicieron sobre genotipos fueron 8 (Culiacancito), 9 (Costa Rica), 4 (Santa Blanca) y 7 (Villa Juárez).

VI. RESUMEN

La presente investigación tuvo como meta la evaluación agronómica de 144 cruza simples para el estado de Sinaloa perteneciente a la empresa Pioneer, provenientes del apareamiento de 12 líneas homocigóticas con 12 probadores incluyendo en la evaluación 6 híbridos comerciales como testigos, cuatro pertenecientes a la misma empresa (TA) y dos a otra empresa (TB), teniendo en mente cumplir con los siguientes objetivos de: 1) seleccionar los mejores híbridos en base a rendimiento, estabilidad y superioridad a testigos comerciales, 2) Identificar probadores que discriminen entre las líneas así como aquellos que expresen una buena capacidad de combinación en sus cruzamientos con estas, 3) Seleccionar líneas que presenten potencial genético medido a través de su aptitud combinatoria general (ACG) y estabilidad, y 4) Identificar el ambiente que muestre mayor poder discriminativo de los genotipos. Las cruza simples fueron formadas en los viveros de PIONEER ubicados en Tlajomulco de Zuñiga Jalisco, usando como hembras las líneas y como machos los probadores, y evaluados en 10 localidades representativas del estado de Sinaloa durante el ciclo 2009-2010: El Carrizo, Ahome costa, Guasave, Santa Blanca, San Rafael, Angostura, Villa Juárez, Culiacancito, Costa rica y Quila. Se evaluaron las variables de rendimiento y humedad, y fueron analizadas bajo un diseño de bloques al azar. Se analizó la respuesta a ambientes específicos y estabilidad de los híbridos, líneas y probadores mediante el modelo de regresión en los sitios (SREG); se estudio la presencia de interacción opuesta y agrupación entre probadores mediante el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI); se estimaron los efectos de aptitud combinatoria mediante el diseño línea por probador. Los resultados del análisis de varianza mostraron diferencias significativas para las fuentes de variación repeticiones e híbridos, el gráfico biplot GGE permitieron la identificación de

4 híbridos experimentales con potencial superior en estabilidad, rendimiento y precocidad, tales fueron: 98 (NSSFV/SSSKE), 124 (NSSFY/SSSKK), 5 (NSSFZ/SSSOB) y 120 (NSSG5/SSSKF), cabe mencionar que el híbrido 5 fue el más precoz; el grafico biplot del modelo AMMI mostró que los probadores se distribuían en 2 diferentes grupos, con los cuales fueron estimados los efectos de ACG de las líneas, seleccionado las líneas 1 (NSSFT), 12 (NSSG5), 7 (NSSG1) y 2 (NSSFV) como las de mejor ACG y estabilidad; de los probadores fueron 7 (SSSK7), 9 (SSSKE) y 6 (SSSKP) los que mostraron superioridad en rendimiento y estabilidad; las localidades que mayor efecto de discriminación hicieron fueron 8 (Culiacancito), 9 (Costa Rica), 4 (Santa Blanca) y 7 (Villa Juárez).

Palabras clave. Híbridos, líneas, probadores, línea x probador, ACG, SREG, AMMI.

VII. LITERATURA CITADA

- Aulicino** M. B., Laos F., Arturi M. J., Suárez O. A., Greco C., 2000. Análisis de la interacción genotipo-ambiente para rendimiento forrajero en cebadilla criolla. Invest. Agr. Prod. Prot. Veg. Vol. 15 (3):169-180.
- Ahmed** E. A., Ibn Oaf H. S. and El Jack A. E. 2003. Combining ability and heterosis in line x tester crosses of summer squash (*Cucurbita Pepo* L.). Cucurbit Genetics Cooperative Report. 26: 54-56.
- Alejos** G., Monasterio P. y Rea R. 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.
- Burgueño** J., Crossa J. and Vargas M. 2003. Graphing GE and GGE biplots. *In*: Handbook of formulas and software for plant geneticists and breeders. M. S. Kang, (ed.). Food Products Press. New York. Pp: 193-203.
- CIMMYT**. 1994. World maize and trends. Maize seed industries, Revised: Emergin Roles of the Public and Private Sectors. México, D.F. CIMMYT. pp. 1-23.
- Coutiño** E. B. y Vidal M. V. 2003. Estabilidad del rendimiento de grano de Híbridos de Maíz usando mejores predictores lineales insesgados. Agrociencia Vol. 37: 605-616.

- Chávez** A. J. L. 1995. Mejoramiento de Plantas 2. Editorial Trillas. México. 143 p.
- Crossa** J., Cornelius P., Yan W. 2002 Biplots of linear-bilinear models for studying crossover Genotype x Environment interaction. *Crop Science* 42, 619 – 633.
- Davis** R. L. 1927. Report of the plant breeder. Republican of Puerto Rico. *Agric. Exp. At. Ann.* Pp. 14-15.
- De La Cruz** L. L., Ron P. J., Ramírez D. J. L., Sánchez G. J. Morales R. M., Chuela B. M., Hurtado de la P. S. A., Mena M. S. 2003. Heterosis y aptitud combinatoria entre híbridos comerciales y germoplasma exótico de maíz en Jalisco, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, Enero – Marzo, año/ vol. 26, 1-9.
- De León** C. H. 2005. Estudio y Clasificación de Grupos Germoplásmicos para la Constitución de Patrones Heteróticos en Maíz. Tesis Doctorado en Ciencias en Fitomejoramiento. Programa de Graduados “UAAAN”.
- De León** C. H. 2010. Apuntes curso “Mejoramiento de plantas III”. Clave FIT 470. UAAAN.
- De la Rosa** L. A., De León C. H., Rincón S. F., y Martínez Z. G. 2006. Efectos genéticos, heterosis y diversidad genética entre híbridos comerciales de Maíz adaptados al bajío mexicano. *Revista Fitotecnia Mexicana*. Vol. 29 (3): 247- 254.
- De la Vega**, A. J., and S. C. Chapman. 2006. Multivariate analyses to display interactions between environment and general or specific combining ability in hybrid crops. *Crop Sci.* 46: 957–967.
- Eberhart** S. A. and Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6:36-40.

- Espinosa C. A.** 1997. Comportamiento *per se* y ACG de caracteres relacionados con la producción de semillas en líneas de maíz (*Zea mays* L.) y sus cruzas. Tesis Doctor en ciencias en genética. Colegio de Postgraduados, Montecillos México. 121 p.
- Fuentes L. M. R., Pérez R. C. y Zea J. L.** 2002. Avance en el desarrollo de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) a partir del patrón heterótico del ICTA hb-83 adaptado a condiciones del trópico bajo de Guatemala. Proyecto Agrocyt 01.
- Gaytán B. R. y Mayek P. N.** 2010 Heterosis en híbridos de maíz producidos de cruzamientos entre progenitores de Valles Altos x Tropicales. *Investigación y Ciencia* ISSN (Versión impresa): 1665-4412 Universidad Autónoma de Aguascalientes, México.
- Hallauer A. R. and Miranda Fo J. B.** 1981. Quantitative genetics in maize breeding. The Iowa State University Press. Ames, Iowa. P 337-369.
- Hallauer A. R.** 2000. Quantitative genetics and breeding methods. *In*: A. Gallais (ed). Biometrics in Plant Breeding. Eucarpia. Paris. Pp. 127-138.
- Kempthorne O.** 1957. An introduction to genetic statistics. New York. John Wiley and Sons.
- Kraan G., Di Pane F.** 2009. Estabilidad de rendimiento: un aspecto a considerar. *AgroBarrow* 40:12-18. Disponible en: <http://www.inta.gov.ar/barrow>
- Lobato O. R., Molina G. J., López R. J., Mejía C. J., Reyes L. D.** 2010. Criterios para elegir el mejor probador de la aptitud combinatoria general para rendimiento de grano de líneas autofecundadas de maíz. *Colegio De Postgraduados. Agrociencia* 44: 17-30.

- López** L. M. 2003. El cultivo del maíz en México y la contribución del fitomejorador para favorecer la autosuficiencia. *Revista Mexicana de Agronegocios*, Enero- Junio, año VII, vol. 12. Pp. 596-605.
- Lozano** del R. J., Zamora V. V., Ibarra J.L., Rodríguez H.S., De la Cruz L. E., De la Rosa L. M. 2009. Análisis de la interacción genotipo-ambiente mediante el modelo AMMI y potencial de producción de triticales forrajeros (*X Triticosecale* Wittm.). *Universidad y ciencia* 25(31):81-92.
- Márquez** S., F. 1985. *Genotecnia Vegetal*. Tomo I. Teoría, métodos y resultados. AGT EDITOR. México, DF. 357 p.
- Melchinger**, A. E., and R.K. Gumber. (1998) Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. In: *Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants*. Lamkey, K. R., and J.E. Staub. (Eds). 1998. Madison, Wisconsin. pp: 29-44.
- Miranda** Filho J. B. 1997. Inbreeding and heterosis. *In: Book of abstracts The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops. An International Symposium*. México. p. 12.
- Morata** M. M., Presello D. A., González M. P. & Frutos E. 2006. Aptitud combinatoria para rendimiento entre líneas de maíz derivadas de nuevas fuentes de resistencia al Mal de Río Cuarto *Revista de la Facultad de Agronomía, La Plata* 106 (1).
- Muhammad** R., Akbar A., Cheema and Muhammad A. 2007. Line x tester analysis in Basmati Rice. *Pak. J. Bot.*, 39(6): 2035-2042.
- Panhwar** S. A., Baloch M. J., Jatoi W. A., Veesar N.F y Majeedano M.S. 2008. Combining ability estimates from line x tester mating design in upland cotton. *Proc. Pakistán Acad. Sci.* 45(2):69-74.

- Ramírez** D. J. L., Chuela B. M., Vidal M. V. A., Ron P. J., Caballero H. F. 2007. Propuesta para formar híbridos de maíz combinando patrones heteróticos. Revista Fitotecnia Mexicana, 30, 453 – 461 pp.
- Rea** R. y De Sousa O. 2002. Genotype x environment interaction in sugarcane yield trials in the central-western region of Venezuela. Interciencia 27:620-624.
- Reyes** C., P. 1985. Fitotecnia Básica y Aplicada. AGT Editor S.A. México. 460 p.
- Roa** S., Barboza C., y Zambrano A. 2010. Estabilidad del rendimiento de variedades de papa (*Solanum tuberosum* L.) para procesamiento industrial en el estado Táchira, Venezuela. Rev. Fac. Agron. (LUZ) 27: 173-192
- Rodríguez** P. E., Sahagún C. J., Villaseñor M. H., Molina G. J., Martínez G. A. 2005. La Interacción genotipo-ambiente en la caracterización de áreas temporales de producción de trigo. Agrociencia Vol. 39: 51-64.
- Sierra** M. M., Márquez F., Valdivia R., Cano O., Rodríguez F. A. 2000. Aptitud combinatoria general y específica de líneas tropicales de maíz usando probadores. Agronomía Mesoamericana, Abril, Año/Vol. 11, Número 001. Pp. 103- 112.
- Sierra** M. M. 2002. Uso de probadores en la selección de líneas para formar Híbridos de Maíz (*Zea mays* L.). Tesis doctorado en Ciencias, área ciencias agrícolas y forestales. Universidad de Colima.
- Sierra** M. M., Cano R. O., Palafox C. A., Tosquy V. O., Espinosa C. A., Rodríguez M. F. 2005. Progreso del Mejoramiento Genético de maíz (*Zea mayz* L.) en el trópico Húmedo de México. Agricultura Técnica en México, Enero-Junio, año/vol.31, número 001 Pp. 21-32.

- Singh** R. K., Chaudhary B. D., 1977. Biometrical methods in quantitative genetics analysis. Kaylani Publishers. New Delhi, Ludhiana.
- Singh** N. K. and Kumar A. 2004. Combining ability analysis to identify suitable parents for heterotic rice hybrid breeding. *Irrn*, 29(1): 21-22.
- Soengas** P., Ordás B., Malvar R. A., Revilla P., Ordás A. 2003. Performance of flint maize in crosses with testers from different heterotic groups. *Maydica* 48:85-91.
- Shull** G. H. 1952. Beginnings of the heterosis concept. *In*: Heterosis. Gowen J. W. (ed). Iowa State University Press. Ames IA. pp: 14-48.
- Sprague** G. F. and Tatum L. A. 1942. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. *J. Amer. Soc. Agron.*34:923- 932.
- Trifunovic** S., Córdova H., Crossa J. and Pandey S. 2003. Head-to-head and stability analysis of maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Maydica* 48:263-269.
- Vencovsky** R., Barriga P. 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, pp.: 486.
- Welcker** C, The C., Andreau B., De Leon C., Parentoni S. N., Bernal J., Felicite J., Zonkeng C., Salazar F., Narro L., Charcosset A., and Horst W. J. 2005. Heterosis and combining ability for maize adaptation to tropical acid soils: implications for future breeding strategies. *Crop Sci.* 45: 2405–2413.
- X Qi**, Z. H. Li, L. L. Jiang, X. M. Yu, Ngezahayo Frederic, and B. Liu. 2010. Grain-Yield Heterosis in *Zea mays* L. Shows Positive Correlation with Parental Difference in CHG Methylation. *Crop Sci.* Vol. 50: 2338–2346.
- Yan** W., Hunt L. A., Sheng Q. and Szlavnics Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.*, 40: 596-605.

- Yan** W. 2002. Singular-value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. *Agron. J.* 94:990-996.
- Yan** W., Kang M. S., Ma B., Woods S. and Cornelius P. L. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science* 47:643-655.
- Yue** G. L., Roozeboom K. L., Schapaugh Jr. W. T. and Liang G. L. 1997. Evaluation of soybean cultivars using parametric and nonparametric stability estimates. *Plant Breeding* 116:271-275.

VIII. APÉNDICE

Cuadro A.1 Claves de híbridos experimentales y testigos comerciales empleados en la evaluación.

Clave	Genealogía		Clave	Genealogía		Clave	Genealogía	
1	NSSFT/SSS0B	E	26	NSSFV/SSSG7	E	51	NSSFW/SSSKM	E
2	NSSFV/SSS0B	E	27	NSSFW/SSSG7	E	52	NSSFY/SSSKM	E
3	NSSFW/SSS0B	E	28	NSSFY/SSSG7	E	53	NSSFZ/SSSKM	E
4	NSSFY/SSS0B	E	29	NSSFZ/SSSG7	E	54	NSSG0/SSSKM	E
5	NSSFZ/SSS0B	E	30	NSSG0/SSSG7	E	55	NSSG1/SSSKM	E
6	NSSG0/SSS0B	E	31	NSSG1/SSSG7	E	56	NSSG2/SSSKM	E
7	NSSG1/SSS0B	E	32	NSSG2/SSSG7	E	57	NSSG3/SSSKM	E
8	NSSG2/SSS0B	E	33	NSSG3/SSSG7	E	58	NSSF5/SSSKM	E
9	NSSG3/SSS0B	E	34	NSSF5/SSSG7	E	59	NSSG4/SSSKM	E
10	NSSF5/SSS0B	E	35	NSSG4/SSSG7	E	60	NSSG5/SSSKM	E
11	NSSG4/SSS0B	E	36	NSSG5/SSSG7	E	61	NSSFT/SSSKP	E
12	NSSG5/SSS0B	E	37	NSSFT/SSSKT	E	62	NSSFV/SSSKP	E
13	NSSFT/SSSV3	E	38	NSSFV/SSSKT	E	63	NSSFW/SSSKP	E
14	NSSFV/SSSV3	E	39	NSSFW/SSSKT	E	64	NSSFY/SSSKP	E
15	NSSFW/SSSV3	E	40	NSSFY/SSSKT	E	65	NSSFZ/SSSKP	E
16	NSSFY/SSSV3	E	41	NSSFZ/SSSKT	E	66	NSSG0/SSSKP	E
17	NSSFZ/SSSV3	E	42	NSSG0/SSSKT	E	67	NSSG1/SSSKP	E
18	NSSG0/SSSV3	E	43	NSSG1/SSSKT	E	68	NSSG2/SSSKP	E
19	NSSG1/SSSV3	E	44	NSSG2/SSSKT	E	69	NSSG3/SSSKP	E
20	NSSG2/SSSV3	E	45	NSSG3/SSSKT	E	70	NSSF5/SSSKP	E
21	NSSG3/SSSV3	E	46	NSSF5/SSSKT	E	71	NSSG4/SSSKP	E
22	NSSF5/SSSV3	E	47	NSSG4/SSSKT	E	72	NSSG5/SSSKP	E
23	NSSG4/SSSV3	E	48	NSSG5/SSSKT	E	73	NSSFT/SSSK7	E
24	NSSG5/SSSV3	E	49	NSSFT/SSSKM	E	74	NSSFV/SSSK7	E
25	NSSFT/SSSG7	E	50	NSSFV/SSSKM	E	75	NSSFW/SSSK7	E

Clave	Genealogía		Clave	Genealogía		Clave	Genealogía	
76	NSSFY/SSSK7	E	101	NSSFZ/SSSKE	E	126	NSSG0/SSSKK	E
77	NSSFZ/SSSK7	E	102	NSSG0/SSSKE	E	127	NSSG1/SSSKK	E
78	NSSG0/SSSK7	E	103	NSSG1/SSSKE	E	128	NSSG2/SSSKK	E
79	NSSG1/SSSK7	E	104	NSSG2/SSSKE	E	129	NSSG3/SSSKK	E
80	NSSG2/SSSK7	E	105	NSSG3/SSSKE	E	130	NSSF5/SSSKK	E
81	NSSG3/SSSK7	E	106	NSSF5/SSSKE	E	131	NSSG4/SSSKK	E
82	NSSF5/SSSK7	E	107	NSSG4/SSSKE	E	132	NSSG5/SSSKK	E
83	NSSG4/SSSK7	E	108	NSSG5/SSSKE	E	133	NSSFT/SSS00	E
84	NSSG5/SSSK7	E	109	NSSFT/SSSKF	E	134	NSSFV/SSS00	E
85	NSSFT/SSSK9	E	110	NSSFV/SSSKF	E	135	NSSFW/SSS00	E
86	NSSFV/SSSK9	E	111	NSSFW/SSSKF	E	136	NSSFY/SSS00	E
87	NSSFW/SSSK9	E	112	NSSFY/SSSKF	E	137	NSSFZ/SSS00	E
88	NSSFY/SSSK9	E	113	NSSFZ/SSSKF	E	138	NSSG0/SSS00	E
89	NSSFZ/SSSK9	E	114	NSSG0/SSSKF	E	139	NSSG1/SSS00	E
90	NSSG0/SSSK9	E	115	NSSG1/SSSKF	E	140	NSSG2/SSS00	E
91	NSSG1/SSSK9	E	116	NSSG2/SSSKF	E	141	NSSG3/SSS00	E
92	NSSG2/SSSK9	E	117	NSSG3/SSSKF	E	142	NSSF5/SSS00	E
93	NSSG3/SSSK9	E	118	NSSF5/SSSKF	E	143	NSSG4/SSS00	E
94	NSSF5/SSSK9	E	119	NSSG4/SSSKF	E	144	NSSG5/SSS00	E
95	NSSG4/SSSK9	E	120	NSSG5/SSSKF	E	145	TA1	C
96	NSSG5/SSSK9	E	121	NSSFT/SSSKK	E	146	TA2	C
97	NSSFT/SSSKE	E	122	NSSFV/SSSKK	E	147	TA3	C
98	NSSFV/SSSKE	E	123	NSSFW/SSSKK	E	148	TA4	C
99	NSSFW/SSSKE	E	124	NSSFY/SSSKK	E	149	TB1	C
100	NSSFY/SSSKE	E	125	NSSFZ/SSSKK	E	150	TB2	C

E = experimental, C = comercial.

Cuadro A.2 Agrupación estadística de 12 probadores en base a la prueba de Tukey.

PROBADOR	MEDIA	REND	C. H
7	12507.4	A	A
1	12430.4	A B	F
9	12419.6	A B C	C
11	12397.5	A B C	B
6	12229.7	A B C	D
2	12082.2	A B C D	E
4	12032.1	A B C D	C
8	11938.2	B C D	F
3	11892.3	C D	B
5	11688.3	D E	D
10	11558.2	D E	B
12	11306.2	E	F

Medias con la misma letra son estadísticamente iguales; rendimiento (REND), contenido de humedad (C. H).

Cuadro A.3 Agrupación estadística de 12 líneas en base a la prueba de Tukey.

LÍNEA	MEDIA	REND	C. H
1	12696.4	A	B C
12	12619.7	A B	C D
7	12577.4	A B C	A
10	12319.5	A B C D	E F
2	12250.2	A B C D E	D E F
5	12124.2	B C D E	D E F
3	12050.9	C D E	F
4	11952	D E F	B
6	11852.8	D E F	D E
8	11746.1	E F	C D
9	11451.7	F	E F
11	10841	G	G

Medias con la misma letra son estadísticamente iguales; rendimiento (REND), contenido de humedad (C. H).

