

**VALORACIÓN DE GENOTIPOS EXPERIMENTALES DE
MAÍZ CONSIDERANDO ESTABILIDAD E ÍNDICES DE
SELECCIÓN FENOTÍPICOS Y GENOTÍPICOS**

OLGA LILIA HERNÁNDEZ MARTÍNEZ

TESIS

Presentada como Requisito Parcial para
Obtener el Grado de:

**MAESTRO EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO**



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
ANTONIO NARRO
PROGRAMA DE GRADUADOS**

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

Junio de 2010

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIRECCIÓN DE POSTGRADO

**VALORACIÓN DE GENOTIPOS EXPERIMENTALES DE MAÍZ
CONSIDERANDO ESTABILIDAD E ÍNDICES DE SELECCIÓN FENOTÍPICOS
Y GENOTÍPICOS**

TESIS POR

OLGA LILIA HERNÁNDEZ MARTÍNEZ

**Elaborada bajo la supervisión del comité particular de asesoría y aprobada
como requisito parcial, para optar al grado de**

**MAESTRÍA EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO**

COMITÉ PARTICULAR

Asesor principal:

MC. Arnoldo Oyervides García

Asesor:

Dr. Humberto De León Castillo

Asesor:

MC. Daniel Sámano Garduño

Asesor:

Dr. Alfredo de la Rosa Loera

Asesor:

Dr. Víctor M. Zamora Villa

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

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

AGRADECIMIENTOS

A Dios. Por permitirme llegar hasta este momento tan importante de mi vida y lograr otra meta más en mi carrera y por ser quien me ha dado las fuerzas necesarias para continuar luchando día tras día y seguir adelante rompiendo todas las barreras que se me presentan.

A la Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro”. Por brindarme la oportunidad de realizar mis estudios de maestría a través del Departamento de Fitomejoramiento.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). Por el apoyo económico otorgado durante mi estancia en la maestría.

Al MC. Arnoldo Oyervides García. Gracias por las sugerencias y contribuciones aportadas para la realización de este trabajo.

Al Dr. Humberto De León Castillo. Por su apoyo, confianza y su capacidad para guiar mis ideas ha sido un aporte invaluable, no solamente en el desarrollo de esta tesis, sino también en mi formación como Maestra en Ciencias.

Al MC. Daniel Sámano Garduño. Por su dedicación, paciencia e invaluable cooperación en este trabajo. Y sobre todo por su valiosa amistad y apoyo brindado en todo momento.

Al Dr. Alfredo de la Rosa Loera. Por estar en la mejor disposición ante las dificultades que se presentaron a lo largo de la escritura del presente documento.

Al Dr. Víctor M. Zamora Villa. Por su valiosa colaboración y tiempo dedicado en la elaboración de esta tesis.

Al Ing. Raúl Gándara y MC. Beatriz Treviño. Gracias por su apoyo brindado en el trabajo de campo, así como su colaboración en la escritura de esta tesis.

A todos mis compañeros y amigos: Ma. Luisa, Lic. Sandra, Peña, Pancho, Paco, Lulú, Zafra, Samuel, Yancy, Cristóbal, Cahuare, Deisy, Marco Antonio, José Antonio y a todos aquellos con quienes compartí momentos inolvidables durante mi estancia en la maestría.

A todos, los tendré presente. **Muchas gracias.**

DEDICATORIA

Dedico esta tesis especialmente:

A mis Padres: *Faustina y Cipriano*

A quienes me dieron la vida, quienes sin esperar nada, lo dieron todo. Por todo el apoyo y paciencia que han tenido conmigo desde que supieron mi deseo por alcanzar otra de mis metas. Esto es el fruto de lo que siempre me han enseñado con hechos y no con palabras. Por todo esto, quiero que sientan que el objetivo logrado, también es de ustedes y que la fuerza que me ayudó a conseguirlo, fue su amor. Dios me ha dado la suerte de tenerlos y la oportunidad de contar con ustedes. Gracias por todo, los quiero mucho.

A mis Hermanos: *Floridalía, Catalina y Gildardo*

Por su cariño, apoyo y comprensión. Quienes, cada uno a su manera me mostraron diferentes perspectivas de la vida.

A mis Sobrinos: *Gildardo, Armando, Develyn y Cipriano Suriel*

Por hacerme la tía más privilegiada del mundo y darle luz a mis días. Por ser lo más hermoso que yo tengo, por ustedes quiero ser cada día mejor porque su candidez me llena de vida. Gracias por existir en mi vida, los amo.

A mis Cuñados: *Cristina y Matilde*

Por sus palabras de aliento y consejos que siempre me han brindado, gracias.

A mis Abuelos: *Hermelinda y Trinidad*

Por su cariño tan especial y su confianza de siempre.

A mis Tíos: *Isidro, Gregorio, Laura, Teófila, y Francisco*

Por brindarme siempre su apoyo y orientación en los momentos difíciles y cuando más lo necesite.

COMPENDIO

VALORACIÓN DE GENOTIPOS EXPERIMENTALES DE MAÍZ CONSIDERANDO ESTABILIDAD E ÍNDICES DE SELECCIÓN FENOTÍPICOS Y GENOTÍPICOS

POR

OLGA LILIA HERNÁNDEZ MARTÍNEZ

**MAESTRÍA EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO**

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Junio 2010

MC. Arnoldo Oyervides García ---Asesor---

Palabras clave: índices de selección, modelo de regresión de los sitios, línea, probador.

El presente trabajo de investigación planteó los siguientes objetivos: I) Identificar híbridos con buena estabilidad y características agronómicas deseables, bajo diversos ambientes. II) Identificar líneas superiores de maíz por su comportamiento genético a través de su aptitud combinatoria general (ACG). III) Seleccionar los mejores probadores por su potencial para identificar líneas sobresalientes. IV) Clasificar a los ambientes de evaluación por su potencial para discriminar a los genotipos. El material genético estuvo formado por 166

híbridos generados a partir de 73 líneas S₅ y 6 cruzas simples usados como probadores, que fueron comparados con 11 testigos, de los cuales 4 son híbridos comerciales, 3 de la empresa Pioneer y uno de la UAAAN. La evaluación se realizó en Tlahuelilpan, Hgo., Celaya, Gto. y el Prado, N.L. durante la primavera del 2008. Para cada localidad la parcela experimental fue de un surco de 5 m de longitud con 30 plantas por surco, y una distancia entre surcos de 0.75 m para las dos primeras y de 0.92 m para la última. El diseño de siembra fue el de bloques incompletos con arreglo alfa-latice con 2 repeticiones por ambiente. Las variables registradas fueron: altura de planta (AP), floración masculina (FM), sincronía floral (SF), relación mazorca-planta (RMP), prolificidad (PROL), acame de raíz (AR), acame de tallo (AT), mala cobertura (MC), calificación de planta (CP), calificación de mazorca (CM), rendimiento (REND), altura de mazorca (AM) y floración femenina (FF) de las cuales las 11 primeras se agruparon en un índice de selección (IS) y fueron calculadas por repetición para los híbridos experimentales. Con los valores de IS por repetición se obtuvieron medias por localidad para modelar la interacción genotipo \times ambiente (G \times A) a través del SREG, así también se realizó un análisis de varianza combinado a través de ambientes para la variable IS de valores fenotípicos. La fuente de variación genotipos se desglosó en cruzas triples, testigos y una comparación entre ellos por medio de un contraste ortogonal, a su vez las cruzas triples fueron particionadas en los efectos que presentaron cada uno de los probadores. La selección agronómica de las líneas se realizó por cada probador. Del total de líneas 20 coincidieron con 3 probadores, de tal manera que esta información se analizó mediante el diseño Línea \times Probador y

se realizó para 11 variables, obteniendo con ello efectos de ACG de líneas y probadores. Los valores de ACG se integraron en un IS para facilitar la selección. Sin embargo, el análisis de varianza se realizó solo para tres variables (FM, RMP y REND). El análisis de varianza combinado mostró diferencias significativas entre ambientes y genotipos, manifestando que entre los ambientes de evaluación existen condiciones diferentes, y la diferencia entre genotipos se debió a que los progenitores que dieron origen a los híbridos experimentales presentan una amplia diversidad genética. Cabe señalar que el efecto de las cruzas triples fueron las de mayor contribución a dicha variación seguida de los testigos, ya que en el contraste no hubo diferencias. En la G \times A también hubo diferencias, lo cual muestra que los tratamientos tuvieron un ordenamiento diferente a través de ambientes, esta variación también se debió a las cruzas triples, ya que los testigos presentaron buena estabilidad a través de ambientes. El modelo SREG permitió identificar como superiores a los híbridos 100, 4, 98, 34 y 29, sin embargo, solo el 29 y 4 se ubicaron entre el germoplasma más estable. En cuanto a los probadores fueron seleccionado el dos (MLS4-1 x PE-115-3) perteneciente al grupo enano y el probador seis (351-296-1-6 x 43-46-2-3-2) del grupo tropical. El ambiente de Celaya, Gto., fue el que mostró un mayor poder de discriminación de genotipos y el Prado N.L. fue el más representativo del mega-ambiente estudiado. Los resultados del análisis línea \times probador se encontró diferencias significativas entre genotipos para todas las variables AP, RMP y REND, estos resultado pudo deberse al efecto de líneas que fue la de mayor contribución a la variación total aportando un 77.52%, 54.11% y 50.50% para las variables AP, RMP y REND, seguido de

línea \times probador (19.81%, 36.77%, y 43.48%). El efecto de probador fue el de menor aportación en todos los casos. La G \times A manifestó diferencias solo en la variable REND, y fue causada mayormente a la contribución de las líneas, ya que los probadores mostraron buena estabilidad a través de ambientes. La G \times A de líneas y probadores se modeló mediante el SREG, lo que permitió seleccionar a las líneas 8 (PN-305-2-A-2-2), 7(PN-305-2-A-2-1) y 5 (PN-305-2-A-1-2).

ABSTRACT

CORN EXPERIMENTAL GENOTYPES VALORATION CONSIDERING STABILITY AND SELECTION INDEX OF PHENOTYPES AND GENOTYPES

By

OLGA LILIA HERNÁNDEZ MARTÍNEZ

**MASTER OF SCIENCE IN
PLANT BREEDING**

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. June 2010

MC. Arnoldo Oyervides García ---Advisor---

Key Words: selection index, sites regression model, line, tester.

The main objectives de la present research was: I) Identify hybrids with a good stability and desireable agronomicals characteristics under various environments. II) Identify superior corn lines based on their genetic behavior through their general combining ability (ACG). III) Select the best testers based on their potential to identify outstanding lines. IV) Classify the evaluation environments based on their potential to discriminate the genotypes. The genetic material was formed by 166 hybrids generated from 73 lines S_6 and 6 single crosses used as testers, which were compared with 11 checks, from which, 4 was commercial hybrids, 3 from Pioneer Company and 1 from the

UAAAN. The crosses were evaluated in Tlahuelilpan, Hgo. Celaya, Gto., and the Prado, N.L., during Spring 2008. For each location the experimental plot was from a 5m long row with 30 plants by row and a distance of 0.75m between rows for the two first ones locations and 0.92 m for the last one. The experimental design was an incomplete blocks with alpha-lattice arrangement with 2 replications for each environment. The variables registered were: plant height (PH), male flowering, (MF), floral synchrony (FS), ear-plant relation (EPR), ears per plant (PROL), stalk lodging, (SL) root lodging (RL), husk cover (HC), plant qualification (PC), ear qualification (EC), yield (Y), ear height, and female flowering (FF), which ones and were calculated by replication for the experimental hybrids. With the SI measurements values by location were obtained to model the G x A through the SREG, in the same way a combined variance analysis was performed through environments for the variable IS of phenotypical values. The genotype variability source was partitioned in three way crosses, checks and a comparison between them through an orthogonal contrast, at the same time the three way crosses were partitioned (divided) according to the effects presented in each of the testers. The agronomical selection of the lines was performed by each tester. From the total of lines, 20 coincided with 3 testers thus, this information was analyzed through the Line x tester design and it was performed for 11 variables, obtaining with this effects of ACG lines and testers. The values of ACG were integrated in an IS to facilitate the selection. Nevertheless, the analysis of variability was performed only for three variables (FM, RPM and REND). The combined analysis of variability showed significant difference among environments and genotypes, manifesting

that among the environments of evaluation exist different conditions, and the difference among genotypes was due to that the progenitors which gave origin to the experimental hybrids present a broad genetic diversity. It is necessary to point out that the effect of the three way crosses were the ones with the most contribution to such a variation followed by the checks since there were no differences in the contrast. In the G x A there were also differences, which shows that the treatments had different order through environments, such variation was also due to the three way crosses, since the checks presented a good stability through the environments. The SREG model allowed identify as superiors hybrids, the 100, 4, 98, 34 and 29, however, only 29 and 4 were the more stable. In relation to the testers, the number 2 (MLS4-1 x PE-115-3) was selected belonging to the dwarf group and the number 6 tester (351-296-1-6 x 43-46-2-3-2) from the tropical group. The Celaya, Guanajuato was the most power full environment for genotype discrimination and the Prado, Nuevo León, it was the most representative of the mega-environment. The result of the analysis line x tester was the following: there were significant differences among genotypes for all the variables AP, RMP, and REND, this result must have been due to the effect of lines which was the mayor contribution to the total variation contributing a 77.52%, 54.11% and 50.50% for the variables AP, RMP and REND, followed by line x tester (19.81%, 36.77% and 43.48%). The tester effect was the one with the minimum of contribution in all cases. The G x A manifested differences only in the variable REND, and it was caused mainly to the contribution to the lines, since the testers showed good stability through environments. The G x A of lines and testers was analyzed through the SREG,

which allowed selecting the lines 8 (PN-305-2-A-2-2), 7 (PN-305-2-A-2-1) and 5 (PN-305-2-A-1-2).

ÍNDICE DE CONTENIDO

	Página
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivos.....	3
Hipótesis.....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	5
Aptitud Combinatoria.....	6
Probadores.....	8
Grupos y Patrones Heteróticos.....	10
Índices de Selección (IS).....	12
Interacción Genotipo Ambiente (G □	14
A).....	
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	18
Material genético.....	18
Descripción de los ambientes empleados en la evaluación.....	22
Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra.....	23
Labores culturales.....	23
Variables registradas.....	24
Ajuste del rendimiento por covarianza.....	27
Índice de selección de ponderación libre.....	28
Análisis de varianza general.....	31
Diseño experimental.....	31
Análisis de Regresión en los Sitios (SREG).....	33
Diseño genético.....	35
Criterios de selección.....	38

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	39
Análisis de varianza general.....	39
Selección de híbridos triples mediante el modelo SREG.....	44
Selección de líneas en base a IS de valores fenotípicos.....	47
Exploración de la interacción genotipo \times ambiente por el probador	48
2.....	
Exploración de la interacción genotipo \times ambiente por el probador	50
6.....	
Análisis de línea x probador.....	52
Análisis de índices de selección de ponderación libre para ACG.....	55
V. CONCLUSIONES.....	58
VI. RESUMEN.....	59
VII. LITERATURA CITADA.....	61
VIII. APÉNDICE.....	70

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Página
3.1	Genealogía de líneas y probadores de híbridos triples empleados en la evaluación.....	21
3.2	Genealogía de híbridos usados como testigos en los tres ambientes de evaluación.....	22
3.3	Características geográficas y climatológicas de los ambientes de evaluación.....	22
3.4	Fechas de siembra para cada ambiente de evaluación....	23
3.5	Metas e intensidades utilizadas por repetición para el cálculo de Índices de selección de 11 variable fenotípicas.....	30
3.6	Estructura del análisis de varianza combinado para las tres localidades.....	32
3.7	Metas e intensidades por localidad para el cálculo de índice de selección de ACG de líneas y probadores.....	37
4.1	Cuadros medios del análisis de varianza combinado a través de ambientes para los genotipos y su descomposición, para la variable IS.....	43
4.2	Selección de las mejores 10 líneas en base a media IS de cada probador.....	47
4.3	Cuadros medios de 60 híbridos experimentales derivados de seis poblaciones.....	55
A1	Media general de probadores en base a IS.....	71

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura		Página
4.1	Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS de los híbridos; CP1 y CP2= Primero y segundo componente; A1= Tlahuelilpan, Hgo; A2= Celaya, Gto; A3= El Prado, N.L; P= Coordenadas del probador virtual	45
4.1A	Proyección del recuadro de la figura 1 donde se aprecia el probador virtual y el comportamiento de los híbridos.....	46
4.2	Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS de probadores; CP1 y CP2= Primero y segundo componente principal; A1= Tlahuelilpan, Hgo; Gto. A2= Celaya, Gto; A3= El Prado, N.L; P= Coordenadas del probador virtual.....	49
4.3	Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS de probadores; CP1 y CP2= Primero y segundo componente principal; A1= Tlahuelilpan, Hgo; Gto. A2= Celaya, Gto; A3= El Prado, N.L; P= Coordenadas del probador virtual.....	51
4.4	Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS de ACG de 20 líneas a través de tres probadores; CP1 y CP2= Primero y segundo componente; A1= Tlahuelilpan, Hgo; A2= Celaya, Gto; A3= El Prado, N.L; P= Coordenadas del probador virtua.....	57

I. INTRODUCCIÓN

En el mejoramiento genético es un proceso continuo y constante la formación de híbridos y entre más amplio sea el conocimiento de su germoplasma, mayor será el éxito que se obtenga en la generación de híbridos superiores (González *et al.*, 1997).

Todo programa de mejoramiento tiene como objetivo principal el desarrollo de genotipos que posean características agronómicas superiores a los materiales originales, y que a su vez que respondan de manera satisfactoria a los ambientes diferentes, seleccionando los más promisorios (Medina *et al.*, 2002).

Para la formación de híbridos, es necesario tener conocimiento de las relaciones genéticas entre las líneas, y más aún, si estas son derivadas de poblaciones que no están relacionadas genéticamente, ya que es de mucha utilidad para la planificación de cruzamientos más exitosos (Betrán *et al.*, 2003).

Uno de los procedimientos que permiten valorar el comportamiento genético de un conjunto de líneas es a través de la aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) (Vasal *et al.*, 1997). Para calcular estos estimados entre otros, es necesario el uso de probadores y si estos son de reducida base genética, presenta una estrategia alternativa en la generación de híbridos. Sin embargo, si los probadores a utilizar presentan características diferentes y, en algunos casos hasta opuestas permitirán clasificar líneas en grupos heteróticos, logrando con ello eficientar la dirección de los cruzamientos para obtener mejores combinaciones híbridas (Fehr, 1982; Sierra *et al.*, 1991).

Como el atributo genético es específico para cada variable bajo observación el proceso de selección se complica cuando se quieren considerar varias características. Ante esta situación, se han originado diferentes metodologías que permiten considerar más de dos características sin sesgar la selección, tal es el caso del Índices de selección (IS) como lo es el descrito por Barreto *et al.* (1991).

Otro efecto de importancia que se debe considerar en el proceso de selección, es la interacción genotipo \times ambiente (G \times A), es decir, aquellos genotipos que interaccionen lo menos posible con el ambiente es un aspecto de importancia en todo programa de mejoramiento, ya que brinda la posibilidad de poder recomendar genotipos para ambientes específicos, así como realizar una selección más precisa de los mismo (Gordón *et al.*, 2006).

El programa de mejoramiento genético del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, cuenta con un grupo importante de líneas derivadas de diferentes poblaciones que pueden ser usadas en la formación de nuevos híbridos. Por lo que esta investigación se realizó con la finalidad de conocer su comportamiento genético para generar buenos híbridos, a través de un sistema de apareamiento que dio origen a 166 híbridos triples, buscando cumplir con los siguientes:

Objetivos

1. Identificar híbridos con buena estabilidad y características agronómicas deseables, bajo diversos ambientes.
2. Identificar líneas superiores de maíz por su comportamiento genético a través de su aptitud combinatoria general (ACG).
3. Seleccionar los mejores probadores por su potencial para identificar líneas sobresalientes.
4. Clasificar a los ambientes de evaluación por su potencial para discriminar a los genotipos.

Hipótesis

- a) Por el origen que tienen las líneas bajo estudio, existirá una amplia variabilidad genética entre los híbridos, existiendo al menos uno superior al resto.

- b) Debido a que las líneas provienen de diferentes poblaciones existirá una amplia diversidad genética, así como también una variación dentro de cada población, originando líneas con diferente potencial genético.
- c) Los probadores involucrados, aun cuando cinco pertenecen a la población enana presentarán diferente poder de discriminación y de combinación con las líneas.
- d) Aun cuando los tres ambientes de prueba se encuentran entre altitudes de 1000 y 2000 msnm tendrán diferente comportamiento y poder de discriminación.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

En el país, es casi nula la posibilidad de aumentar la superficie agrícola y también es difícil mejorar las condiciones de producción, para ello la mejor opción es incrementar la productividad mediante el uso de genotipos mejorado. Una de las recomendaciones para lograr altos rendimientos es mediante la siembra de híbridos, por su estabilidad de rendimiento en ambientes favorables, mayor uniformidad y sanidad de planta y mazorca (Gómez *et al.*, 2008).

El uso de híbridos triples representa una alternativa interesante para este propósito, ya que se aprovechan las ventajas que ofrece la heterosis, al cruzar líneas de relativa divergencia genética con cruzas simples de alto rendimiento. Lo anterior ofrece ventajas adicionales en la producción de semilla, ya que traería beneficios de mayor disposición y precios más baratos que los híbridos simples (Rodríguez *et al.*, 1997 y Sierra *et al.*, 2005).

Por su parte, Moreno *et al.* (2004) mencionan que para aumentar el rendimiento de maíz, es necesario aumentar la aptitud combinatoria de las poblaciones base y la divergencia genética entre ellas, para que presenten una mayor heterosis entre sus cruzas.

Aptitud combinatoria

En la formación de híbridos es importante identificar líneas con buena aptitud combinatoria, buen rendimiento *per sé*, y facilidad en la producción de semilla (Sierra *et al.*, 1992; Vasal y Córdova, 1996 y Espinosa *et al.*, 1998), ya que proveen información sobre la capacidad que tienen las líneas para la formación de híbridos.

Por su parte, Gutiérrez *et al.* (2004) establecen que para la formación de híbridos es importante conocer el comportamiento genético de los materiales usados como progenitores, así como también conocer la acción génica que controlan los caracteres de interés, medidos a través de la aptitud combinatoria, logrando mayor eficiencia en el programa de mejoramiento, al permitir seleccionar progenitores con un comportamiento promedio aceptable en una serie de cruzamientos e identificar combinaciones específicas con un comportamiento superior a lo esperado.

De la Rosa *et al.* (2006) afirman que el conocimiento de la aptitud combinatoria, diversidad genética y heterosis del germoplasma de un programa de mejoramiento es esencial para desarrollar híbridos.

Además, para el desarrollo de líneas e identificación de las mejores combinaciones híbridas, Antuna *et al.* (2003) establecieron que es muy importante tener amplia información sobre la aptitud combinatoria general

(ACG) y específica (ACE) de las fuentes de germoplasma que se tengan dentro de un programa de mejoramiento.

Montes (2007) señala que el uso de valores genéticos aumenta la expectativa de ganancia genética que sí se usarán valores fenotípicos, ya que la ACG permite seleccionar líneas con buen desempeño para ser utilizadas en un programa de mejoramiento, así mismo demuestra que la ACG mejora sustancialmente el desempeño genético de grupos *per sé* e incrementa en cantidad y calidad la respuesta a la selección.

El utilizar efectos de aptitud combinatoria tanto general como específica, permiten identificar progenitores (líneas y probadores) que resultan ser efectivos en sus combinaciones híbridas, así como también híbridos con buenas características, sin embargo, el considerar varias características en el proceso de selección resulta ser un problema trascendental, por ello, es necesario tomar en consideración valores de índices de selección (IS) permitiendo seleccionar el material más prometedor (Peña, 2008).

Hernández *et al.* (2007) indican que los valores de ACG incluidas en un IS brindan la posibilidad para la identificación eficiente y confiable de las mejores líneas y probadores de los híbridos.

Probadores

El uso de probadores, es un método que ayuda al fitomejorador a depurar, al inicio de un programa, las líneas con poco valor y seleccionar el germoplasma más prometedor (Vasal y Córdova, 1996).

Rawlings y Thompson (1962) establecen que un “probador” es aquel que clasifica correctamente el comportamiento de las líneas y que además discrimina de manera eficiente. Por ello en la evaluación de germoplasma se buscan probadores que clasifiquen y discriminen de forma correcta el comportamiento de cualquier material.

Vasal *et al.* (1999) mencionan que los probadores son esenciales para tener éxito en un programa de mejoramiento y que todo tipo de materiales, incluyendo poblaciones, sintéticos, híbridos y líneas endocriadas, son usados como probadores, y que en los últimos años el uso de líneas como probadores se ha incrementando significativamente.

El uso de probadores en la elección de líneas representa una estrategia metodológica alternativa en la generación de híbridos ya que permite de una manera eficiente dirigir cruzamientos y lograr mejores combinaciones híbridas (Sierra *et al.*, 1991).

Se considera que un buen probador debe permitir la selección de las líneas de mayor aptitud combinatoria que en consecuencia, al recombinarse deben producir sintéticos superiores. Alisson y Curnow (1966) desarrollaron esta forma de evaluar la calidad de un probador para contribuir a la identificación de las líneas de mayor aptitud combinatoria. Sin embargo, Castellanos *et al.* (1998), sugieren que en un programa de hibridación se deben usar cruza simples como probadores ya que permiten identificar líneas más sobresalientes.

La identificación y el desarrollo de probadores son un aspecto importante durante el proceso de mejoramiento de poblaciones o durante el proceso de desarrollo y evaluación de líneas (Vasal *et al.*, 1994), ya que permiten identificar con éxito las líneas no relacionadas con él. Sin embargo, cuando el objetivo del mejorador es separar grupos divergentes de líneas avanzadas, lo conveniente es usar como probadores dos líneas que formen un par heterótico, es decir, con alta ACE (Castellanos *et al.*, 1998).

Por otra parte, Márquez (1988) menciona que con el uso de este tipo de probadores también se pueden identificar líneas con alta ACG, mismas que pueden usar en la formación de variedades sintéticas.

El uso de probadores para la selección de líneas, representa una estrategia metodológica alternativa para la generación de híbridos, ya que

permite dirigir de manera eficiente los cruzamientos de las líneas seleccionadas y así lograr mejores combinaciones híbridas (Vasal *et al.*, 1994).

Estos mismos autores establecen que es necesario tener varios tipos de probadores bien definidos que permitan separar nuevos materiales y líneas en diferentes grupos heteróticos, y por consiguiente lograr la introgresión de estas nuevas fuentes de germoplasma para la formación de híbridos más eficientes, por lo tanto, es necesario tener probadores divergentes que pueden servir como criterio para la clasificación materiales en grupos heteróticos.

Cuando se utiliza un grupo de probadores divergentes en cruzas de prueba, se puede estimar la divergencia genética de las líneas involucradas y estas pueden ser clasificadas en diferentes grupos heteróticos basándose en el comportamiento de las cruzas y los probadores (Soengas *et al.*, 2003).

Grupos y Patrones heteróticos

Se define como grupo heterótico a un conjunto de individuos que muestran una aptitud combinatoria y respuesta heterótica similar cuando son cruzados con otros grupos germoplásmicos genéticamente diferentes. En cambio el término patrón heterótico se asigna a un par específico de grupos heteróticos que expresan una alta heterosis al ser cruzados, facilitando así el desarrollo de híbridos mas potenciales (Melchinger y Gumber, 1998).

Para identificar grupos y patrones heteróticos nuevos en un programa de mejoramiento, es necesario realizar una eficiente evaluación y clasificación de las fuentes de germoplasma disponible así como de sus combinaciones, esto se logra realizando cruzamientos entre líneas de diferentes grupo germoplásmico (Hallauer *et al.*, 1988).

El establecimiento y uso de grupos heteróticos son necesarios para facilitar el uso de la heterosis y predecir el comportamiento de los híbridos, así como también porque no se ha podido correlacionar el comportamiento de las líneas *per sé* con el comportamiento de la progenie híbrida para características agronómicas importantes, principalmente el rendimiento (Hallauer, 2000).

De León *et al.* (1999) establecen que la utilización de patrones heteróticos es un factor clave en la mayoría de los programas de mejoramiento genético de maíz, ya que permiten explotar la heterosis mediante cruzamientos entre diferentes grupos germoplásmicos y lograr con éxito la formación de híbridos sobresalientes.

Por otro lado, Mickelson *et al.* (2001) mencionan que el uso de patrones heteróticos permite explotar la relación heterótica entre poblaciones, incrementando la divergencia genética entre ellas, así como también, señalan que la formación de patrones heteróticos es efectivo para simplificar la formación de híbridos, porque queda definido el probador y el aprovechamiento

de la heterosis se maximiza a medida que se avanza en el proceso de selección.

Ahora bien, otro factor importante en los programas destinados a obtener híbridos de maíz, es el conocimiento de las relaciones genéticas entre las líneas ya que son de gran utilidad para la planificación de los cruzamientos (Nestares *et al.*, 1999 y Betrán *et al.*, 2003), para el desarrollo de nuevas líneas y para la asignación de líneas a grupos heteróticos (Pinto *et al.*, 2003). Por estas razones los fitomejoradores tienen un gran interés en la caracterización de la diversidad genética entre y dentro de los grupos heteróticos existentes, ya que permiten el desarrollo más eficiente de híbridos en el menor tiempo posible y menor costo económico (Vasal, 1991).

Índices de Selección (IS)

Los índices de selección (IS) surgen como una solución al problema de selección para más de una característica. Estos consideran, en forma simultánea, varios indicadores de mérito genético, ponderados por la importancia relativa que tenga las características en términos económicos, su heredabilidad y las correlaciones genéticas y fenotípicas que existen entre los diferentes caracteres. Xu (2003) establece que uno de los objetivos que tienen los fitomejoradores es seleccionar los mejores materiales, sin embargo este criterio dependerá de lo que se desea mejorar.

El IS comúnmente utilizado en los programas de mejoramiento por selección fue definido por Smith (1936) como una combinación lineal de los valores fenotípicos de los caracteres de interés y, según Hazel (1943) es un criterio para medir el mérito neto de mejoramiento de las unidades de selección. Para Falconer (1981) el IS es el mejor predictor lineal del valor de mejoramiento de la unidad de selección y toma la forma de la regresión múltiple del valor de mejoramiento sobre todas las fuentes de información.

Existen varios métodos para el mejoramiento simultáneo de varias características, siendo los de mayor importancia: la selección en tándem, selección simultánea de caracteres independientes e índices de selección. Cada uno de estos métodos tienen eficiencia diferente y el que proporcione una máxima ganancia genética por unidad de tiempo y esfuerzo es el mejor (Hazel y Lush, 1942; Baker, 1996; Henning y Teuber, 1996).

Hazel y Lush (1942) demostraron que la selección es más eficiente si es basada en un IS, comparado con la eficiencia del método tándem y el método de niveles independientes.

Peña, 2007 y Montes, 2008. Utilizaron IS tanto para características fenotípicas y valores genéticas de ACG, integrando estos valores en un IS para seleccionar los mejores progenitores. Una contribución de estos trabajos es que se hizo por localidad y pudo modelarse mediante la interacción genotipo \times ambiente.

Interacción Genotipo × Ambiente (G × A)

La interacción genotipo × ambiente (G × A) merece gran importancia en la evaluación de híbridos desarrollados para diferentes condiciones ambientales de producción, ya que es el problema más frecuente que enfrentan los fitomejoradores al seleccionar en presencia de este fenómeno, por ello es necesario conocer el comportamiento de los mismos a través de ambientes contrastantes. En gran medida el éxito de un programa de mejoramiento está asociado al conocimiento que se tenga de esta interacción (De la Vega, 2000).

La G × A ocurre cuando la variación ambiental tiene distinto efecto sobre genotipos diferentes ó cuando un mismo genotipo tiene una respuesta diferente al ser evaluado en diversos ambientes (Fox *et al.*, 1997 y Gordón *et al.*, 2006). En cambio, Campbell y Jones (2005) la definen como la respuesta diferencial de los genotipos en una determinada característica en diferentes ambientes.

Ante tal situación, es necesario que los genotipos se evalúen a través de distintos ambientes, principalmente contrastantes, ya que es una de las prácticas más usuales para la recomendación de nuevos materiales (Cutiño y Vidal, 2003) debido a que muchas poblaciones tienen baja adaptabilidad en las zonas maiceras típicas, a causa de sus pobres atributos agronómicos y alta interacción con el ambiente (Abel y Pollak, 1991).

Gordón *et al.* (2006) concluyen que la selección de genotipos que interaccionen lo menos posible con el ambiente, ha sido uno de los principales objetivos en los programas de mejoramiento genético tanto de las instituciones estatales como de las empresas que se dedican a la venta de germoplasma.

La interacción es de mucha importancia en la evaluación de híbridos, para ello, es necesario integrar los conceptos de adaptabilidad y estabilidad para definir el comportamiento de genotipos evaluados a través de ambientes contrastantes. La adaptabilidad es la capacidad de los genotipos de aprovechar de forma favorable los estímulos del ambiente; en cuanto que la estabilidad es la capacidad de los genotipos de mostrar un comportamiento altamente previsible en función del estímulo ambiental (Lin y Binns, 1994).

Según Lee *et al.* (2003) la estabilidad fenotípica ha sido reconocida como un importante objetivo de los programas de mejoramiento de plantas, ya que ha sido uno de los retos que han enfrentado los fitomejoradores para generar cultivares que respondan de forma favorable en diversos ambientes.

Así bien, para evitar la interferencia de la interacción $G \times A$ se han desarrollado diferentes modelos en los que se pueden estimar parámetros de estabilidad y que además contribuyen a disminuir el riesgo involucrado en la selección al realizar estimaciones empíricas. El modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) provenientes del inglés "Additive Main Effects and Multiplicative Interaction" fue propuesto por Gauch (1988),

este modelo ha contribuido a un mejor entendimiento de la interacción G \times A (Zobel *et al.*, 1988; Gauch y Zobel, 1988; Crossa *et al.*, 1991).

Crossa y Cornelius (2000) establecieron que el modelo AMMI se basa principalmente en un modelo estadístico lineal-bilineal, considerando términos lineales a los efectos principales de genotipos y de ambientes, los cuales se explican mediante un análisis de varianza (ANVA) convencional, el componente bilineal (no aditivo) se atribuye a la interacción genotipo \times ambiente y se analiza mediante la técnica de componentes principales (CP).

Estos mismos autores mencionan que todo esto se realiza con el propósito de reducir la dimensionalidad de la información y que se puedan manejar dos o tres ejes para su representación. El AMMI ha sido usado en el estudio de la interacción genotipo \times ambiente en una gran variedad de cultivos, debido a la facilidad de manejo e interpretación de sus datos en forma gráfica.

Para realizar una exploración de genotipos, ambientes y su interacción, existe el modelo regresión de sitios (SREG), siendo similar su interpretación que el modelo AMMI, solo que en el SREG permite la representación simultánea de genotipos y ambientes, basada en el análisis de componentes principales (Yan *et al.*, 2000).

Mediante el uso de este modelo se genera un gráfico de dos dimensiones llamado GGE Biplot, que permite identificar los genotipos más

sobresalientes en cada ambiente, además, es posible definir aquellos que exhiben mayor estabilidad. Por otra parte, el gráfico permite visualizar el agrupamiento de genotipos y ambientes (mega-ambiente) con patrones similares de respuesta, así como identificar los ambientes más representativos y los más discriminatorios (Yan, 2002).

Generalmente, los gráficos "GGE biplot" se confeccionan utilizando los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2), derivados de la descomposición de los efectos combinados de genotipos más la interacción genotipo por ambiente ($G + G \times A$). El CP1 cuando se encuentra altamente correlacionada con el efecto principal de genotipo, representa la proporción del rendimiento que se debe solo a las características del genotipo. El CP2 representa la parte del rendimiento debida a la interacción genotipo ambiente (Yan *et al.*, 2001).

En resumen, estos gráficos permiten elegir el genotipo de mayor potencial en cada ambiente y luego se pueden agrupar los genotipos y ambientes con patrones similares de respuesta.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético

El material genético estuvo formado por 73 líneas S₅ derivadas de diferentes poblaciones (precoz, exótico, enano, tropical, ideotipo y QPM) y seis cruza simples utilizadas como probadores, de los cuales cinco son de la población enana y una de la población tropical, todos estos materiales provenientes del Instituto Mexicano del Maíz de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN). Cada línea fue cruzada con, al menos dos probadores en el campo experimental “Dr. Mario E. Castro Gil” de la UAAAN, ubicada en la localidad de Tepalcingo, Morelos durante el ciclo otoño-invierno 2007-2008.

A continuación se da una breve descripción de las diferentes poblaciones de las cuales fueron derivadas las líneas:

Grupo normal (precoz). Esta población se formo a partir de líneas *élite* del programa de mejoramiento del Bajío, ya que eran líneas tardías y ante tal situación se sometieron a un programa de selección gamética con cuatro donadores de materiales precoces (Zacatecas 58, Cafime, VS 201 y Zapalote Chico). Posteriormente se derivaron 1000 líneas que se sometieron a un

programa de selección *per sé* y de aptitud combinatoria, quedando 10 líneas S₅, las cuales se llevaron a un proceso de recombinación para obtener la población precoz.

Grupo exótico. Cuyas líneas se derivaron de una población constituida mediante la recombinación de híbridos comerciales a los que previamente se les seleccionó por poseer altos efectos de aptitud combinatoria general.

Grupo enano. Líneas derivadas de un población de plantas braquíticas que soportan altas densidades de población. Muestra una gran plasticidad de adaptación, excelente respuesta a las combinaciones híbridas y responden positivamente a la aplicación de insumos. Exhiben madurez diversa por lo que se pueden encontrar líneas precoces a intermedias, entrenudos cortos debajo de la mazorca, tendencia a la prolificidad, hojas breves erectas, y espigas compactas.

Grupo Trópico. Cuyas líneas se han derivado de poblaciones con un origen 100% tropical, de ciclo variado, altamente seleccionadas y que no fueron derivadas de una población común.

Grupo Ideotipo. Líneas constituidas por plantas con excelentes atributos agronómicos, originándose de la transformación de plantas enanas a plantas normales por medio de un programa continuo de retrocruzas, siendo el donador una población de amplia y selecta base genética con adaptación al área de El

Bajío. El grupo incluye individuos de altura intermedia, hojas cortas y erectas, espiga compacta, madurez intermedia, alto índice de cosecha y perfecta adaptación a regiones con altitudes de 1000 a 2000 msnm.

Grupo QPM. Estas líneas se caracterizan por poseer una amplia adaptación al área de El Bajío y fueron constituidas a partir de líneas proporcionadas por el programa de maíz del Centro de Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT); tales líneas poseen un alto contenido de aminoácidos (lisina y triptófano).

La genealogía del material utilizado en el presente estudio se muestra en el Cuadro 3.1 que corresponden a los progenitores, es decir, líneas y probadores que dieron origen a los híbridos triples.

Esta serie de cruzamientos dio origen a 166 híbridos triples experimentales, que fueron comparados con 11 testigos, de los cuales 5 son cruza dobles formados por la crusa del probador tropical por cada probador enano, otro es una crusa triple también entre tropical por enano y el probador tropical como tal. También se incluyo como testigos a 4 híbridos comerciales, 3 de la empresa Pioneer y uno de la UAAAN, la descripción de los testigos, se muestra en el Cuadro 3.2.

Cuadro 3.2. Genealogía de híbridos usados como testigos en los tres ambientes de evaluación.

Testigos	Genealogía
T1 *	AN-452
T2 *	30 F 83
T3 *	32 D 06
T4 *	30 V 46
T5	43-46 x 351-296
T6	(43-46x351-296) x MLS4-1
T7	(MLS4-1xLBCPC4S4) x (351-296-1-6x43-46-2-3-2)
T8	(MLS4-1x232-10-11-1-A-A) x (351-296-1-6x43-46-2-3-2)
T9	(MLS4-1xPE-115-3) x (351-296-1-6x43-46-2-3-2)
T10	(255-18-19-60xMLS4-1) x (351-296-1-6x43-46-2-3-2)
T11	(255-18-19-60xPE-115-3-1) x (351-296-1-6x43-46-2-3-2)

T= testigos 1, 2, 3,4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, respectivamente; *= Testigos comerciales.

Descripción de los ambientes empleados en la evaluación.

Para la evaluación de los 177 híbridos (166 experimentales y 11 testigos) se utilizaron tres localidades con altitudes entre 1000 y 2000 msnm, siendo éstas las siguientes: Tlahuelilpan, Hgo., Celaya, Gto. y el Prado, N.L. cuyas principales características se presentan en el Cuadro 3.3.

Cuadro 3.3 Características geográficas y climatológicas de los ambientes de evaluación.

Ambiente	Altitud (msnm)	Latitud Norte	Longitud Oeste	Precipitación Media anual (mm)	Temperatura media (°C)
Tlahuelilpan, Hgo.	2040	20°07'	99°13'	597	18
Celaya, Gto.	1754	20°38'	101°38'	675	21
El Prado, N. L.	1890	24°12'	100°05'	300	18

Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra

Para cada localidad la parcela experimental fue de un surco de 5 m de longitud con 30 plantas por surco, y una distancia entre surcos de 0.75 m para Tlahuelilpan, Hgo., y Celaya, Gto., teniendo una densidad de población de 80000 pts /ha⁻¹ y de 0.92 m para El Prado, N. L., obteniendo una densidad de 63000 pts /ha⁻¹. La siembra del material se realizó de forma manual, depositando una semilla por golpe. El diseño de siembra fue el de bloques incompletos con arreglo alfa-latice (0,1) con 2 repeticiones por ambiente. Las fechas de siembra por ambiente se muestran en el Cuadro 3.4.

Cuadro 3.4. Fechas de siembra para cada ambiente de evaluación.

Ambiente	Fecha de siembra
Tlahuelilpan, Hgo.	31 de marzo de 2008
Celaya, Gto.	18 de mayo de 2008
El Prado, N. L.	23 de mayo de 2008

Labores culturales

Fertilización.

La fertilización para los tres ambientes de evaluación fue 120 60 60 de nitrógeno, fósforo y potasio, respectivamente; aplicándose la mitad del nitrógeno y todo el fósforo y potasio al momento de la siembra, y resto del nitrógeno se aplico al realizarse el primer cultivo.

Riegos.

Fueron variables y estuvieron sujetos a la humedad disponible en cada ambiente de evaluación, el único común fue a la siembra.

Control de malezas.

En todos los ambientes de evaluación se utilizó un herbicida preemergente denominado Primagram Gold[®] y fue aplicado después del riego de siembra, también se aplicó un herbicida post emergente llamado Herbipol.

Cosecha.

La cosecha se realizó por parcela útil y de forma manual para posteriormente registrar el peso de campo; las mazorcas se desgranaron y se registró el contenido de humedad.

Variables registrados

Altura de planta y mazorca (AP, AM). Es la longitud en metros entre la base de la planta y la hoja bandera y la base de la planta hasta la inserción de la mazorca principal, ambas medidas se realizaron en plantas representativas de la parcela experimental.

Días a floración masculina y femenina (FM y FH). Son los días transcurridos desde la fecha de siembra hasta que el cincuenta por ciento de las plantas de

la parcela experimental presentaron anteras dehiscentes (floración masculina) y estigmas receptivos (floración femenina).

Sincronía Floral (SF). Diferencia expresada en días transcurridos entre la floración masculina y floración femenina.

Relación mazorca-planta (RMP). Relación que existe entre la altura de la mazorca principal con respecto a la altura de la planta y esta expresado en por ciento.

$$RMP = \left(\frac{AM}{AP} \right) \times 100$$

Prolificidad (PROL). Número de mazorcas cosechadas entre número de plantas cosechadas expresado en porcentaje.

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

Acame de raíz (AR). Es el por ciento de plantas acamadas por parcela, considerando aquellas que presentaban una inclinación mayor de 30° con respecto a la vertical.

Acame de tallo (AT). Es el por ciento de plantas que presentan el tallo quebrado por debajo de la mazorca principal.

Mala cobertura (MC). Es el por ciento de plantas cuya mazorca no se encontró cubierta totalmente por las brácteas (totomoxtle) en relación con el total de las mazorcas cosechadas en cada parcela experimental.

Plantas con *Fusarium spp.* (PF). Por ciento de plantas que se observaron total o parcialmente dañadas por este hongo en cada parcela, con respecto al total de plantas establecidas.

Calificación de planta (CP). Es una calificación visual de las plantas en etapa de elote macizo que considera sanidad, uniformidad en tamaño y apariencia. La escala es de 1 a 5 (1 muy buena, 5 muy mala).

Calificación de mazorca (CM). Es una calificación visual de las mazorcas cosechadas por parcela útil y considerando aquellas de buena calidad (tamaño, sanidad, uniformidad y llenado de grano). La escala es de 1 a 5 (1 muy buena, 5 muy mala).

Peso de campo (PC). Es el peso total de mazorcas cosechadas por parcela útil, expresado en kilogramos.

Por ciento de humedad (%H). Se tomaron mazorcas representativas de cada parcela, a las cuales se les desgranó de 3 a 5 hileras a cada mazorca para obtener 250 gramos; esta muestra se somete a medida en un aparato *Dickie*

Jhon, que determina la humedad del grano y se realizó al momento de la cosecha.

Rendimiento (REND). Es la producción estimada por parcela experimental expresada en $t\ ha^{-1}$ de mazorcas al 15.5 % de humedad y se obtuvo al multiplicar el peso seco (PS) por el factor de conversión (FC).

$$PS = (100 - \% H/100) \square PC$$

Donde: % H = Por ciento de humedad del grano a la cosecha por parcela y

PC = peso de campo en kg.

$$FC = (10,000/APU*0.845*1000)$$

Donde:

10,000 = valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m^2 ; APU = área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre matas por el número exacto de plantas por parcela; 0.845 = constante para transformar el rendimiento de peso seco al 15.5 % de humedad; 1000 = constante para obtener el rendimiento en $t\ ha^{-1}$.

Ajuste del rendimiento por covarianza

Como el número de plantas por parcela fue variable debido a las condiciones ambientales y de manejo, se realizó un análisis de covarianza con el fin de estimar el efecto de esta variable en la expresión del rendimiento. Al determinar que existía significancia estadística en la covariable mediante la prueba de F, el rendimiento se ajustó mediante la fórmula siguiente:

$$\hat{Y}_{ij} = Y_{ij} - b_1(x - \bar{A})$$

Donde: \hat{Y}_{ij} = rendimiento corregido por covarianza; Y_{ij} = rendimiento observado; b_1 = coeficiente de regresión estimado x = número de plantas cosechadas en la parcela \bar{A} = promedio de plantas cosechadas en el experimento.

Índice de selección de ponderación libre

Con la expectativa de lograr una identificación más confiable de genotipos superiores para varias características en forma simultánea se empleó el índice de selección (IS) descrito por Barreto *et al.* (1991). En esta investigación para cálculo del IS se incluyeron 13 variables agronómicas de cada genotipo. Sin embargo, al momento de calcular el IS se detectaron correlaciones entre las variables altura de planta (AP) con altura de mazorca (AM) y floración femenina (FF) con floración masculina (FM), por lo que AM y FF se excluyeron del cálculo del IS.

El IS se estimó por repetición dentro de cada ambiente, para posteriormente realizar un análisis de varianza con la finalidad de estimar pruebas de hipótesis entre ambientes, repeticiones, genotipos y genotipos \square ambiente, tomando como criterio de selección los valores fenotípicos de cada híbrido experimental.

El procedimiento para el cálculo de IS fue siguiendo la metodología descrita por Barreto *et al.*, (1991) como sigue:

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

Donde: IS = Índice de selección, $Z_{j...n}$ = variable estandarizada, $M_{j...n}$ = meta de selección, $I_{j...n}$ = 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 variable j ; \bar{y} = promedio de todas las variables; S = desviación estándar del grupo de variables.

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 de los criterios establecidos. El genotipo que obtenga el valor de IS más pequeño es considerado como superior al reunir la mayoría de los caracteres requeridos en la selección.

La **meta de selección** está dada en unidades de desviaciones estándar del promedio, por lo tanto, para los híbridos triples experimentales el criterio que se utilizó para asignar la fue tomando en cuenta que se seleccionara solo el 10% del total de los híbridos bajo evaluación, usando valores positivos para seleccionar genotipos arriba de la media y, valores negativos para considerar aquellos debajo del promedio.

La **intensidad de selección** reflejó la importancia relativa de las diferentes variables utilizadas, tomando valores de 1 a 10, donde el valor más pequeño (1) se asignó a la variable de menor interés y el valor más alto (10) representa la variable de mayor importancia, siendo ambos valores definidos por el mejorador. En el Cuadro 3.5 se muestran las metas e intensidades utilizadas para la selección fenotípica de los híbridos.

Cuadro 3.5. Metas e intensidades utilizadas por repetición para el cálculo de Índices de selección de 11 variable fenotípicas.

Variable	L1R1			L1R2			L2R1			L2R2			L3R1			L3R2		
	M	M	I	M	M	I	M	M	I	M	M	I	M	M	I	M	M	I
Altura de planta (AP)	-1.8	-1.6	8	-1.5	-1.1	7	-1.4	-1.3	7	-1.4	-1.3	7	-1.4	-1.3	7	-1.4	-1.3	7
Calificación de planta (CP)	-1.8	-0.6	5	-1.3	-1.3	5	-1.1	-1.2	6	-1.1	-1.2	6	-1.1	-1.2	6	-1.1	-1.2	6
Calificación de mazorca (CM)	-2.5	-0.8	5	-0.6	0	0	-2	-0.3	5	-2	-0.3	5	-2	-0.3	5	-2	-0.3	5
Floración Masculina (FM)	-1.1	-1.1	9	-0.9	-1.4	7	-1.5	-0.8	8	-1.5	-0.8	8	-1.5	-0.8	8	-1.5	-0.8	8
Relación Mazorca-planta (RMP)	-1.4	-1.5	9	-1.3	-1.4	8	-1.3	-1.5	9	-1.3	-1.5	9	-1.3	-1.5	9	-1.3	-1.5	9
Acame de raíz (AR)	0	-0.9	5	-0.7	-0.9	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Acame de tallo (AT)	-0.4	-0.5	7	-0.2	-0.3	6	-0.2	-0.4	6	-0.2	-0.4	6	-0.2	-0.4	6	-0.2	-0.4	6
Sincronía Floral (SF)	-1.6	-1.3	8	-1.3	-1	7	-1.4	-1	7	-1.4	-1	7	-1.4	-1	7	-1.4	-1	7
Mala Cobertura (MC)	-0.9	-1.2	7	-0.7	-0.6	5	-0.8	-0.9	6	-0.8	-0.9	6	-0.8	-0.9	6	-0.8	-0.9	6
Plantas con <i>Fusarium</i> (PF)	-1.1	-1	7	-0.8	-0.7	6	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
Rendimiento (RTO)	1.3	1.4	10	1.5	1.2	10	1.3	1.2	9	1.3	1.2	9	1.3	1.2	9	1.3	1.2	9

L1, L2, L3= localidad uno, dos y tres, respectivamente; R1, R2= repetición uno y dos, respectivamente; M= meta; I= intensidad; X= variable no evaluada.

Análisis de Varianza General

Diseño experimental

El comportamiento agronómico de los híbridos experimentales, así como los testigos integrados en el índice de selección, se analizó bajo un diseño de bloques completos al azar combinado a través de ambientes con la finalidad de detectar diferencias estadísticas en las fuentes de variación (localidades, bloques dentro de localidad, genotipos y genotipos por localidad), siendo el modelo lineal el siguiente:

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

Donde: Y_{ijk} = variable de respuesta; μ = media general; A_i = efecto del i -ésimo ambiente; $B_{j(i)}$ = efecto de la j -ésimo bloque dentro del i -ésimo ambiente; G_k = efecto del k -ésimo genotipo; GA_{ki} = efecto del k -ésimo genotipo por el i -ésimo ambiente; ε_{ijk} = efecto del error.

Posteriormente se llevo a cabo la descomposición de la suma de cuadrados de genotipos en cruzas triples, testigos, un contraste entre cruzas triples vs testigos, a su vez las cruzas triples fueron particionadas en los efectos que presentaron cada uno de los probadores, por lo que se realizó un análisis de varianza para las cruzas dentro de cada uno de los probadores. Esto mismo se realizo para la interacción genotipo por localidad. Lo anterior con la finalidad

de realizar una exploración de la contribución de cada uno de los componentes a la variación total.

La estructura de los modelos empleados para el análisis de varianza involucrando en los tres ambientes se muestra en el Cuadro 3.6.

Cuadro 3.6. Estructura del análisis de varianza combinado para las tres localidades.

FV	GL
Ambientes (A)	A-1
Bloques/A	(r-1)A
Genotipos (G)	g-1
Cuzas triples (CT)	c-1
Probador (P1)	p-1
P2	p-1
P3	p-1
P4	p-1
P5	p-1
P6	p-1
Testigos (T)	e-1
CT vs T	1
G □ A	(g-1)(A-1)
CT □ A	(c-1)(A-1)
P1 □ A	(p-1)(A-1)
P2 □ A	(p-1)(A-1)
P3 □ A	(p-1)(A-1)
P4 □ A	(p-1)(A-1)
P5 □ A	(p-1)(A-1)
P6 □ A	(p-1)(A-1)
T □ A	(e-1)(A-1)
EE	Diferencia
TOTAL	Irtcjp-1

Análisis de regresión en los sitios (SREG)

Una vez obtenidos los valores de IS de los genotipos se procedió a modelar la interacción genotipo x ambiente (G x A) con la finalidad de conocer el comportamiento de los genotipos, ambientes y su interacción.

Para ello se realizó un análisis multiplicativo denominado Análisis de regresión en los sitios (SREG) que genera al gráfico “biplot” GGE, dicho modelo permite la identificación de los mejores genotipos con sus respectivos ambientes (Yan *et al.* 2001).

El modelo SREG está dado por la formula siguiente:

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

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

La gráfica biplot producida por el modelo SREG sufrió una modificación con la finalidad de manifestar a los genotipos de mayor estabilidad; el gráfico generado adquirió un término adicional al considerar los eigenvalores correspondientes a las coordenadas del promedio ambiental (CPA) denominado como "Probador virtual" (P). Con la nueva coordenada y considerando el origen se trazó una línea (P) que ocasionó la rotación de los ejes y de esta manera la estabilidad de los genotipos se midió por la distancia de las coordenadas de los materiales con relación a la abscisa mientras que los genotipos más estables fueron los más cercanos a esta línea P (Yan y Hunt, 2002).

A los resultados ofrecidos por el modelo lineal-bilineal SREG se le realizó una adecuación con el objetivo de poder argumentar los análisis en los que se considera a los valores de IS de cada genotipo, debido a que la metodología propuesta por Barreto *et al.* (1991) menciona que el mejor individuo es aquel que posee el valor más pequeño de IS. Esta modificación consistió en trasladar los vectores de los ambientes a una posición opuesta (negativa) a lo normal, sin perder el sentido para lo que inicialmente fue planteado el modelo.

Para obtener los resultados del gráfico GGE, fue necesario adecuar los datos originalmente descritos por Yan *et al.* (2000) en los cuales evaluó rendimiento de poblaciones en diferentes ambientes, para las condiciones prevaletentes en el presente trabajo.

Los datos fueron procesados empleando la rutina de SAS propuesta por Burgueño *et al.* (2003) denominado Gráfico y biplot GGE. Se denomina gráfico GGE cuando la parte multiplicativa del modelo sólo trabaja con los efectos de la interacción genotipo ambiente. El término biplot GGE se refiere a que en la parte multiplicativa del modelo se están analizando conjuntamente los efectos del genotipo y de la interacción genotipo ambiente.

Diseño Genético

La planeación de los cruzamientos buscaba que todas las líneas fueran cruzadas con todos los probadores, sin embargo no se llegó a cumplir con esto, debido a la no coincidencia del material involucrado, por lo que solo 20 líneas coincidieron con 3 probadores, originando 60 híbridos triples, los cuales se analizaron a través del diseño línea \times probador, siguiendo la metodología descrita por Singh y Chaudhary (1985), esto con la finalidad de estimar la aptitud combinatoria general (ACG) de líneas y probadores de cada localidad, utilizando el paquete estadístico SAS de Bartolome y Gregorio (2000) en el que fueron incluidas las 11 variables agronómicas, bajo el siguiente modelo genético:

$$Y_{ijkl} = \mu + A_i + \beta_{j(i)} + L_k + P_l + LP_{kl} + AL_{tk} + AP_{il} + ALP_{jkl} + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijkl} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; A_i = efecto de la i -ésima localidad; $\beta_{j(i)}$ = efecto de j -ésimo bloque dentro de la i -ésima localidad; 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 la i -ésima localidad; AP_{il} = efecto del l -ésimo probador por la i -ésima localidad; ALP_{jkl} = efecto de la k -ésima línea por el l -ésimo probador por la i -ésima localidad; ϵ_{ijkl} = error experimental.

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

Estimación de efectos de ACG para líneas:

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

Estimación de efectos de ACG para probadores:

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

Donde:

L_i = aptitud combinatoria de líneas; P_j = aptitud combinatoria de probadores; l = número de líneas; p = número de probadores; r = repeticiones; a = número de ambientes; $X_{i...}$ = sumatoria de la i -ésima línea; $X_{.j..}$ = sumatoria del j -ésimo probador; $X_{....}$ = sumatoria total.

Una vez estimados los efectos de ACG para todas las variables agronómicas y con la finalidad de realizar una selección más eficiente de líneas y probadores se integraron en un IS descrita por Barreto *et al.* (1991).

El criterio que se utilizó para la asignación de metas para IS de ACG fue considerando aquellas líneas que presentaron los mejores atributos de ACG, así mismo considerando los valores positivos y negativos según la variable de interés. Mientras que para la intensidad de selección fue la misma para las tres localidades y se asignó tomando en cuenta la importancia de cada variable analizada. En el Cuadro 3.7 se muestran los valores de metas e intensidades utilizadas para el IS de ACG de líneas y probadores.

Cuadro 3.7. Metas e intensidades por localidad para el cálculo de índice de selección de ACG de líneas y probadores.

Variable	Loc 1	Loc 2	Loc 3	Intensidad
	Meta	Meta	Meta	
AP	-0.36	-0.64	-0.84	8
CP	-0.91	-1.10	-0.55	5
CM	-1.04	-0.85	-0.87	5
FM	-0.54	-0.59	-0.61	9
SF	-1.25	-0.51	-1.06	8
RMP	-0.8	-1.24	-1.23	9
AR	-1.0	-0.86	-0.32	7
AT	-1.0	-0.50	-0.50	7
MC	-0.84	-0.80	-0.78	7
PF	-0.49	-0.50	X	7
REND	1.13	0.99	0.92	10

Loc 1, 2, 3: localidad uno, dos y tres, respectivamente; X= variable no evaluada.

Una vez calculados los IS de ACG de líneas y probadores de cada localidad se procedió a determinar el desempeño de las líneas, realizando un ordenamiento ascendente del valor de IS estimado dentro de cada ambiente,

considerando aquellas líneas que tuvieron el valor más bajo de IS como superiores. Así mismo se realizó un análisis exploratorio para conocer el comportamiento de líneas a través de ambientes, así como también para determinar qué ambiente es mejor para discriminar a las líneas en base a su valor de IS de ACG , éste análisis se realizó mediante el modelo SREG.

Criterios de selección

Para la selección de los mejores híbridos triples y líneas, los valores de IS se ordenaron de forma ascendente en cada uno de los ambientes, tomando en cuenta el valor más bajo de IS para su respectiva selección, y a su vez que los genotipos tuvieran un comportamiento constante a través de ambientes.

Otro factor que se tomó en cuenta fue la selección de los mejores probadores a través de ambientes, permitiendo así observar la variación que presentaron los probadores a través de los tres ambientes de evaluación, así mismo fueron seleccionados por su capacidad para discriminar a las líneas.

Otro criterio que fue considerado es la estabilidad de los genotipos, con el objetivo de realizar selección en aquellos que mostraron un alto potencial agronómico y fueran estables a través de ambientes, estos genotipos fueron identificados por la gráfica biplot que genera el modelo SREG propuesto por Yan y Hunt (2002).

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de varianza general

Con el fin de conocer el grado de variación de los híbridos, los ambientes involucrados y detectar la existencia de interacción $G \times A$; en este capítulo se presentan los resultados del análisis de varianza combinado de 177 híbridos evaluados en tres localidades diferentes durante el ciclo primavera del 2008. Para este análisis se considero como variable de respuesta el valor de Índice de Selección (IS) calculado para cada híbrido por repetición y ambientes, cuya información se presenta en el Cuadro 4.1.

En el análisis de varianza se observa diferencias significativas ($P \leq 0.01$) presentes entre ambientes, manifestando así condiciones diferentes para cada ambiente de evaluación, este resultado se debe a que las condiciones climáticas y edáficas son diferentes para cada ambiente (Cuadro 3.3).

Este resultado es favorable debido a que los genotipos se están sometiendo a condiciones ambientales diferentes por lo que se obtiene un conocimiento más preciso acerca del comportamiento de cada uno de los híbridos, cumpliéndose con lo que dice Gordón *et al.* (2006).

En la fuente de variación bloques dentro de ambientes se encontraron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$), lo que indica que el diseño fue eficiente.

Para la fuente de variación genotipos hubo diferencias significativas ($P \leq 0.01$) lo cual queda de manifiesto la variabilidad existente entre el valor de IS de los genotipos, resultando que al menos uno de ellos es diferente al resto. Esto refleja el diferente grado de combinación que existió entre las líneas y los probadores, debido posiblemente a que este material genético fue derivado de seis poblaciones germoplásmicas.

A causa de la significancia presente entre genotipos se procedió particionar la suma de cuadrados en cruza triple, testigos y un contraste entre ambos componentes, y así conocer la contribución de cada uno a la variación total.

Las dos fuentes de variación (cruza triple y testigos) presentaron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) indicando que en ambos casos se tiene una amplia variabilidad genética permitiendo de esta manera realizar selección de los más prometedores. El contraste ortogonal entre las cruza triple y los

testigos no presentaron diferencias estadísticas, lo que significa que tienen comportamiento similar entre ellos y que las cruza triples resultaron ser tan importantes como los testigos.

Debido a la variación presente en las cruza triples, fue necesario establecer cuál de los seis probadores fue el que más contribuyó a dicha variación, esto para tener una información más detallada de los resultados.

Se encontraron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para los probadores 1, 2, 5 y 6 (los tres primeros enanos y el último tropical) el hecho de encontrar diferencias en estos probadores es indicativo que tienen poder de discriminación. Considerando el valor de la suma de cuadrados el probador 5 y 6 son los de mayor poder de discriminación.

Los probadores 3 y 4 no presentaron diferencias estadísticas, lo que demuestra que ambos tienden a clasificar de forma similar a las líneas, por lo que no pueden ser considerados buenos probadores, ya que Rawling y Thompson (1962) afirman que un buen probador debe ser considerado eficiente, cuando éstos además de discriminar tiendan a clasificar correctamente a los genotipos evaluados.

La interacción de los genotipos con el ambiente (G \times A) presentó diferencias significativas ($P \leq 0.05$) lo cual muestra que los tratamientos tuvieron un ordenamiento diferente a través de los ambientes.

Al respecto, Ortiz *et al.* (2001) mencionan que cuando suceden este tipo de condiciones, dificulta la identificación de genotipos más sobresalientes ya que no es posible realizar mejoramiento en una sola localidad, pues se espera que la respuesta de la selección se exprese de forma diferente en el resto de los ambientes, por ello se deben realizar evaluaciones en varios ambientes.

El resultado anterior se debió a que solo las cruzas triples presentaron diferencias ($P \leq 0.05$) en la interacción con el ambiente, donde el probador 2 y 6 fueron los que causaron la significancia encontrada en la fuente anterior. Es importante señalar que cerca del 50% de los testigos fueron formados por el cruzamiento del probador tropical con los 5 probadores enanos, y como los testigos no presentaron interacción con el ambiente es de suponer que la inestabilidad observada en estos resultados es causada por algunas líneas.

Por tal motivo es necesario realizar un estudio más detallado donde se tome en consideración el efecto de la interacción en el proceso de selección como lo es el grafico GGE biplot (Yan *et al.*, 2000).

Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado a través de ambientes para los genotipos y su descomposición, para la variable IS.

FV	GL	SC	CM	
Ambientes (A)	2	1484.73	742.36	**
Bloques/A	3	376.96	125.65	**
Genotipos (G)	176	2588.42	14.71	**
Cruzas triples (CT)	165	2411.06	14.61	**
Probador 1 (P)	26	306.67	11.80	**
P2	17	291.08	17.12	**
P3	15	187.43	12.50	
P4	31	369.78	11.93	
P5	33	518.84	15.72	**
P6	36	488.11	13.56	**
Testigos (T)	10	173.67	17.37	**
CT vs T	1	3.68	3.68	
G □ A	352	2838.16	8.06	*
CT □ A	330	2767.18	8.39	*
P1 □ A	52	286.37	5.51	
P2 □ A	34	375.78	11.05	*
P3 □ A	30	228.76	7.63	
P4 □ A	62	631.87	10.19	
P5 □ A	66	536.08	8.12	
P6 □ A	72	393.30	5.46	*
T □ A	20	47.02	2.35	
EE		3511.59	6.65	
CV (%)	20.40			
Media general	12.64			
Media de CT	12.63			
Media de T	12.87			

*, **= significativo al 0.05 y 0.01 respectivamente; FV= fuente de variación; GL= grados de libertad; SC= suma de cuadrados; CM= cuadrados medios; EE= error experimental; CV= coeficiente de variación.

Selección de híbridos triples mediante el modelo SREG

Debido a que existió una contribución de consideración de la $G \times A$ se modeló dicha interacción mediante el SREG propuesto por Yan *et al.* (2001) ya que es un método que se puede considerar adecuado para agrupar ambientes y para describir el comportamiento de los genotipos en estos (Yan *et al.*, 2000).

En la Figura 4.1 se presentan el comportamiento de los ambientes, híbridos y su interacción a través de la grafica biplot GGE. En este gráfico se encontró que los tres ambientes de evaluación representan a un mismo mega-ambiente, es decir, tienen la cualidad de clasificar a los genotipos de manera semejante debido a que los ángulos que se formaron entre los vectores de los ambientes fueron menores a 90° , tal como menciona Yan *et al.* (2000).

Considerando también que aquellos genotipos y ambientes que se ubiquen dentro de un mismo sector están asociados y que el genotipo que se encuentre en el vértice del polígono de ese sector, tiende a ser el que más se asocia a ese ambiente, se establece que los genotipos 71, 110 y 80 tuvieron buen comportamiento en Celaya, Gto., el 100 y 98 para el ambiente de El Prado, N L, mientras que los híbridos 143, 17 y 42 lo fueron para el ambiente de Tlahuelilpan, Hgo.

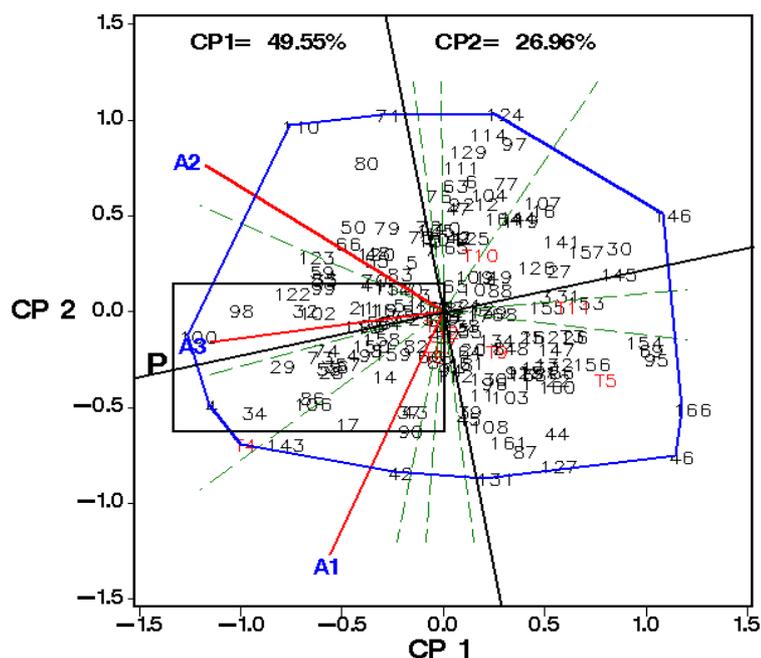


Figura 4.1. Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS de los híbridos; CP1 y CP2= Primero y segundo componente; A1= Tlahuelilpan, Hgo; A2= Celaya, Gto; A3= El Prado, N.L; P= Coordenadas del probador virtual.

El ambiente que presentó una mayor discriminación fue el ambiente de Celaya, Gto., por presentar el vector más largo, el ambiente que resulto ser más representativo de los tres fue el El Prado, N.L.

En la Figura 4.1A se tiene una proyección del recuadro de la Figura 4.1, en la que se tiene una mayor apreciación para identificar a los híbridos de mejor comportamiento, siendo dichos híbridos el 100, 4, 98, 34 y 29, sin embargo se encontró que los híbridos 29 y el 4 se ubicaron entre el germoplasma más estable por estar más cerca a la línea del probador virtual (P), otros híbridos que fueron estables aunque con un IS de selección no tan aceptable fueron los tratamientos 73 y 74.

En esta proyección se puede observar que el 27% de los híbridos experimentales supero a los 5 mejores testigos, ya sea en valor de IS, estabilidad y otros en ambos casos.

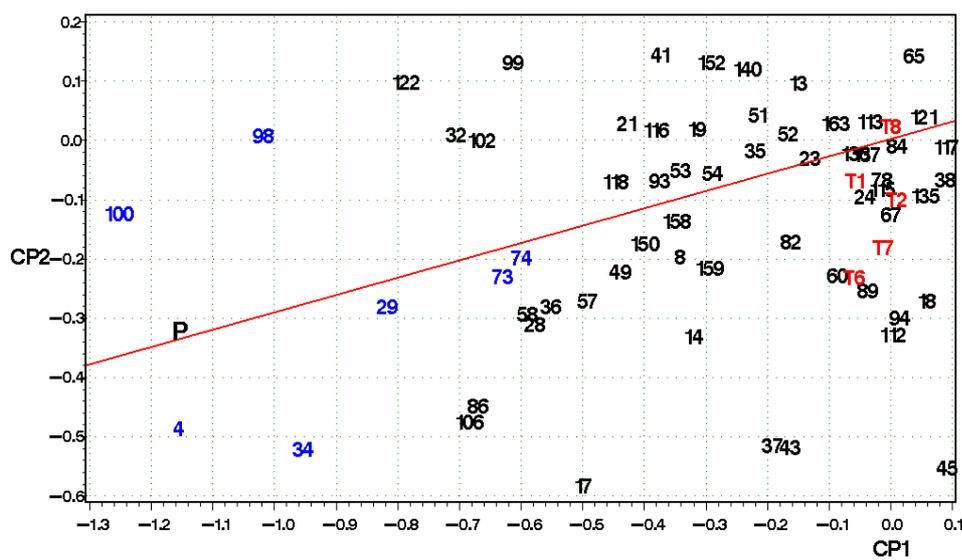


Figura 4.1A. Proyección del recuadro de la figura 4.1 donde se aprecia el probador virtual y el comportamiento de los híbridos.

Ahora bien considerando solo a los testigos (Figura 4.1A) se puede observar que el T1, T2, T6, T7 y T8 tienen un comportamiento similar en cuanto a IS y estabilidad, pero solo el T2 (30 F 83) es el híbrido comercial de la empresa Pioneer y el resto provienen del cruzamiento de un material enano por tropical. Esta similitud origina la pauta que el material enano por tropical forman un buen patrón heterótico. Estos resultados coinciden con lo reportado por López (2009).

Selección de líneas en base a IS de valores fenotípicos

En el Cuadro 4.2 se presentan las 10 mejores líneas para cada probador, siendo estas consideradas sobresalientes por sus valores en índices de selección (IS) de valores fenotípicos. Los probadores 1, 3, 4 y 5 resultaron ser buenos en sus combinaciones con las líneas, al presentar una media general alta (Cuadro A1), sin embargo, los probadores 3 y 4 resultaron ser deficientes para discriminar al grupo de líneas.

Cuadro 4.2. Selección de las mejores 10 líneas en base a medias de IS de cada probador.

Línea	P1	Línea	P3	Línea	P4	Línea	P5
4 ^x	8.562 ^{a†}	38	10.475 ^a	21 ^x	10.11 ^a	4 ^x	8.295 ^a
17	10.43 ^{ab}	39	10.623 ^a	8 ^x	10.342 ^a	30	9.285 ^{ab}
21 ^x	11.183 ^{ab}	37	10.676 ^a	7 ^x	10.397 ^a	40	9.947 ^{ab}
14 ^x	11.3 ^{ab}	31	10.982 ^a	19 ^x	10.752 ^a	8 ^x	9.986 ^{ab}
8 ^x	11.308 ^{ab}	34	11.286 ^a	38	11.172 ^a	36	10.483 ^{ab}
19 ^x	11.391 ^{ab}	40	11.546 ^a	23 ^x	11.329 ^a	33	10.519 ^{ab}
23 ^x	11.909 ^{ab}	32	11.555 ^a	4 ^x	11.513 ^a	31	10.696 ^{ab}
13 ^x	12.2 ^{ab}	36	11.655 ^a	36	11.775 ^a	12 ^x	11.021 ^{ab}
24 ^x	12.295 ^{ab}	30	11.766 ^a	44	11.963 ^a	19 ^x	11.088 ^{ab}
5 ^x	12.424 ^{ab}	6 ^x	11.985 ^a	16 ^x	11.98 ^a	45	11.461 ^{ab}

P1, P3, P4 y P5= probador uno, tres, cuatro y cinco, respectivamente; ^x= líneas que coincidieron con tres probadores; †= Medias con letras iguales no son estadísticamente diferentes (DMS, 0.05).

Los probadores 2 y 6 si mostraron diferencias significativas ($P \leq 0.05$) para la fuente de variación P \square A, siendo ésta significancia un indicativo que la interacción con el ambiente impide realizar selección de las mejores líneas, sin

embargo para tener una información más precisa fue necesario modelar dicha interacción por medio del gráfico GGE biplot.

Exploración de la interacción genotipo \times ambiente por el probador 2

En cualquier programa de hibridación una de sus finalidades es la formación de híbridos, teniendo en cuenta que para lograr cumplir este objetivo, se tienen que identificar buenos probadores que tengan el atributo de discriminar de manera eficiente a las líneas, tal como se muestra en la Figura 4.2 que pertenece a el gráfico biplot GGE, para la construcción de este gráfico se contemplaron 20 líneas que fueron cruzadas con el probador dos (P2). Se puede observar que del total de las líneas que fueron discriminadas por el probador 6, solo la 4, 33, 29, 30, 31, 28, 37, y 32 fueron las de mejor comportamiento en cuanto a su índice de selección.

También se puede visualizar el comportamiento de las líneas con base en su IS a través de ambientes. Se observa que las líneas consideradas sobresalientes a través de ambientes fue la 4 y 29 por presentar IS bajos a través de ambientes, sin embargo, solo la 29 presento un alto potencial de IS y comportamiento predecible o estable por lo que puede ser considerada como ideal por encontrarse cerca de la coordenada del probador virtual (P).

En cuanto a ambientes particulares se refiere, la línea 4 tuvo un buen comportamiento en el ambiente de El Prado, N.L (A3) y Tlahuelilpan, Hgo. (A1)

y la línea 31 para Celaya, Gto (A2), mostrando que estas líneas tienen un mejor comportamiento promedio de IS a través de ambientes específicos.

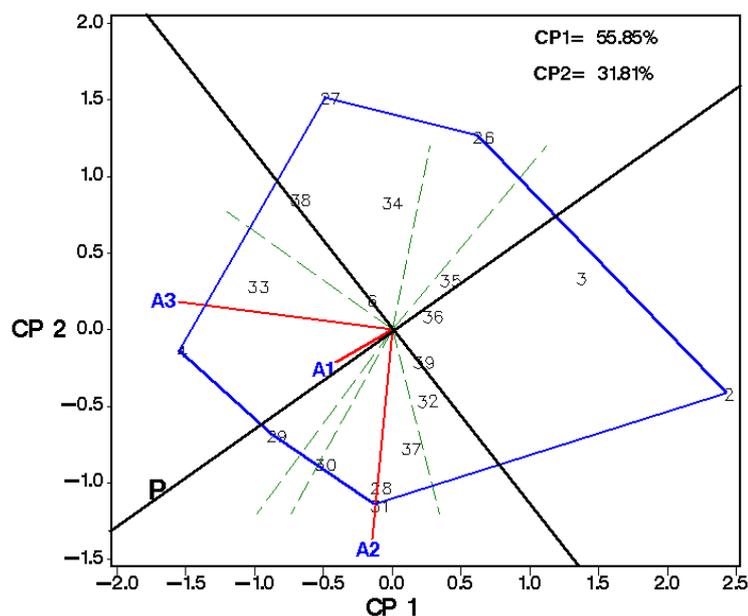


Figura 4.2. Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS de probadores; CP1 y CP2= Primero y segundo componente principal; A1= Tlahuelilpan, Hgo; Gto. A2= Celaya, Gto; A3= El Prado, N.L; P= Coordenadas del probador virtual.

De acuerdo con Yan *et al.* (2000 y 2001), los ambientes que mejor discriminaron a las líneas cruzadas con el probador dos fueron el ambiente de Celaya, Gto., y El Prado, N.L por tener el vector de mayor longitud, mientras que el que representa el comportamiento promedio de los ambientes es Tlahuelilpan, Hgo; Gto. Estos resultados son un buen indicador del potencial de las líneas en el área de El Bajío.

En los ambientes A1 y A3 no se existió interacción cruzada, demostrando así que poseen un poder discriminatorio semejante para discriminar a las

líneas, lo contrario sucedió para el ambiente A2 y A3, que si presentó interacción cruzada, por lo que ordenaron de una forma diferente a las líneas.

Exploración de la interacción genotipo \times ambiente por el probador 6

En la Figura 4.3 se puede apreciar el patrón de respuesta del IS de los ambientes y de la interacción de las líneas, lo cual permitió seleccionar aquellas líneas de mejor comportamiento para el probador seis (P6) siendo éstas líneas la 4, 17, 65, 66, 20, 54, 70, 50, 52 y 51.

Al hacer comparación entre ambientes, el biplot de la Figura 4.3, los clasifica en un solo grupo o mega-ambiente, por discriminar de una manera similar a las líneas.

La línea 4 presentó el valor más bajo de IS, pero igual que el caso anterior mantuvo una respuesta de estabilidad inaceptable. Caso contrario sucedió con las líneas 17 y 65 que fueron consideradas consistentes por su bajo valor de IS y estabilidad.

En el ambiente A1 y A3 se infiere que es donde las líneas 4 y 17 expresan su máximo potencial en cuanto a su valor de IS. Por otro lado, los genotipos más estables fueron la 65, 51 y 52, por encontrarse cerca de la línea "P", aunque estas dos últimas con valores no tan aceptables de IS.

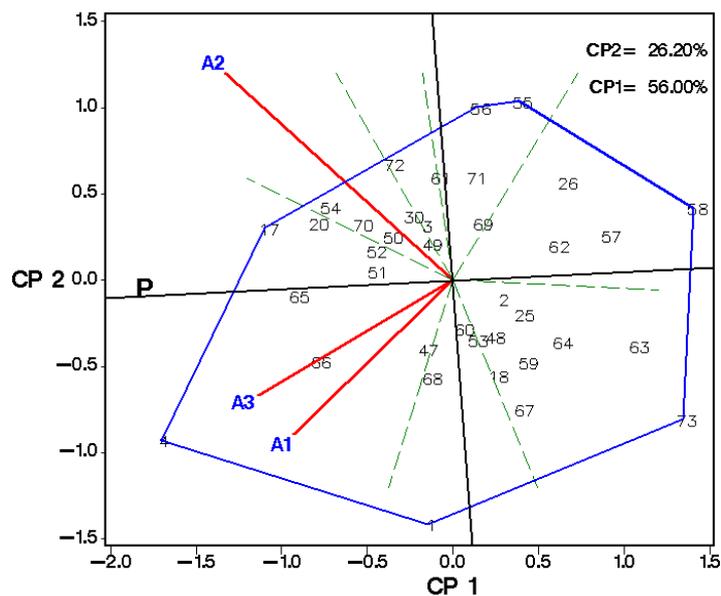


Figura 4.3. Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS de probadores; CP1 y CP2= Primero y segundo componente principal; A1= Tlahuelilpan, Hgo; Gto. A2= Celaya, Gto; A3= El Prado, N.L; P= Coordenadas del probador virtual.

Por la longitud de su vector el ambiente que mejor discrimina a las líneas es el ambiente de Celaya, Gto., esto de acuerdo por lo explicado por Yan *et al.* (2000).

Esta gráfica permite observar que los ambientes que tienden a jerarquizar de manera similar a las líneas son los ambientes de Tlahuelilpan, Hgo., y El Prado, N.L. mientras que el ambiente de Celaya, Gto., muestra una tendencia a ordenar a las líneas de manera contrastante; esto demuestra una vez más la importancia de realizar evaluaciones en varios ambientes, antes de tomar cualquier decisión para la selección.

Análisis de línea x probador

Para realizar una selección eficiente de líneas, se realizó un análisis de varianza (ANVA) en el que fueron considerados 60 genotipos, tomando en cuenta solamente las líneas que fueron cruzadas con tres probadores pertenecientes al grupo enano (probador 1, 4 y 5). También se llevo a cabo un análisis de línea \times probador, con la finalidad de observar si existía variación en líneas, probadores y en línea \times probador, permitiendo así estimar la aptitud combinatoria de líneas y probadores.

En el Cuadro 4.3 se presenta el análisis de varianza combinado en el que fueron incluidas solo las variables floración masculina (FM), relación mazorca-planta (RMP) y rendimiento (REND) encontrando diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) entre localidades, reflejando así condiciones diferentes para cada ambiente de evaluación.

En cuanto a la fuente de variación bloques dentro de ambientes, se presentaron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) solo para las variables FM y REND, esto pudo deberse a que las repeticiones quedaron en terrenos diferentes, lo contrario sucedió para RMP que no se detectaron diferencias estadísticas, reflejando que el bloqueo tuvo un comportamiento equivalente a través de ambientes lo que permitió no detectar diferencias para algunas variables.

La significancia encontrada entre genotipos para todos los caracteres pudo deberse a la divergencia genética de los materiales que intervinieron en las cruzas con los probadores. Dada esta significancia, se realizó la partición en línea, probador y línea \times probador, esto con la finalidad de tener una información más detallada de cual factor fue el que tuvo mayor contribución a las suma de cuadrados.

La fuente de variación líneas mostró diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para las tres variables analizadas, lo cual se atribuye a que cada línea posee características propias y diferentes debido a su constitución genética, además permitirá seleccionar las que presenten mejores atributos genéticos.

Los probadores no presentaron diferencias estadísticas para FM, no siendo así para la variable RMP en donde existieron diferencias estadísticas ($P \leq 0.05$) y para REND con $P \leq 0.01$ de probabilidad.

En línea \times probador se detectó diferencias significativas ($P \leq 0.05$) solo para la variable REND, lo que indica que las líneas presentan un comportamiento diferente al cambiar de probador.

Ahora bien, como se puede apreciar en el Cuadro 4.3, la fuente de mayor contribución a la variación total fueron las líneas aportando un 77.52%, 54.11% y 50.50% para las variables FF, RMP y REND., respectivamente seguido de

línea \times probador (19.81%, 36.77%, y 43.48%). El efecto de probador fue el de menor aportación en todos los casos.

La interacción genotipo \times ambiente (G \times A) manifestó significancia ($P \leq 0.01$) solo en la variable REND, siendo este un indicativo de la respuesta diferencial de los genotipos a través de ambientes. Esta situación fue causada mayormente por las líneas, ya que fueron las únicas que presentaron interacción con el ambiente.

La interacción línea \times ambiente no presentó diferencias para FM y RMP, sin embargo, si existieron diferencias para REND, indicando que FM y RMP son características que no se vieron influenciadas por el ambiente. Por tal motivo es necesario realizar un estudio más detallado donde se tome en consideración el efecto de la interacción en el proceso de selección (Yan *et al.*, 2000).

En un programa de mejoramiento es de vital importancia que el mejorador considere o preste atención a más de una característica para seleccionar los mejores genotipos, sin embargo, es un tema relativamente complejo en el mejoramiento de caracteres múltiples. Por lo anterior, el uso de los índices de selección resultan ser una alternativa a este problema, pues teóricamente son más eficientes que el método de selección en tándem y que el de niveles independientes, sobre todo cuando el número de características por mejorar aumenta, (Lin, 1978).

Cuadro 4.3. Cuadrados medios de 60 híbridos experimentales derivados de seis poblaciones.

FV	GL	FM (días)	RMP (%)	GL	REND (t ha ⁻¹)
Ambientes (A)	2	9960.24 **	1577.14 **	2	400.42 **
Bloques /A	3	341.2 **	4.92	3	17.28 *
Genotipos	59	24.77 **	40.43 **	59	11.34 **
Línea (L)	19	59.62 **	67.93 **	19	17.78 **
Probador (P)	2	14.12	108.82 **	2	20.23 *
L □ P	38	7.62	23.08	38	7.65 *
G □ A	118	6.06	26.63	118	8.40 **
L □ A	38	6.81	27.40	38	12.87 **
P □ A	4	12.16	28.8	4	4.74
L □ P □ A	76	5.35	26.14	76	6.36
EE	176	6.33	22.1	177	5.18
CV (%)		2.72	8.15		18.95

*, **= significativo al 0.05 y 0.01 respectivamente; FV= fuente de variación; GL= grados de libertad; FM= floración masculina; RMP= relación mazorca-planta; REND= rendimiento; EE= error experimental; CV= coeficiente de variación.

Análisis de índices de selección de ponderación libre para ACG

La estimación de índices para líneas y probadores se basó en valores de aptitud combinatoria general (ACG) de 11 variables agronómicas, considerando también que para este análisis las líneas empleadas fueron cruzadas con tres probadores.

La selección de genotipos con base en los efectos de ACG permite predecir el comportamiento de los mismos en una amplia diversidad de ambientes con características similares o mega-ambientes, por ello el comportamiento de las líneas fue medido con base en su IS de aptitud combinatoria general (ACG) a través de ambientes, pero al detectarse

diferencias significativas en la interacción de líneas x ambiente se utilizó el modelo SREG para modelar dicha interacción cuyos resultados fueron concentrados en la gráfica biplot de la Figura 4.4.

En el biplot se puede observar que las líneas de mejor comportamiento asociadas a ambientes específicos, son la 12 para el ambiente A2 perteneciente a Celaya, Gto., y la 8 para los ambientes A1 y A3 correspondientes a Tlahuelilpan, y El Prado N.L.

Los resultados observados en el biplot nos indican que el ambiente de Celaya, Gto., sigue siendo el de mayor poder de discriminación debido a la longitud vectorial reportada, tal como lo menciona Yan (2002). En la gráfica también se observa que el ambiente de Tlahuelilpan, Hgo., y El Prado, N.L. tienden a jerarquizar de manera similar a las líneas, debido al ángulo tan reducido generado entre sus vectores ambientales, se tiene la posibilidad de excluir de uno de ellos.

También se puede apreciar que las líneas 12, 19 y 21 fueron mejores en el ambiente de A2 perteneciente a Celaya, Gto., en tanto que las líneas 5, 7, 8, 15 y 4 lo fueron para el ambiente A1 y A3.

En cuanto a la estabilidad de los materiales, se encontró que las líneas 8, 7 y 5, se ubicaron dentro del germoplasma estable por encontrarse cerca de la

coordenada del probador virtual (P) sin embargo, solo la 8 puede considerarse como superior por su IS, sin embargo, no mostró una buena estabilidad.

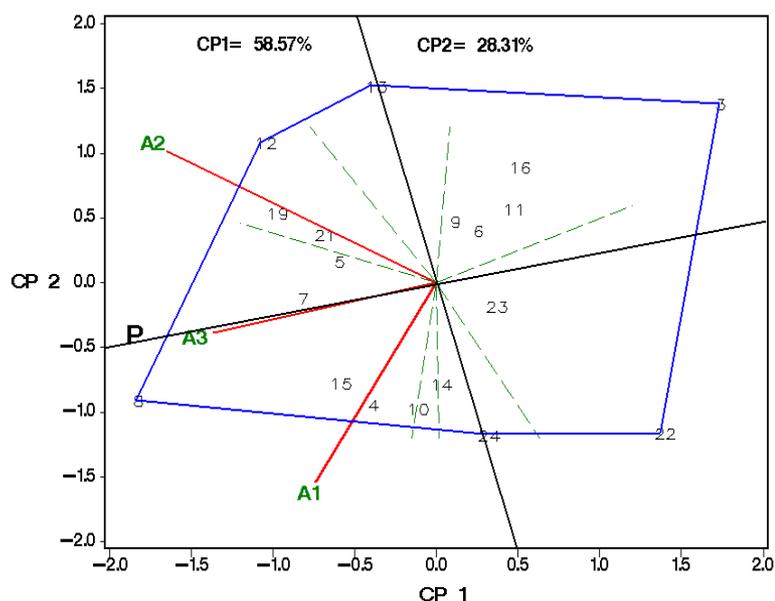


Fig. 4.4. Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS de ACG de 20 líneas a través de tres probadores; CP1 y CP2= Primero y segundo componente; A1= Tlahuelilpan, Hgo; A2= Celaya, Gto; A3= El Prado, N.L; P= Coordenadas del probador virtual.

Ahora bien cabe resaltar que las líneas que resultaron ser estables en cuanto a su aptitud combinatoria general (ACG) fueron también las que originaron los mejores híbridos con buena estabilidad, siendo estas líneas las que pertenecen a la población del Grupo normal (precoz).

Estos resultados coinciden con lo reportado por Castañón *et al.* (2000) en el que confirman que la estabilidad es heredable y que con uno de los progenitores sea estable, es suficiente para que el híbrido también lo sea.

V. CONCLUSIONES

Los híbridos que mostraron ser mejores en cuanto a su IS fueron el 100, 4, 98, 34 y 29 en cuanto a su estabilidad los que fueron seleccionados son el 29, 73 y 77.

Las líneas que fueron seleccionados en base a su índice de selección de valores fenotípicos fueron la 4(CML-312-3) y 7(PN-305-2-A-2-1), mientras que las líneas de mejor ACG fueron 8 (PN-305-2-A-2-2), 7(PN-305-2-A-2-1) y 5 (PN-305-2-A-1-2).

El uso de probadores representa una alternativa para la selección de líneas para formar híbridos de maíz, resultando los mejores probadores el dos (MLS4-1 x PE-115-3) perteneciente al grupo enano y el probador seis (351-296-1-6 x 43-46-2-3-2) del grupo tropical.

El SREG permitió detectar que el ambiente de Celaya, Gto., fue el que mostró un mayor poder de discriminación y el Prado N.L. el más representativo del mega-ambiente.

VI. RESUMEN

El presente trabajo tuvo como objetivos: I) Identificar híbridos con buena estabilidad y características agronómicas deseables, bajo diversos ambientes. II) Identificar líneas superiores de maíz por su comportamiento genético a través de su aptitud combinatoria general (ACG). III) Seleccionar los mejores probadores por su potencial para identificar líneas sobresalientes. IV) Clasificar a los ambientes de evaluación por su potencial para discriminar a los genotipos. El material genético estuvo formado por 166 híbridos generados a partir de 73 líneas S_5 y 6 cruzas simples usados como probadores, que fueron comparados con 11 testigos. La evaluación del material genético se realizó durante la primavera del 2008 en los ambientes de Tlahuelilpan, Hgo., Celaya, Gto. y el Prado, N.L. Se consideraron 11 variables agronómicas que se integraron a un índice de selección que fue estimado por repetición. Del total de líneas, solo 20 coincidieron con 3 probadores, las cruzas se analizaron mediante el diseño Línea \times Probador para todas las variables, reportando solo tres de ellas, obteniendo con ello efectos de ACG de líneas y probadores, cuyos valores se concentraron en un índice. El análisis de varianza combinado mostró diferencias significativas entre ambientes y genotipos, manifestando que entre los ambientes existen condiciones diferentes, la diferencia entre genotipos se debió a que los híbridos experimentales presentan una amplia diversidad

genética, dicha variación se debió en mayor parte al efecto de las cruzas triples. En la G \times A también hubo diferencias, mostrando que los tratamientos tuvieron un ordenamiento diferente a través de ambientes, de igual manera se debió a las cruzas triples. El modelo SREG permitió identificar a los híbridos 100, 4, 98, 34 y 29 como superiores y, el 29 y 4 como germoplasma estable. Los probadores seleccionados fueron el dos y seis. El ambiente de Celaya, Gto., fue el de mayor poder discriminatorio y el Prado N.L. el más representativo del mega-ambiente. El diseño genético arrojó diferencias entre genotipos para todas las variables, esta variación se debió al efecto de líneas que fue la de mayor aporte, seguido de línea \times probador y finalmente del probador que fue el de menor aportación. La G \times A manifestó diferencias solo para una variable, y fue causada a la contribución de las líneas, ya que los probadores mostraron buena estabilidad. Los valores de ACG se integraron en un IS para facilitar la selección, la G \times A se modeló mediante el SREG, lo que permitió seleccionar a las líneas 8, 7 y 5.

VI. LITERATURA CITADA

- Abel, B. C., Pollak L. M. 1991.** Rank comparisons of undated maize populations by testers and *per se* evaluation. Crop Sci. 31 (3), 650-656.
- Allison, J. C. S., R. N. Curnow. 1966.** On the choice of tester for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). Crop Sci. 6:541-544.
- Antuna, G. O., F. Rincón., Gutiérrez del R. E., Ruiz T. N. A., Bustamante G. L., 2003.** Componentes genéticos de caracteres agronómicos y de calidad fisiológica de semillas de líneas de maíz. Rev. Fitotec. Mex. 26(1): 11-17.
- Bartolome V. and G. Gregorio. 2000.** An interactive macro program for line x tester analysis. International Rice Research Institute (IRRI). Los Baños, Philippines.
- Barreto, H. J., J. A. Bolaños, y H. S. Córdova. 1991.** Índice de Selección. Guía para la Operación del Software. Manual de Capacitación Regional. CIMMYT. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Guatemala, Guatemala.
- Baker, R. J. 1996.** Selection Indices in Plant Breeding. CRC Press Inc. Boca Raton, Florida, Versity, USA. 218 p.

- Burgueño, J., J. Crossa and M. Vargas. 2003.** Graphing GE and GGE Biplots. *In: Handbook of Formulas and Software for Plant Geneticists and Breeders.* M. S. Kang, (Ed.). Food Products Press. New York. pp: 193-203.
- Campbell, B. T. and M. A. Jones. 2005.** Assessment of genotype x environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. *Euphytica* 144:69-78.
- Castañón, G., Zetina R., Arano R., Raygoza B. 2000.** El AMMI y cluster en la selección de los mejores híbridos experimentales de maíz. *Agronomía Mesoamericana.* 11 (1): 71-76.
- Castellanos, J., R. Hallauer and H. S. Córdova. 1998.** Relative performance of testers to identify elite lines of corn (*Zea mays* L.). *Maydica* 43: 217-226.
- Coutiño, E. B. y V. A. Vidal. 2003.** Estabilidad del rendimiento de grano de híbridos de maíz usando mejores predictores lineales insesgados. *Agrociencia.* 37:605-616.
- Crossa, J., P. N. Fox, W. H. Pfeiffer, S. Rajaram and H. G. Gauch. 1991.** AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. *Theor. Appl. Genet.* 81: 27-37.
- Crossa, J., y P. L. Cornelius. 2000.** Modelos lineales bilineales para el análisis de ensayos de genotipos en ambientes múltiples. *In: Symposium: Interacción Genotipo x ambiente.* XIII Congreso Nacional de Fitogenética. Sociedad Mexicana de Fitogenética A. C. 15-20 de octubre. Irapuato, México. Pp: 61-88.

- De León, C. H., Ramírez E., Martínez G., Oyervides A. y De la Rosa A. 1999.** Evaluación de diversos patrones heteróticos en la formación de híbridos de maíz para El Bajío Mexicano. *Agronomía Mesoamericana*. 10 (1): 31-35.
- De la Rosa, A., H. De León., G. Martínez y F. Rincón. 2006.** Efectos genéticos, heterosis y diversidad genética entre híbridos comerciales de maíz adaptados a El bajío mexicano. *Rev. Fitotec. Mex.* 29(3): 247-254.
- De la Vega, A. J., 2000.** Interacción Genotipo x Ambiente y mejoramiento de Girasol para las regiones Central y Norte de Argentina. Tesis doctoral Facultad de Agronomía. Universidad de Buenos Aires.
- Espinosa, C. A., J. Ortiz, C., A. Ramírez, F., N. Gómez, M. A. Martínez G. 1998.** Estabilidad y comportamiento de líneas *per se* y cruzas de maíz en la producción de semilla. *Agric. Téc. Méx.* 24 (1) 27-36.
- Falconer, D S. 1981.** Introducción a la genética cuantitativa. F. Márquez S. (trad). Nueva edición. CECSA. México. 383p.
- Fehr, R. W. 1982.** Applied plant breeding. Iowa State University. Ames Iowa University Press. P. 552.
- Fox, P.N., Crossa, J., Romagosa, L. 1997.** Multi-environment testing and genotype x environment interaction. *In: Statistical Methods for Plant Variety Evaluation*. R.A. Kempton, P.N. Fox (eds.), Chapman y Hall, London, pp. 117-137.
- Gauch, H. G. 1988.** Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics*. 44: 705-715.

- Gauch, H.G., and R.W. Zobel. 1988.** Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. *Theor. Appl. Genet.* 76:1-10.
- Gómez, M., Sierra, M., González, C., Cantú A., Ramírez, F., Wong, P., Manjarrez, S., Ramírez. D., Espinosa, C. 2008.** H-562, híbrido de maíz de alto rendimiento para el trópico húmedo y seco de México. *Agric. Téc. Mex.*34 (1): 101-105.
- Gordón, M. R., I. Camargo, B., J. Franco, B. y A. González, S. 2006.** Evaluación de la adaptabilidad y estabilidad de 14 híbridos de maíz, Azuero, Panamá. *Agronomía Mesoamericana.* 17 (2): 189-199.
- Gutiérrez, R. E., A. Espinoza, A. Palomo, J. J. Lozano, y O. Antuna. 2004.** Aptitud combinatoria de híbridos de maíz para la Comarca Lagunera. *Rev. Fitotec. Mex.* 27(1):7-14.
- González, J. S., Córdova , H., Rodríguez, S., De León, H. y V. M. Serrato. 1997.** Determinación de un patrón heterótico a partir de la evaluación de un dialelo de 10 líneas de maíz subtropical. *Agronomía Mesoamericana* 8(1): 01-07.
- Hallauer, A. R. 2000.** Quantitative genetics and breeding methods. *In:* A. Gallais (ed). *Biometrics in Plant Breeding.* Eucarpia. Paris. pp. 127-138.
- Hallauer, A. R. and J. B. Miranda Fo. 1988.** *Quantitative genetics In maize breeding*, 2nd ed. Iowa State University Press, Ames, IA.
- Hazel, L. N. and J. L. Lush. 1942.** The efficiency of three methods of selection. *Jour. Hered.* 33:393-399.

- Hazel, L. N. 1943.** The genetics basis for constructing selection index. *Genetics* 28: 476-490.
- Henning, J. A. and L. R. Teuber. 1996.** Modified convergent improvement: A breeding method for multiple trait selection. Review and interpretation. *Crop. Sci.* 33: 393-399.
- Hernández, M. O. L., A. S. Peña D., V. J. López Z., H. De León, C., D. Sámano G. 2008.** Progenitores superiores con base en ACG para híbridos simples de maíz utilizando índices de selección. Memoria del Congreso Nacional y II Internacional de Fitogenética. Chapingo, Edo. De México. ISBN 968-6521-05-4.
- Lee, E. A., T. K. Doerksen and L. W. Kannenberg. 2003.** Genetic components of yield stability in maize breeding populations. *Crop Sci.* 43:2018-2027.
- Lin, C. Y. 1978.** Index selection for genetic improvement of quantitative characters. *Theor. Appl. Genet.* 52: 49-56.
- Lin, C. S., Binns, M. R. 1994.** Concepts and methods for analyzing regional trial data for cultivar and location selection. *Plant Breeding Reviews* 12:271-297.
- López, L. M. E. 2009.** Evaluación del mejoramiento de líneas de maíz y su ubicación en grupos heteróticos. Tesis de maestría. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista Saltillo Coahuila, México.
- Medina, S., Marín. C. Segovia V., Bejarano A., Venero Z., Ascanio R. y Meléndez, E. 2002.** Evaluación de la estabilidad del rendimiento de variedades de maíz en siete localidades de Venezuela. *Agronomía Tropical* 52(3):255-275.

- 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.
- Mickelson, H. R., Cordova, H. K., Pixley, V. and Magnie, S. 2001.** Heterotic Relationships among nine temperate and subtropical maize. Populations. *Crop. Sci.* 41:1012-1020.
- Montes, C. A. 2007.** Mejoramiento de un patrón y sus respectivos grupos heteróticos en maíz. Tesis de maestría. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista Saltillo Coahuila, México.
- Moreno, P. E. del C., D. Lewis B., T. Cervantes S. y J. L. Torres F. 2004.** Selección recíproca recurrente en poblaciones de maíz de valles altos en suelos con alto y bajo contenido de nitrógeno, en México. *Agrociencia.* 38:305-311.
- Ortiz, R., Wagoire W.W., Hill J., S. Chandra., Ortiz R. and Stolen O. 2001.** Heritability of and correlations among genotype-by-environment stability statistics for grain yield in bread wheat. *Theor Appl Genet* 103:469-474.
- Peña, D. A. Z. 2008.** Identificación de germoplasma con atributos para desarrollar híbridos de maíz. Tesis de maestría. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista Saltillo Coahuila, México.
- Pinto, R. de M. C., C. L. De Souza, Jr., L. A. Carlini, G, A. A. F. García and A. Pereira de S. 2003.** Comparison between molecular markers and diallel crosses in the assignment of maize lines to heterotic groups- *Maydica* 48:63-73.

- Rawlings, J. L. and D. L. Thompson. 1962.** Performance level as criterion for the choice of maize tester. *Crop. Sci.* 2:217-220.
- Rodríguez, M. F. A., Sierra, M. M., Cano, R. O., Castañón, N. G. 1997.** Three way crosses as an alternative for producing maize in Veracruz, México. *In: Coors G.M.; Pandey S. (ed.). The International Simposium about the Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops.* México city, México. p. 238.
- Sierra, M. M., Preciado O. R. E, Alcázar, A. J. J., Rodríguez, M. F. A. 1991.** Selección de líneas por su rendimiento y adaptación con base en un patrón heterótico conocido. *In: XXXVII Reunión Anual del PCCMCA.* Panamá, Panamá. pp. 109-116.
- Sierra, M. M, Palafox C. A., Espinosa C., Caballero H. F., Rodríguez M. F., Barrón F. S., y Valdivia B. R. 2005.** Adaptabilidad de híbridos triples de maíz y de sus progenitores para la región tropical del sureste de México. *Agronomía Mesoamericana.* 16(1):13-18.
- Singh, R. K. and B. D. Chaudary. 1985.** Biometrical methods in Quantitative Genetic Analysis. Kalyani Publishers. New Delhi, India. 319 pp.
- Soenegas P., B. Ordás, R. A. Malvar, P. Revilla y A. Ordás. 2003.** Performance of flint maize in crosses with testers from different heterotic groups. *Maydica* 48:85-91.
- Smith, H. F. 1936.** A discriminate function for plant selection. *Biometrics. Ann. Eugen.* 7(2): 240-250.

- Statistical Analysis System (SAS). 2006.** Base SAS® 9.1.3 Procedures Guide, Second Edition, volumes 1, 2, 3 and 4. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Vasal, S. y Vergara N. 1991.** Comportamiento de híbridos intra e interpoblaciones entre líneas endocriadas e implicaciones en el desarrollo de híbridos. *In: XXXVI Reunión Anual PCCMCA. Panamá. Memorias.*
- Vasal, K., Vergara, N., MC Lean, S. 1994.** Estrategias en el desarrollo de híbridos tropicales de maíz. *Agronomía Mesoamericana* 5: 184-189.
- Vasal, K. y Córdova, H. 1996.** Heterosis en maíz: acelerando la tecnología de híbridos de dos progenitores para el mundo en desarrollo. En: López B.A.; Rodríguez H.S.; Martínez Z.G (ed.). *Memorias del Curso internacional de actualización en fitomejoramiento y agricultura sustentable. Buenavista Saltillo, Coah. p. 32-54.*
- Vasal, S. K., F. San Vicente, S. McLean, K. Ramanujam, M. Barandiarán, A. Ramírez y J. G. Ávila. 1997.** Necesidades y beneficios de lotes de evaluación de líneas para diversos propósitos en el mejoramiento genético del maíz. *In: Síntesis de Resultados Experimentales del PRM 1993-1995. 5:50-55.*
- Vasal, S. K., H. Cordova, S. Pandey, H. G. Srinivasan. 1999.** Tropical maize and heterosis. *In: J G Coors, S Pandey (eds). The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops. ASA, CSSA, and SSSA. Madison, WI. Pp: 363-373.*

- Xu, S. 2003.** Advanced statistical methods for estimating genetic variances in plants. *Plant Breed. Rev.* 22: 113-163.
- Yan, W, L A Hunt, Q. Sheng, and Z. Szlavnic. 2000.** Cultivars evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplots. *Crop Sci.* 40:597-605.
- Yan, W, P L Cornelius, J Crossa and L A Hunt. 2001.** Two types of GG for analyzing multi-environmental trial data. *Crop Sci.* 41:656-663.
- Yan, W and L A Hunt. 2002.** Biplot analysis of multi-environment trial data *in*. *Quantitative Genetics, Genomics and Plant breeding* edited by M. S. Kang. pp. 289-303.
- Yan, W. 2002.** Singular-value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. *Agron. J.* 94: 990-996.
- Zobel, R.W., Wright, M. J., Gauch, J. R., H.G. 1988.** Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80:388-393.

VIII. APÉNDICE

Cuadro A1. Media general de probadores
en base a IS.

Probador	Media general
P1	12.71
P2	11.83
P3	12.06
P4	12.61
P5	12.42
P6	13.41

P1, P2, P3, P4, P5 y P6: probador uno, dos, tres, cuatro, cinco y seis.