

**EVALUACIÓN DE LA EFICIENCIA DEL MEJORAMIENTO DE LÍNEAS DE
MAÍZ Y SU UBICACIÓN EN GRUPOS HETERÓTICOS**

MARÍA ESTELA LÓPEZ LÓPEZ

T E S I S

**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
Diciembre de 2009**

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIRECCIÓN DE POSGRADO**

**TESIS
Por
MARÍA ESTELA LÓPEZ LÓPEZ**

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

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO**

COMITÉ PARTICULAR

Asesor principal:

Dr. Humberto de León Castillo

Asesor:

M.C. Daniel Sámano Garduño

Asesor:

Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo

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

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México

AGRADECIMIENTOS

A Dios por permitirme llegar a una etapa más de preparación en mi vida.

Al Dr. Humberto de León, M. C. Daniel Samano y Dr. Mario Vázquez por permitir integrarme a su equipo de trabajo durante estos 2 años, por su contribución en el asesoramiento y enriquecimiento de mi aprendizaje en el mejoramiento genético.

A los compañeros del área de fitomejoramiento, principalmente a los compañeros de la generación. Manuel, Diego, Aimer y Rigoberto y a todas las personas que intervinieron en la realización de este trabajo,

A Santos O. Martínez, un agradecimiento muy especial por apoyarme en momentos críticos de mi vida, así mismo por convivir en los buenos momentos.

Por último agradezco a CONACYT por el otorgamiento del apoyo económico.

DEDICATORIA

A mis padres:

José María López Ruíz e Hildelfonza López Duarte

A quienes debo todo: la vida, protección, respaldo, apoyo, formación... y mucho más de lo que puedo mencionar, por que con su fortaleza y todas sus acciones me enseñaron como ser. A mis hermanos y sobrinos por su apoyo y cariño incondicional.

COMPENDIO

**Evaluación de la Eficiencia del Mejoramiento de Líneas de Maíz y su
Ubicación en Grupos Heteróticos**

POR

MARÍA ESTELA LÓPEZ LÓPEZ

**MAESTRÍA EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO**

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO, DICIEMBRE DE 2009**

DR. HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO--ASESOR--

**Palabras claves: Retrocruza, selección gamética, líneas, probadores,
patrones y grupos heteróticos, índice de selección.**

Los programas de mejoramiento genético dedicados a la producción de híbridos para su explotación comercial han enfocado sus líneas de investigación a la recuperación o mejora de progenitores de los híbridos que han demostrado calidad agronómica y productividad en el mercado agrícola.

Por lo anterior en el presente trabajo se tuvieron los siguientes objetivos: Comparar el comportamiento *per sé* de las líneas originales y sus versiones recobradas, clasificar líneas en grupos heteróticos con atención en la respuesta en ACE con dos probadores contrastantes, identificar el mejor probador para cada una de las variables evaluadas con base en los valores de pruebas de “F”, y estimar el potencial agronómico de los híbridos triples experimentales.

El material genético estuvo constituido por ocho líneas endogámicas derivado de la población ideotipo del Instituto Mexicano del Maíz de la UAAAN. Estas líneas, se cruzaron con una población donadora del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo, a partir de estos cruzamientos se inició un programa de selección gamética y de retrocruzadas; originando 117 líneas recobradas con tres ciclos de retrocruzadas y dos de autofecundaciones. Para conocer el potencial genético de las líneas recobradas, se cruzaron con dos probadores, obteniendo 140 híbridos triples.

Las líneas, así como las cruzas de prueba se evaluaron en tres ambientes (Tlahuelilpan, Hgo, Tierra Fría, Gto y El Prado, Galeana, N. L), en el ciclo primavera - verano del 2007.

Las evaluaciones se agruparon en dos experimentos: Uno, incluyó las líneas originales y recobradas, sembrado bajo un diseño de bloques al azar, el otro conformado por los híbridos triples y 12 testigos, bajo el diseño de bloques incompletos al azar con arreglo alfa-látice, con dos repeticiones por localidad. Los caracteres agronómicos evaluados fueron: FM, SF, AP, RMP, AR, MC, PF, CP, CM, PROL y REND, mismas que fueron empleadas para la construcción de un índice de selección.

En la evaluación de líneas *per se*, se realizó un análisis de varianza solo para: floración masculina (FM), altura de planta (AP), relación mazorca-planta (RMP), prolificidad (PROL) y rendimiento de mazorca al 15.5% de humedad (REND) mostrando diferencias significativas con $P \leq 0.01$ para la fuente de variación líneas en todos los caracteres agronómicos, indicativo de la diversidad genética presente entre ellas.

Las líneas recobradas se asociaron con sus respectivas líneas originales formando ocho grupos, para medir la diversidad dentro de ellos, los grupos presentaron diferencias significativas ($P \leq 0.01$ y $P \leq 0.05$) para la mayoría de los caracteres, lo que permite especular que la versión original de las líneas es diferente a sus versiones recobradas y que entre las mismas líneas recobradas existen diferencias, dicha variación se atribuyó a la amplia variación genética del donador y a los criterios de selección del mejorador.

A través de una comparación de contrastes con base en los valores de índice de selección entre las líneas se permitió seleccionar 25 líneas recobradas estadísticamente superiores a las originales y fue posible observar que la mejor línea original fue 255-18-19N-14-1-A-4-2-A.

El análisis de varianza combinado de las cruzas triples, para las cinco variables agronómicas, así como para el valor de índice de selección detectó diferencias significativas al nivel de $P \leq 0.01$ para la fuente de variación híbridos, lo que puede ser atribuido a la gran diversidad genética del material evaluado e hizo posible la identificación de 14 cruzas de prueba con IS superior (29, 26, 70, 105, 6, 2, 93, 24, 81, 112, 17, 25, 91 y 12).

En el análisis de varianza línea por probador para la fuente de variación líneas se observaron diferencias a nivel de $P \leq 0.01$ para todas las variables, lo que afirma que existe variación entre ellas, atribuible al diverso fondo genético que presenta cada línea. La significancia estadísticas ($P \leq 0.01$) observadas en la fuente probador para las variables FM, RMP y REND es indicativo de que estos probadores difieren.

En la fuente de variación línea por probador se detectaron efectos estadísticamente significativos ($P \leq 0.01$), para las variables FM, AP, RMP y REND, estos resultados se interpretaron como que las líneas cambian de comportamiento cuando se cruzan con diferentes probadores.

La clasificación de las líneas en grupos heteróticos se realizó por dos vías, la primera por medio de efectos de ACE y la otra basada en promedio de rendimiento de las cruzas de prueba logrando clasificar 52 líneas en el grupo heterótico enano mientras que 68 líneas conformaron al grupo heterótico tropical. Considerando que el poder de discriminación de los probadores está asociado a los valores de F estimados para cada probador, el probador tropical fue el que obtuvo mayor valor de F para las variables AP, RMP, PROL y REND, por ese desempeño se consideró el mejor discriminador de líneas para dichas características.

ABSTRACT

**Evaluation of the Efficiency of Maize Lines Improvement and its
Allocation in Heterotic Groups**

BY

MARÍA ESTELA LÓPEZ LÓPEZ

**MASTER OF SCIENCE IN
PLANT BREEDING**

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO, DECEMBER OF 2009**

DR. HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO--ADVISER--

Key words: Backcross, gametic selection, lines, tester, pattern and heterotic groups, selection index.

The plant breeding programs dedicated to the production of hybrids for commercial exploitation have focused lines of investigation for the recovery or improvement of hybrids parents that have demonstrated agronomical quality and productivity in the agriculture market. The objectives of this research were: Comparison of behavior *per se* of the original lines and their recovered versions, to classify lines in heterotic groups focused in the SCA response with compared two contrasting testers, to identify the best tester for each one of the measured variables based in the “F” tests values and to estimate the agronomical potential of three way experimental hybrids.

The plant material was constituted by eight selfed lines derived from the ideotype population of the Instituto Mexicano del Maiz in the UAAAN. These lines were crossbred with a donor population from International Maize and Wheat Improvement Center, from these crosses on, gametic selection and of retrocross breeds a program begun originating 117 recovered lines with

three cycles of retrocrossbreds and two cycles of selfing. In order to know the genetic potential of the recovered lines, they were crossed with two testers, getting 140 three way hybrids.

Lines and the test crosses were evaluated in three environments. (Tlahuilpan, Hgo, Tierra Fria, Gto. y el Prado, Galeana, N.L.) in spring and summer seasons of 2007.

The evaluations were grouped in two experiments: one included the recovered and the original lines, sown under a randomly complete blocks design, the other formed by the three way hybrids and 12 checks, under the incomplete blocks designed at random with arrangement alfa - látice with two replications by position. The agronomical characters evaluated were: FM, SF, AP, RMP, AR, MC, PF, CP, CM, PROL and REND, these were used for the construction of selection index.

In the *per se* lines, evaluation an variance analysis were for: male flowering, plant's height, cob/plant relation, prolificity and ear yield at 15.5% moisture content of humidity (REND); showing significant differences with $P \leq 0.01$ among lines in all agronomical characters, indicative of the genetic diversity present.

The recovered lines were associated with their respective original lines forming eight groups, to measure the diversity inside of them, the groups presented significant differences ($P \leq 0.01$ and $P \leq 0.05$) for most of the characters, what allows to speculate that the original version of the lines differs from the recovered versions and that among the same recovered lines there were differences, this variation was attributed to the ample genetic variation of the donor and the criterion in the selection from the improver.

Throughout orthogonal contrasts based on the values of selection index among lines, 25 recovered lines were selected resulting statistically superior to the originals and it was possible to determine the original line 255-18-19N-14-1-A-4-2-A as the best.

The analysis of variance combined from three way crosses, for the five agronomical variables, as well as for the value of selection index detected significant differences to the level of $P \leq 0.01$ in source hybrids, this can be attributed to the big genetic diversity of the evaluated material and it made possible the identification of 14 crossbreeds off test with SI superior (29, 26, 70, 105, 6, 2, 93, 24, 81, 112, 17, 25, 91, and 12).

In the line for tester variance analysis differences were observed to the level of $P \leq 0.01$ for all variables, what airms that there exists variation among them, attributed to the diverse genetic make up that is present in

every line. The significance statistics ($P \leq 0.01$) observed in the source tester for the variables FM, RMP, and REND is indicative this testers differ.

In the source of variation line of tester were detected effects statistically significant ($P \leq 0.01$), for the variables FM, AP, RMP, and REND, these results mean lines behave in a different way when they are crossed to different testers.

Classification of lines in heterotics groups was done by two ways, the first one through the effects of SCA and the second based in average of efficiency from the crossbreeds of tests getting classified 52 lines in the heterotic dwarf group whereas 68 lines conformed the tropical heterotic group. Considering that the power of discrimination from the testers is associated to the F values estimated for each tester, the tropical tester was the one to get the major value of F for the variables AP, RM, PROL, and REND, for this performance it was considered the best discriminator of lines for such characteristics.

ÍNDICE DE CONTENIDO

	Pág
Índice de cuadros.....	xiv
Índice de figuras.....	xvi
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivos.....	3
Hipótesis.....	4
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	5
Retrocruzas.....	5
Selección gamética.....	7
Líneas.....	8
Línea por probador.....	11
Probadores.....	12
Patrones y grupos heteróticos.....	15
Índice de selección.....	19
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	22
Material genético.....	22
Metodología.....	23
Descripción de los ambientes de evaluación.....	27
Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra.....	28
Manejo agronómico.....	28
Labores culturales.....	29

Variables agronómicas evaluadas.....	29
Ajuste del rendimiento por covarianza.....	32
Análisis estadístico.....	33
Índice de selección.....	34
Ubicación de líneas en grupos heteróticos.....	38
Criterios de selección.....	38
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	40
Análisis de la evaluación <i>per se</i> de líneas originales y recobradas.....	41
Índice de selección para líneas originales y recobradas.....	44
Análisis para las cruzas de prueba.....	49
Análisis de varianza de índice de selección de las cruzas de prueba	51
Análisis de línea por probador.....	54
Ubicación de las líneas en grupos heteróticos.....	58
Elección del mejor probador para cada variable.....	65
V. CONCLUSIONES.....	67
VI. RESÚMEN.....	68
VII. LITERATURA CITADA.....	70
VIII. APÉNDICE.....	77

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Pág
3.1	Genealogía de las líneas originales y sus respectivas versiones recobradas.....	24
3.2	Genealogía de las cruzas experimentales	25
3.3	Genealogía de los híbridos utilizados como testigos.....	27
3.4	Ubicación geográfica y características climáticas de los ambientes de evaluación.....	27
4.1	Cuadrados medios del análisis de varianza de líneas originales y recobradas en tres ambientes de evaluación.....	42
4.2	Cuadrados medios del análisis de varianza de índice de selección de líneas originales vs recobradas.....	46
4.3	Contraste de líneas originales y sus versiones recobradas para índice de selección.....	48
4.4	Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para las cruzas de pruebas. Evaluados en Tierra Fría, Gto., Tlahuelilpan, Hgo y El Prado Galeana N. L.....	51
4.5	Cuadrados medios del análisis de varianza de índice de selección de las cruzas de prueba evaluadas en tres ambientes durante el 2007.....	52
4.6	Índice de selección de las mejores cruzas de prueba.....	53
4.7	Cuadrados medios del análisis de línea por probador para: floración masculina, altura de planta, relación mazorca – planta, prolificidad y rendimiento Evaluados en Tierra Fría, Gto., Tlahuelilpan, Hgo y El Prado Galeana N. L., Durante la primavera del 2007.....	56

4.8	Valores de rendimiento de 92 líneas cruzadas con el probador enano, la media general y su ubicación en grupos específicos.....	64
4.9	Valores en el rendimiento de ocho líneas cruzadas con el probador tropical y la media general.....	65
4.10	Cuadrados medios y valores de F por probador del análisis de varianza combinado para cinco variables.....	66

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura		Pág
4.1	Comportamiento de ACE de 20 líneas cruzadas con dos probadores.....	60
4.2	Media de rendimiento para la crusa de 20 líneas con dos probadores.....	62

I. INTRODUCCIÓN

En el país, los rendimientos de maíz se han incrementado y aunque la productividad es influenciada por muchos factores, no hay duda que los híbridos y variedades mejoradas han jugado un papel muy importante en donde se ha explotado la heterosis, la uniformidad y los beneficios económicos de la producción de semillas híbridas.

Sin embargo, no siempre los híbridos son adoptados por los productores, principalmente cuando tienen características que no satisfacen su gusto, como por ejemplo: valores indeseables en la agricultura moderna, tales como inadecuado arquetipo de plantas, adaptabilidad estrecha, susceptibilidad a plagas y enfermedades, mala cobertura, susceptibilidad al acame, etc.

Por lo mencionado, el desarrollo de nuevas líneas es una actividad muy importante dentro de un programa de mejoramiento genético, ya que permite corregir las deficiencias de los materiales existentes; sin perder la identidad de los patrones heteróticos (Bauman, 1977).

El esquema de pedigrí es el método más usado para el desarrollo y mejoramiento de líneas endocriadas (Bauman, 1981). La retrocruza es usada

para el desarrollo y mejoramiento de líneas como una modificación o en combinación con el método de pedigrí (Lee, 1994).

En el Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, dentro del programa de mejoramiento genético del Bajío se han identificado una serie de líneas ideotipos sobresalientes, pero que en combinaciones híbridas originan individuos con una altura de planta y mazorca desventajosa para los agricultores.

De tal manera que se inició un programa de selección gamética y de retrocruzas utilizando como donador una población de amplia base genética con alta frecuencia de alelos favorables para estas características, con la finalidad de incorporar caracteres deseables al material elite, minimizando la introducción de caracteres menos favorables.

Debido a que la selección de los segregantes en cada ciclo de retrocruza se realizó en base al fenotipo, fue necesaria la evaluación genotípica del nuevo germoplasma para la identificación de los mejores. Con base a lo anterior, el presente trabajo de investigación se enfocó a valorar el potencial agronómico y genético de las líneas originales, así como las obtenidas después de tres ciclos de retrocruzamiento y dos de autofecundación (RC_3S_2) en forma *per sé* y en cruza de prueba con dos cruza simples.

OBJETIVOS

- ❖ Comparar el comportamiento *per sé* de las líneas originales y recobradas.
- ❖ Ubicar las líneas en grupos heteróticos específicos con atención al rendimiento y a la respuesta en ACE con dos probadores contrastantes.
- ❖ Identificar el mejor probador para cada una de las variables evaluadas con base en los valores de pruebas de "F".
- ❖ Estimar el potencial agronómico de los híbridos triples experimentales

HIPÓTESIS

- ❖ El método de mejoramiento empleado para mejorar las líneas será eficiente.
- ❖ Existe suficiente variabilidad genética entre las líneas recobradas como para ubicarlas en grupos heteróticos.
- ❖ De los híbridos triples evaluados al menos uno será de comportamiento agronómico superior.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Retrocruzas

La retrocruza es el cruzamiento de la F₁ con uno o ambos progenitores, la retrocruza en el mejoramiento requiere de algunas consideraciones para clarificar los tipos de materiales requerido para este método y el procedimiento mismo de la técnica. Uno de los progenitores necesariamente debe ser una buena variedad poseedora de casi todos los caracteres favorables excepto uno o dos que le faltan, este progenitor se denomina recurrente y el otro progenitor debe tener los caracteres que le faltan a la otra variedad, este progenitor se denomina donante (Lescano, 1994).

Según Gandarillas (1979) la retrocruza en generaciones sucesivas tiene el mismo efecto que la autofecundación para conseguir la homocigosis y sugiere retrocruzar la F₁ de progenitores A y B por el progenitor A seleccionando los caracteres deseables transferidos por el donante en cada generación sí el carácter es dominante. Cuando el carácter del donante es recesivo, requiere cultivar una población grande para obtener individuo híbridos

requeridos para segregar hacia el homocigoto recesivo mediante autofecundación.

El método de retrocruza se ha utilizado ampliamente para introducir diferentes dosis de germoplasma e incrementar la frecuencia de genes favorables con acción aditiva para el rendimiento de grano (Sánchez *et al.*, 1973); determinar la proporción óptima de germoplasma exótico para un mejor desarrollo (Michelini y Hallauer, 1993) y; emplear el potencial del germoplasma exótico en el mejoramiento de líneas y poblaciones adaptadas.

En las líneas de los híbridos H-2B y H-125, Aguado *et al.* (1995) aplicaron el mejoramiento convergente y después de dos retrocruzas derivaron y seleccionaron líneas, posteriormente formaron cruza simples y dobles que resultaron superiores en rendimiento a las originales, además de ser más resistentes a enfermedades y al acame.

En 1992 se inició el proyecto de investigación de mejoramiento genético de maíces criollos por retrocruza limitada para incorporar a los maíces criollos nativos un cuarto del genoma de maíces mejorados. En 1997 se produjo grano de los maíces criollos originales y sus versiones genéticamente mejoradas, que al ser evaluados superaron en un 40 % el rendimiento de los criollos (Márquez *et al.*, 2000).

Por otra parte, Arreola *et al.* (1996) utilizaron el método de retrocruza para el mejoramiento de la línea MLS4-1 de maíz generada por el IMM, progenitor macho del híbrido comercial AN-388. Esta línea tiene excelente comportamiento en combinaciones híbridas; sin embargo, presentaba

problemas de enfermedades, de ahí la necesidad de mejorarla a través de retrocruzas utilizando como progenitor no recurrente a la población NEPO resistente a *Mildiú spp.* Tres retrocruzas y dos recombinaciones fueron practicadas; se derivaron líneas, las cuales se cruzaron con varios probadores. Finalmente concluyeron que el mejoramiento de la línea MLS4-1 a través de retrocruzas permitió la identificación de líneas con mayor aptitud combinatoria y la incorporación de caracteres agronómicos deseables.

También se ha empleado el método de retrocruzas en otras especies tales como en el cultivo de tomate, esto a través de retrocruzas asistida por marcadores moleculares, se han obtenido líneas cuasi isogénicas provenientes de la cruce entre *Solanum lycopersicum* cv E6203 y *Solanum habrochaites* accesión LA1777 (Monforte y Tanksley, 2000). Estas líneas cuasi isogénicas contienen una porción de *S. habrochaites* en el transfondo genético de *S. lycopersicum*. Las Nils y BCRIL se han utilizado para identificar y verificar la presencia de caracteres cuantitativos que permite tolerancia al frío (Oyanedel, 2000).

Selección gamética

La selección de gametos para el desarrollo de líneas superiores por medio de la toma de muestras de gametos seleccionados de poblaciones superiores fue sugerida por Stadler (1944). En este esquema, una línea

seleccionada es cruzada con una muestra al azar de polen de la población, de la cual se buscan gametos superiores; las plantas F_1 y las líneas seleccionadas se cruzan con un probador común y al mismo tiempo son autofecundadas. Las cruzas de prueba son evaluadas en ensayos replicados y las plantas F_1 cuyas cruzas de prueba son mejores que la línea superior, por el probador se presumen que han recibido un gameto superior a esa fuente.

Navarro *et al.* (1997) evaluaron híbridos dobles formados a partir de cruzas simples mejoradas a través del método de selección gamética y retrocruzas, las mismas que fueron cruzadas con cinco probadores, obtuvieron que para rendimiento de grano, sobresalieron por su productividad los híbridos dobles formados por cruzas simples mejoradas por selección gamética. Las cruzas simples mejoradas por retrocruzamientos fueron más precoces, de menor altura y con menos problemas de acame de raíz y tallo.

Berlanga (1990) quien utilizó líneas recobradas por selección gamética, encontró que el material genético presentó mediana precocidad, acame de raíz, aceptable altura de planta, mayor potencial de rendimiento y estabilidad a través de los ambientes.

Líneas

El desarrollo y mejoramiento de líneas de maíz es un proceso sistemático, en el cual se involucran diferentes y nuevas metodologías de

selección, mediante las cuales se descartan algunas líneas en las primeras etapas de selección con base a su apariencia fenotípica, y más tarde por su aptitud combinatoria como resultado de las pruebas tempranas. Sin embargo, generalmente los fitomejoradores encuentran dificultades en la extracción de líneas superiores, hecho que puede ser atribuido a las fuentes de germoplasma y a la continua depresión endogámica a la que se somete dicho germoplasma (Vergara, 2003).

Hallauer (1990) estimó que cuando mucho el 0.10 por ciento de las líneas desarrolladas son utilizadas en la producción comercial de híbridos. La identificación de pares de líneas con comportamiento superior en rendimiento en combinaciones híbridas generalmente es una situación común en un programa de hibridación, donde se debe tener disponible una serie de líneas. Estas líneas se pueden cruzar con uno de los padres de una cruce simple élite con el propósito de aislar nuevas líneas que puedan mejorar el comportamiento del híbrido original (Dudley, 1984).

En toda fase preliminar de un programa de formación de híbridos de maíz, deben probarse líneas endogámicas por su productividad y aptitud combinatoria en sus combinaciones posibles (McClean *et al.*, 1997) debido a que la evaluación y selección de líneas es la etapa más importante en un programa de mejoramiento de plantas, donde se ha tratado de implementar métodos simples e indirectos que permiten detectar los genotipos más sobresalientes; es

así como nace el concepto de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE).

Según Brauer (1980) el método clásico para la formación de híbridos consiste en desarrollar líneas puras por medio de endogamia y selección continua durante varias generaciones, hasta lograr líneas con suficiente homocigosis y que presenten características deseables.

Allard (1980) y Brauer (1980) indican que con el mejoramiento genético se logra valorizar a las líneas progenitoras de los híbridos mediante las pruebas de ACG y ACE logrando con ello determinar la capacidad de las líneas para producir híbridos superiores cuando se cruzan con otras líneas.

El utilizar líneas de diferente origen permite explotar la gran diversidad genética presente en el maíz. Manejando adecuadamente este material se puede incrementar la respuesta heterótica entre ellas (Bernardo, 2001). Es necesario conocer a que grupo heterótico pertenece cada línea para determinar la relación que existen entre ellas y así poder explotar el fenómeno de la heterosis (Mickelson *et al.*, 2001).

La clasificación de las líneas dentro de grupos heteróticos es esencial para determinar el potencial y utilidad de dichas líneas en el desarrollo de híbridos o sintéticos (Menkir *et al.*, 2003). Una forma de clasificación utilizada

por el mejorador tradicional es a través de la aptitud combinatoria, la cual ha presentado grandes resultados (Fan *et al.*, 2003).

El procedimiento estándar para el desarrollo de híbridos involucra pasos definidos que deben seguirse en la evaluación de líneas para ACG y ACE, así como en la predicción del comportamiento en cruzas usando datos provenientes de híbridos simples (Vasal *et al.*, 1997) lo cual requiere mucho tiempo y recursos económicos.

La prueba temprana de líneas a través del uso de probadores es un método que ayuda al fitomejorador a depurar líneas con poco valor y seleccionar el material más prometedor (Vasal y Córdova, 1996). El uso de diferentes probadores ayuda a separar grupos de líneas con atributos genéticos diferentes y a establecer patrones heteróticos que puedan ser explotados con la selección recíproca recurrente como base de un programa de hibridación (Pinales *et al.*, 2006).

Línea por probador

Usando una amplia base de genotipos como probadores, la aptitud combinatoria general es probada con el método de cruzas. El análisis línea por probador es una extensión de este método en el que varios probadores son usados (Kempthorne, 1957). Este último diseño proporciona información acerca

de la aptitud combinatoria general y específica de los materiales y al mismo tiempo ayuda en estimar varios tipos de efectos de genes. El plan de cruzamientos de este diseño es como sigue: se consideran “ l ” líneas y “ p ” probadores y así “ $l \times p$ ” son todas las progenies producidas. Todas estas progenies con o sin progenitores, son ensayadas usando un apropiado diseño, como el diseño de bloques aleatorios.

El primer paso en el análisis línea por probador es efectuar un análisis de varianza por el diseño usado y probar la significancia de las diferencias entre los genotipos, incluyendo cruzas y progenitores, seguido del análisis de varianza se realiza la partición de los tratamientos; si hay interés de probar la significancia de las cruzas y los progenitores de manera individual, es posible la partición de los tratamientos en varios componentes parecidos a progenitores, cruzas y progenitores vs cruzas. Los siguientes pasos son los análisis línea por probador, estimación de efectos de aptitud combinatoria general, estimación de efectos de aptitud combinatoria específica, error estándar para efectos de aptitud combinatoria y componentes genéticos (Sing y Chaudary, 1985).

Probadores

Una de las primeras definiciones la hace Shull (1945) quien define a un probador teóricamente como el cultivar homocigoto recesivo en todos sus loci; se ha demostrado que el uso de una línea endogámica como probador

proporciona más información para ACG que para ACE (Hallauer y Miranda, 1988).

Los probadores pueden ser diferentes tipos de materiales, destacando el uso de líneas, cruzas simples, triples y dobles o la misma población complementaria (Durón y López, 1991). La decisión de que tipo de probador a emplear va a depender de los objetivos del mejorador.

Vasal *et al.* (1999) afirman que los probadores son esenciales para el éxito de un programa de mejoramiento. Híbridos y líneas endocriadas, son usados como probadores, y que en los últimos años el uso de líneas endocriadas como probadores se ha incrementado significativamente.

Así, Rawling y Thompson (1962) mencionan que un buen probador debe discriminar y clasificar correctamente los genotipos evaluados. Otro apunte lo hace Matzinger (1953) quien menciona que el mejor probador es aquel que proporciona la mayor cantidad de información; Mclean *et al.* (1997) lo define como aquel que clasifica correctamente el mérito de los genotipos probados dentro de grupos heteróticos, de modo que diferencie efectivamente los genotipos evaluados, aumente la varianza y la ganancia genética. Hallauer y Miranda (1988) lo definen como aquel que presenta simplicidad en su uso y que maximiza la ganancia por selección.

Numerosos estudios se han realizado para determinar que probador es más eficiente en la discriminación y clasificación de las líneas; desde el punto de vista de evaluación y selección, lo más recomendable es que se utilice más de un probador, esto permitirá hacer una comparación por la habilidad para clasificar (Latournerie, 1990).

Por su parte, Romero (1996) concluyó que el probador de reducida base genética es más adecuado en la discriminación y clasificación para rendimiento, resultados que concuerdan con lo afirmado por Cedillo (1985) al utilizar la cruce simple AN2 x AN1 para el trópico seco.

De León (2005) menciona que la identificación de líneas elite puede hacerse con la ayuda de probadores en generaciones tempranas (S_2 e incluso S_1 en cierto caso) con el fin de ahorrar trabajo, ya que se reduce el número de líneas que continúan el proceso de endogamia en cruzamientos dirigidos.

En cualquier programa de hibridación con objetivos bien definidos deberán de seleccionarse fuentes de germoplasma orientado al desarrollo de híbridos, estas fuentes deberán tener aspectos importantes, tales como: buen potencial de rendimiento, características agronómicas deseables, tolerancia a endocria, buena aptitud combinatoria, alto comportamiento en cruzamiento con otras poblaciones de grupo heterótico opuesto y buena capacidad para generar progenitores endocriados y no endocriados (Vasal *et al.*, 1990).

Es necesario tener varios tipos de probadores bien definidos para poder separar nuevos materiales y líneas en diferentes grupos heteróticos para la introgresión de estas nuevas fuentes de germoplasma y buena manipulación en formación de híbridos más eficientes (Vasal *et al.*, 1994).

Cuando se utilizan probadores divergentes en la evaluación de líneas, estas diferencias entre las líneas pueden reflejarse en la existencia de interacciones línea por probador. Con respecto a dicha interacción, Vencovsky y Barriga (1992) señalan que ésta es indicadora de la existencia de efectos de aptitud combinatoria específica (ACE) de las líneas con los probadores y que ponen en evidencia la presencia de dominancia y/o efectos epistáticos que involucran dominancia en el control del carácter en cuestión. Por lo tanto, el comportamiento de los cruzamientos con probadores divergentes pueden servir de criterio de clasificación del material en distintos grupos heteróticos (Nestares *et al.*, 1998).

Cuando se utiliza un grupo de probadores divergentes en cruzas de prueba se puede estimar la distancia 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).

Patrones y grupos heteróticos

En cualquier programa de mejoramiento es recomendable tener una eficiente clasificación del germoplasma disponible, agregándolos al menos en

dos grupos plenamente definidos. Lo anterior se puede lograr por dos vías: La primera, mediante una separación empírica de los materiales consistente en agrupar individuos con características morfológicas similares, por ser de una misma región geográfica (De León, 2003); la segunda, y más efectiva, es agrupar individuos que no muestren heterosis al cruzarse entre ellos y que muestren por otra parte, respuesta heterótica similar al cruzarse con otros grupos germoplásmicos (Hallauer y Miranda, 1988; Melchinguer y Gumber, 1998).

Para facilitar el uso de la heterosis y predecir el comportamiento de los híbridos es necesario el establecimiento y uso de grupos heteróticos. Esta tarea ha sido necesaria porque no se ha podido correlacionar suficientemente el comportamiento de las líneas *per sé* con el comportamiento de la progenie híbrida para caracteres importantes agronómicamente, principalmente rendimiento (Hallauer, 2000).

El conocimiento de las relaciones genéticas entre las líneas es de gran utilidad para la planificación de los cruzamientos (Nestares *et al.*, 1999; Betrán *et al.*, 2003) para el desarrollo de nuevas líneas y para la asignación de líneas a grupos heteróticos (Pinto *et al.*, 2003). Por éstas y otras razones, los fitomejoradores tienen un gran interés en la caracterización de la diversidad genética entre y dentro de los grupos heteróticos existentes, así como también las relaciones entre las líneas actuales e históricamente importantes.

Peréz *et al.* (1991) y Xingming *et al.* (2001) han reportado que los cruzamientos dialélicos son eficientes para la agrupación de los progenitores en grupos heteróticos, catalogándolos a partir de la estimación de efectos genéticos como la ACE.

Una vez que se tienen constituidos dos o más grupos germoplásmicos se crea la necesidad de conocer el comportamiento de las cruzas entre ellos y definir un patrón heterótico. Gonzáles *et al.* (1997) han utilizado los cruzamientos dialélicos entre diferentes materiales para determinar un patrón heterótico empleando a sus padres como probadores que serán útiles en la clasificación del nuevo germoplasma en grupos heteróticos bien definidos. Por otro lado, Terrón *et al.* (1997) mencionan que esta identificación se puede hacer cruzando líneas con probadores (cruza de prueba), donde los valores de ACE permiten separar las líneas en grupos heteróticos opuestos.

Muchos autores en el mundo han remarcado la importancia que tiene el uso de patrones heteróticos para generar híbridos superiores (Pollak *et al.*, 1991; Mickelson *et al.*, 2001; Bernardo, 2001). En México, De León (2005) identificó que maíces de CIMMYT y de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro forman un buen patrón heterótico para el área del Bajío.

La identificación de líneas superiores para la explotación de nuevos híbridos es más práctica cuando se atiende un patrón heterótico; es decir, el cruzamiento entre un par de líneas pertenecientes a grupos genéticos

contrastantes, ya que aumenta la posibilidad de detectar híbridos superiores (Hallauer y Miranda, 1988; Melchinger y Gumber, 1998).

Siendo necesario entonces, tener identificado dentro de cada grupo heterótico al mejor material, que además permita discriminar eficientemente líneas del grupo contrastante para determinar el potencial y utilidad de dichas líneas en el desarrollo de híbridos o sintético (Menkir *et al.*, 2003).

Melchinger y Gumber (1998) definen el patrón heterótico como un par de grupos heteróticos complementarios que al cruzarse producen descendencia que exhiben una alta heterosis y un excelente desempeño de sus híbridos en la mayoría de los casos. Además, estos autores agregan que su impacto en los programas de mejoramiento es muy alto, porque predeterminan la manera adecuada de emplear el germoplasma en la generación de combinaciones híbridas.

Para la identificación de grupos potenciales y patrones heteróticos nuevos en un programa de mejoramiento particular se requiere de una eficiente evaluación y clasificación de las fuentes de germoplasma disponible, así como de sus combinaciones realizadas entre cruzamiento dialélicos de grupos o directamente del cruzamiento entre líneas de diferentes grupos germoplásmicos (Hallauer *et al.*, 1988).

Preciado *et al.* (2005) mencionan que el establecimiento de patrones heteróticos entre variedades es un factor clave en todos los programas de mejoramiento de maíz para seleccionar líneas endogámicas progenitoras de híbridos de alto potencial de rendimiento.

Las líneas derivadas de fuentes con patrones heteróticos definidos tienden a complementarse una con otra, maximizando la respuesta heterótica del híbrido. Los patrones heteróticos permiten la elección de probadores basadas en el origen de la línea (Hallauer y Miranda, 1988; Hallauer, 1990; Eyherabide y Hallauer, 1991).

También los mejoradores pueden aprovechar el conocimiento de la genealogía y su relación entre líneas al evaluar cruzas experimentales con líneas derivadas de patrones heteróticos. Después de haber establecido patrones heteróticos en un programa de mejoramiento, es posible optimizar e incrementar la respuesta heterótica a través de selección (Hallauer y Miranda, 1988).

Índice de Selección

El principal reto del fitomejorador es seleccionar las mejores plantas, aunque el criterio de lo que es mejor dependa de lo que se desea mejorar; generalmente significa la mejor calidad genética (Xu, 2003). Ahora bien las metodologías de selección empleadas en maíz por los fitomejoradores se

basan normalmente en rendimiento y no siempre se obtiene el éxito deseado, aún cuando se tienen avances significativos en esta variable ya que se descuidan otras de importancia agronómica. La selección podría ser más efectiva si se consideran simultáneamente otros caracteres (Celis *et al.*, 1986).

Para el mejoramiento de características múltiples existen tres métodos de selección: selección en tándem, niveles independientes de rechazo e índice de selección. Cada método tiene una eficiencia diferente y el que proporcione la ganancia genética máxima por unidad de tiempo y esfuerzo es el mejor (Baker, 1996; Henning y Teuber, 1996).

Smith (1936) y Hazel (1943) establecieron las bases teóricas para la construcción de índices de selección; Harris (1963) indica que un índice de selección involucra básicamente la selección indirecta de una variable no observable por medio de una variable detectable distribuida conjuntamente con la primera.

Un índice de selección es una estrategia que permite al mejorador capitalizar simultáneamente la expresión de varios caracteres en el proceso de selección, ya que por medio de este índice, es posible maximizar la respuesta a la selección para un conjunto de caracteres (Cunningham, 1973).

El índice de selección es una función lineal del valor genético de dos o más características, cada una con un peso acorde con valor económico preasignado (Becker, 1985).

El uso de un índice permite superioridad marcada en un rasgo para compensar inferioridad moderada en el otro. En los índices de selección, los segregantes inferiores en múltiples características se excluyen del ciclo de selección, lo cual no puede ser logrado directamente con tándem o selección truncada (Sharma y Duveiller, 2003).

Por otro lado, Falconer (1980) menciona que se ha demostrado el hecho de que el mejoramiento genético más rápido se espera cuando la selección se aplica simultáneamente a varios caracteres, dando a cada uno de ellos su respectiva ponderación de acuerdo a la importancia económica relativa, la heredabilidad y las correlaciones genotípicas y fenotípicas que existen entre los diferentes caracteres.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

El material genético utilizado en el presente trabajo de investigación estuvo constituido por ocho líneas endogámicas derivadas de una población denominada ideotipo del Instituto Mexicano del Maíz de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Estas líneas, en combinaciones híbridas generaban híbridos de excelente potencial de rendimiento pero con características indeseables, tales como porte de planta y mazorca muy alta, lo cual reducía el valor agronómico del híbrido formado.

Para corregir esta situación, dichas líneas fueron cruzadas con una población donadora del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) que presentaba porte de altura baja para planta y mazorca. A partir de estos cruzamientos se inició un programa de selección gamética propuesto por Stadler (1944) a la par de un programa de retrocruzadas; originando de esta manera 120 líneas recobradas con tres ciclos de retrocruzadas y dos de autofecundación, cuya evaluación en forma *per sé* fue de 117 líneas recobradas con sus respectivas versiones originales.

Se evaluaron bajo el diseño de siembra de bloques al azar en el que se incluyeron cinco líneas como testigos. En el Cuadro 3.1 se concentran las genealogías de las líneas originales, así como de las recobradas.

Metodología

El programa que se empleó para mejorar las líneas originales fue el de selección gamética (Stadler, 1944) que permite la incorporación de caracteres de interés en una fracción mayor que cuando se transmiten caracteres de un material a otro. La metodología convencional propone continuar con autofecundaciones, sin embargo en este trabajo después de la F₁ se siguió con un programa de retrocruzadas, obteniendo líneas recobradas con los caracteres de interés. Con esta técnica se buscó incrementar la efectividad en el mejoramiento de las fuentes de germoplasma existente (recurrente – donador) para extraer nuevas líneas que sean progenitoras de híbridos de alto rendimiento y buen comportamiento agronómico.

Con el fin de conocer el comportamiento de este grupo de líneas recobradas, fueron apareadas con dos cruza simples utilizadas como probadores, que en combinación forman el mejor híbrido doble del programa del Bajío del IMM; donde se asegura que ambos progenitores pertenecen a grupos heteróticos diferentes. Debido a la no coincidencia en la floración, solamente 20 líneas coincidieron con ambas cruza, el resto de las líneas

solamente se cruzaron con una de ellas, obteniendo de esta manera 140 híbridos triples. (Cuadro 3.2).

Cuadro 3.1. Genealogía de las líneas originales y sus respectivas versiones recobradas.

LIN	GENEALOGÍA	LIN	GENI
A	255-18-19N-9-2-A-2-2-A	D	MLN
A1	PD X A3 S1 -1	D1	PD X
A2	PD X A3 S1 -2	D2	PD X
A3	PD X A3 S1 -3	D3	PDX
A4	PD X A3 S1 -4	D4	PD X
A5	PD X A3 S1 -7	D5	PD X
A6	PD X A3 S1 -8	D6	PD X
A7	PD X A3 S1 -5	D7	PD X
A8	PD X A3 S1 -10	E	255-1
A9	PD X A3 S1 -6	E1	PD X
A10	PD X A3 S1 -14	E2	PD X
B	232-10-11-1RC4N-19-4-2	E3	PD X
B1	PD X A3 S1 -1	E4	PD X
B2	PD X A3 S1 -2	E5	PD X
B3	PD X A3 S1 -3	E6	PD X
B4	PD X A3 S1 -4	E7	PD X
B5	PD X A3 S1 -10	E8	PD X
B6	PD X A3 S1 -11	F	232-1
B7	PD X A3 S1 -15	F1	PD X
B8	PD X A3 S1 -19	F2	PD X
B9	PD X A3 S1 -28	F3	PD X

LIN= línea; letra sola= Línea original; Letra con número= Línea recobrada.

Cuadro 3.2. Genealogía de las cruzas experimentales

H. E.	GEN	H. E.
1	♀ x 4201	48
2	♀ x 4202	49
3	♀ x 4203	50
4	♀ x 4205	51
5	♀ x 4206	52
6	♀ x 4207	53
7	♀ x 4208	54
8	♀ x 4209	55
9	♀ x 4210	56
10	♀ x 4211	57
11	♀ x 4212	58
12	♀ x 4213	59
13	♀ x 4214	60
14	♀ x 4215	61
15	♀ x 4217	62
16	♀ x 4218	63
17	♀ x 4219	64
18	♀ x 4220	65
19	♀ x 4221	66
20	♀ x 4222	67
21	♀ x 4223	68
22	♀ x 4224	69

H. E. = híbrido experimental; GEN= genealogía

Especificando que 92 líneas se cruzaron exclusivamente con el probador enano, ocho con el probador tropical y 20 líneas tuvieron en común el cruzamiento con los dos probadores contrastantes.

Tanto las líneas como las cruzas de prueba se evaluaron en tres ambientes representativos del Bajío Mexicano (Tlahuelilpan, Hidalgo, Tierra Fría, Guanajuato y El Prado, Galeana, Nuevo León). En el ciclo primavera - verano del 2007.

En la evaluación de las cruzas de prueba se incluyeron doce testigos, de los cuales ocho son de híbridos comerciales de empresas de la iniciativa privada, y cuatro híbridos del IMM-UAAAN, de los cuales tres son experimentales y uno comercial (AN-452), este último representa el patrón heterótico para la zona del Bajío. La información detallada se encuentra en el Cuadro 3.3.

Cuadro 3.3. Genealogía de los híbridos utilizados como testigos

TES	DEN
1	AN-452
2	AN-455
3	DK-2020
4	PUMA
5	30G54
-	~ ~ ~ ~ ~

TES=testigo; DEN= denominación; PROC=procedencia; IMM=Instituto Mexicano del Maíz; UAAAN= Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

Descripción de los ambientes de evaluación

La evaluación del material genético se efectuó en localidades del Bajío Mexicano durante el ciclo primavera - verano de 2007, cuyas descripciones de los ambiente de pruebas se muestran en el Cuadro 3.4.

Cuadro 3.4 Ubicación geográfica y características climáticas de los ambientes de evaluación.

Ambiente	Latitud Norte	Longitud Oeste
Tlahuelilpan, Hidalgo	20° 80'	99° 14'

Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra

La parcela experimental en todos los ensayos fue de un surco; con una separación entre surco de 0.75 por 5 m de largo para el ambiente Tierra Fría, Guanajuato y Tlahuelilpan, Hidalgo. Mientras que el ambiente de El Prado, Galeana, Nuevo León, se utilizó una separación de 0.90 por 3.99 m. de largo para cada parcela.

Las fecha de siembra fue el 26 de marzo de 2007 para Tlahuelilpan, Hidalgo, posteriormente en la localidad de El Prado Galeana, Nuevo León se realizó el 29 de marzo de 2007, y finalmente en Tierra Fría, Guanajuato el día 24 de mayo de 2007.

Manejo agronómico

Debido a la naturaleza del material genético, las evaluaciones se agruparon en dos experimentos: Uno, incluyó a las líneas originales y recobradas, que se dividieron en ocho grupos y se sembraron bajo un diseño de bloques al azar, y el otro estuvo conformado por los híbridos triples y testigos. La siembra se llevó a cabo bajo un diseño de bloques incompletos al azar con arreglo alfa - látice, con dos repeticiones por localidad.

Labores culturales

Las labores culturales, así como los riegos, la aplicación de herbicidas y pesticidas necesarios para el cultivo, se aplicaron en forma oportuna y adecuada en cada localidad de estudio, buscando obtener los mejores resultados.

Fertilización

La fórmula de fertilización fue de 180-90-90 para Tierra Fría, Gto. y Tlahuelilpan, Hgo. y de 120-60-60 para El Prado, Galeana, N. L. en todas las localidades se aplicó la mitad de nitrógeno con todo el fósforo y potasio a la siembra, la otra mitad de nitrógeno se aplicó al primer cultivo.

Cosecha

Se realizó de manera manual, registrando el peso de campo y por ciento de humedad.

Variables agronómicas evaluadas

Los caracteres medidos son las que se consideraron de mayor relevancia para efectuar la selección de los materiales de interés, siendo estas las que a continuación se mencionan:

Floración masculina y femenina (FM, FF): Son los días transcurridos desde la fecha de siembra hasta que el 50 % de las plantas de la parcela experimental se encontraron en antesis y con estigmas receptivos, en cada caso.

Altura de planta y mazorca (AP, AM): Longitud existente entre la base del tallo y la hoja bandera y la base del tallo hasta la inserción de la mazorca principal, respectivamente. La medida se hace en plantas representativa de la parcela y se expresó en centímetros.

Relación mazorca – planta (RMP): Relación que existe entre la altura de la planta y la inserción de la mazorca principal, expresado en por ciento.

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

Acame de raíz (AR): Por ciento de plantas que mostraron una inclinación mayor a los 30 grados respecto a la vertical de las mismas, dentro de cada unidad experimental.

Acame de tallo (AT): Por ciento de plantas quebradas por debajo de la mazorca principal, con respecto al total de plantas cosechadas.

Plantas con *Fusarium* (PF): Por ciento de plantas que se observaron total o parcialmente enfermas por *Fusarium spp*, en relación al número total de plantas cosechadas.

Mala cobertura (MC): Por ciento de plantas cuya mazorca no se encontraron cubiertas totalmente por el totomoxtle (brácteas) en relación con el total de las mazorcas cosechadas en cada parcela.

Calificación de planta (CP): Se refiere al valor asignado a las plantas de cada parcela en base a su apariencia visual, que incluye calificación general sobre atributos tales como: porte, color, arreglo topológico, vigor, aspectos de fruto, etc. Utilizando la escala de 1 a 5, donde uno es muy buena y cinco muy mala.

Calificación de mazorca (CM): Se refiere al valor asignado a las mazorcas cosechadas y sin brácteas de cada parcela en base a su apariencia visual en conjunto con daños causados por insectos o enfermedades, tamaño y uniformidad de la misma. Utilizando la escala de 1 a 5, donde uno es muy buena y cinco muy mala.

Prolificidad (PROL): Número de mazorcas cosechadas entre el número de plantas cosechadas expresadas en porcentaje:

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

Rendimiento (REND): Se estimó el rendimiento de mazorca al 15.5% de humedad expresada en t ha⁻¹ a través de multiplicar el peso seco (PS) por el factor de conversión (FC).

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

Donde:

% H = porcentaje de humedad del grano a la cosecha por parcela

PC = peso de campo en kg.

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

Donde:

APU = área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre matas por el número exacto de plantas por parcela; 0.845 = constante para transformar el rendimiento de peso seco al 15.5% de humedad; 1000 = constante para obtener el rendimiento en t ha⁻¹; y 10,000 = valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m².

Ajuste del rendimiento por covarianza

Debido a que el número de plantas fue muy variable entre las parcelas, dentro de los experimentos ocasionados principalmente por las condiciones ambientales y de manejo, existió la necesidad de realizar un análisis de covarianza, con el fin de estimar el efecto de esta variable en la expresión final del rendimiento. Cuando se determinó que la covariable mostró significancia mediante la prueba de F, el rendimiento se ajustó mediante la siguiente fórmula:

$$\hat{Y}_{ij} = y_{ij} - b_i(x - \bar{A})$$

Donde:

\hat{Y}_{ij} = Rendimiento corregido por covarianza; y_{ij} = Rendimiento observado;

b_i = Coeficiente de regresión ajustado; x = Número de plantas cosechadas por

parcela, \bar{A} = promedio de plantas cosechadas en el experimento.

Análisis estadístico

Las líneas y los híbridos triples se analizaron en forma independiente y combinada utilizando el paquete estadístico SAS; siguiendo el presente modelo lineal.

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + \lambda_k + \lambda \alpha_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

y_{ijk} = Variable de respuesta; μ = media general; α_i = efecto de la i -ésima localidad; $\beta_{j(i)}$ = efecto del j -ésimo bloque dentro de la i -ésima localidad; λ_k = efecto del k -ésimo tratamiento; $\lambda \alpha_{ik}$ = efecto de la interacción del k -ésimo tratamiento en la i -ésima localidad; ε_{ijk} = efecto del error experimental.

Los híbridos triples experimentales se dividieron en sus componentes; línea, probador (enano y tropical) y línea por probador considerando las

instrucciones de Singh y Chaudary (1985), los datos se analizaron bajo una rutina del SAS, versión 8.

Modelo lineal empleado:

$$Y_{ijkl} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + L_k + P_l + LP_{kl} + \alpha_{L_{ik}} + \alpha_{P_{il}} + \alpha_{LP_{ikl}} + \xi_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijkl} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; α_i = efecto de la i-ésima localidad; $\beta_{j(i)}$ = efecto del 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 en el l-ésimo probador; $\alpha_{L_{ik}}$ = efecto de la K-ésima línea en la i-ésima localidad; $\alpha_{P_{il}}$ = efecto del l-ésimo probador en la i-ésima localidad; $\alpha_{LP_{ikl}}$ = efecto de la k-ésima línea en el l-ésimo probador en la i-ésima localidad; ξ_{ijkl} = error experimental.

Índice de selección

El índice de selección utilizado fue el escrito por Barreto *et al.* (1991) que integró en este trabajo de investigación la expresión de 13 caracteres en uno solo, la selección se hizo considerando el orden del índice de selección

estimado en cada genotipo, que permitirá tomar decisiones mejor fundamentadas y maximizar la respuesta a la selección.

La estimación del IS se realizó por repetición dentro de cada ambiente, para poder modelar esta variable y así realizar un análisis de varianza que permita explicar las diferencias detectadas.

El IS se aplicó tanto en líneas como para las cruzas de prueba, tal procedimiento para el cálculo del IS fue siguiendo la metodología escrita por Barreto *et al.* (1991), Como sigue:

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

Donde:

IS = Índice de selección

$Y_{j...n}$ = Variable en unidades Z

$M_{j...n}$ = Meta de selección

$I_{j...n}$ = Intensidad de selección

Debido a que los parámetros de las variables estaban en unidades distintas; días, toneladas, centímetros, porcentajes, calificaciones visuales etc., fue necesario estandarizar todos los valores para que las distintas características pudieran combinarse mediante la siguiente fórmula:

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

Donde:

Z = Valor estandarizado.

y_j = Valor observado para la entrada j.

\bar{y} = Promedio de todas las entradas.

s = Desviación estándar del grupo de entradas.

La meta de selección esta dada en unidades de desviación estándar del promedio, de esta manera los valores positivos seleccionan aquellos genotipos que se encuentran por encima del promedio; valores negativos, genotipos por debajo del promedio y valores de cero, genotipo igual al promedio.

La intensidad de selección refleja la importancia económica relativa de las diferentes variables a usarse en la selección, es definida por el investigador y toma valores de 0 a 10. Mientras más grande es el valor de la intensidad mayor peso se le da a la variable.

Entre más cercano se encuentre el valor estandarizado de cada una de las variables a la meta deseada, más pequeño será el valor del IS calculado y más cerca se encontrará el genotipo de los criterios deseados, siendo este IS por tanto superior, mientras más grande es el valor de IS, más lejos se

encuentra el genotipo de los criterios y el IS es por tanto inferior. El concreto el mejor genotipo es aquel que tiene el valor más pequeño de IS.

Precisando que las variables floración femenina y altura de mazorca no fueron consideradas para el cálculo de índice de selección por estar correlacionada con otras variables.

El índice de selección se calculó empleando la misma intensidad de selección pero modificando las metas para cada una de las variables, para esto se corrió una rutina de programación con la finalidad de conocer el promedio de desviaciones estándar y por ende, conocer la distribución de los genotipos para cada variable, información que se empleó para determinar el límite de la selección asegurando que entraran los individuos con atributos estadísticamente superiores, con el cual se determinaron los límites de selección para genotipos deseados.

Una vez obtenidas las metas con la primera rutina de programación se corrió la rutina de índice de selección empleando las metas obtenidas y utilizando las mismas intensidades que fueron fijadas desde un principio, siendo precisa para la elección de los mejores genotipos que serán aquellos con los IS bajos. En el Cuadro A1 del apéndice se registraron las metas e intensidades aplicadas para el índice de selección de las líneas originales y recobradas. En los Cuadro A2, A3 del apéndice se muestran las metas e intensidades para

líneas recobradas por probador enano y líneas recobradas por probador tropical respectivamente.

Una vez obtenido el índice de selección para cada genotipo, se evaluó el desempeño de estos materiales con base al orden del IS mediante un análisis de varianza combinado a través de localidades, con la finalidad de conocer el comportamiento estadístico de IS en las localidades, repeticiones y genotipos.

Ubicación de líneas en grupos heteróticos

Debido a que 20 líneas coincidieron con el cruzamiento de dos probadores, se logró descomponer el efecto de tratamientos en la interacción de línea por probador descrito por Sing y Chaudary (1985), esto facilitó la estimación de los efectos de ACE. Con base a los valores de ACE se confirmó que los probadores empleados son realmente contrastantes, procediendo a clasificar las líneas en los grupos heteróticos establecidos. Mientras que para las líneas que se cruzaron con un probador se utilizó el promedio de rendimiento. Donde aquellas cruza que rendían arriba de la media pertenecía al grupo heterótico complementario del probador y aquellas que rendían menos pertenecían al mismo grupo heterótico.

Criterios de selección

Con el objeto de lograr mayor respuesta a la selección y simplificar este proceso, se auxilió de un índice de selección considerándolo como único criterio

que se toma en cuenta para la selección con base al orden del mérito de los índice de selección, seleccionando los genotipos que presentaron el mejor promedio de índice a través de localidades que es la manera como convencionalmente se efectúa. Además se realizó una comparación de medias (Tukey) para identificar genotipos estadísticamente superiores, tanto de las líneas *per se* y recobradas como en las cruzas de prueba.

Para la clasificación de las líneas se consideró el comportamiento de las 20 líneas apareadas con los dos probadores, donde se determinó que si una línea tiene un alto rendimiento o en su caso un alto valor de ACE con un probador específico se asume que pertenece al grupo heterótico opuesto, mientras que cuando una crusa rinde menos que la media y un valor menor de ACE indica que pertenece al mismo grupo heterótico.

La asignación de líneas a grupos heteróticos se realizó basado en promedios de rendimiento para las líneas que coincidieron con el cruzamiento de un probador.

Para identificar el probador con mayor poder de discriminación de las líneas, se realizó en base a lo que De León *et al.* (2005) sugiere que cuando un grupo de líneas son cruzados simultáneamente con diferentes probadores, un criterio para elegir al probador ideal para ese grupo de líneas sería la variabilidad detectada para cada probador en función de la magnitud de sus cuadrados medios.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Con el fin de dar cumplimiento a los objetivos e hipótesis que inicialmente se plantearon en la presente investigación, en este apartado se expone el análisis de varianza combinado para cinco caracteres que fueron considerados de mayor relevancia, tales como: floración masculina (FM), altura de planta (AP), relación mazorca planta (RMP), prolificidad (PROL), rendimiento de mazorca al 15.5% de humedad (REND) e índice de selección (IS).

La información utilizada para la realización de los análisis estadísticos se obtuvo de la evaluación *per sé* de las líneas originales, así como también de 117 líneas recobradas por selección gamética y el método de retrocruzas, además de cinco genotipos empleados como testigos, así como de 140 cruzas de prueba obtenidas por una crusa simple de las líneas recuperadas apareadas con dos probadores genéticamente contrastantes anexando a la evaluación

doce testigos que sirvieron como comparativo en la expresión de los genotipos de interés.

Análisis de la evaluación *per se* de líneas originales y recobradas

La concentración de los cuadrados medios y su significancia de las variables bajo estudios se presenta en el Cuadro 4.1. Los resultados mostrados en dicho cuadro, indican que la fuente de variación “localidades” presentó diferencias significativas ($P \leq 0.01$) para todos los caracteres sujetos a estudio, estas diferencias son atribuidas a que las localidades de evaluación del macroambiente no presentaron las mismas condiciones edáficas, climáticas y de ubicación geográfica.

En la fuente de variación de “Bloques/loc” no se detectaron diferencias significativas para ninguna variable, de tal manera que se deduce que los bloques presentaron un comportamiento similar en cada localidad, por lo que se considera que el diseño estadístico no fue eficiente para minimizar la varianza del error.

Para “líneas” se detectaron diferencias significativas al nivel de $P \leq 0.01$ para todas las características agronómicas, siendo esto un indicativo de la diversidad genética presente en cada una de ellas, con esto brinda la oportunidad de identificar líneas de excelentes atributos agronómicos y de alto potencial genético, mismas que podrían ser empleadas a futuro como progenitoras de híbridos superiores.

Cuadro 4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza de líneas originales y recobradas en tres ambientes de evaluación.

F. V.	G. L.	FM	G. L.
		días	
Localidades (Loc)	1	342735.27 **	2
Bloques/Loc	2	6.34	3
Líneas	129	77.06 **	129
gpo A	10	18.39 **	10
gpo B	9	13.72 **	9
gpo C	23	50.18 **	23
gpo D	7	3.48	7
gpo E	8	25.31 **	8
gpo F	18	40.64 **	18

*, **Niveles de significancia a $P \leq 0.05$ y $P \leq 0.01$ respectivamente; F. V.= fuente de variación; C. V.= coeficiente de variación; G. L.= grados de libertad, FM= floración masculina, AP= altura de planta, RMP= relación mazorca planta, PROL= prolificidad, REND= rendimiento de mazorca al 15.5% de humedad.

Debido a que la fuente de variación líneas mostró diferencias estadísticas, fue dividida en ocho fuentes diferentes llamados “grupos”. Donde cada grupo está conformado por una línea original y sus líneas recobradas. Esta partición permitió medir la diversidad en cada grupo.

En el Cuadro 4.1 se observa que en el grupo D, no hubo diferencias entre sus líneas, quizás por ser un número reducido; todos los demás grupos presentaron diferencias significativas ($P \leq 0.01$ y $P \leq 0.05$) para la mayoría de los caracteres evaluados, lo cual es un indicativo de que la versión original de las líneas es diferente a sus versiones recobradas y que entre las mismas

líneas recobradas también existen diferencias, por lo que es una razón obvia, considerando que el donador que se empleó fue de una población de amplia base genética, por lo tanto, esta variación de las líneas recobradas se le atribuye a la amplia variación genética del donador y a los criterios de selección por parte del mejorador.

Con esta variación existente es factible realizar selección, ya que estadísticamente el comportamiento dentro los grupos son diferentes. Se considera que la selección gamética y los retrocruzamientos trajo consigo una gran aportación de variación lo que favorece el mejoramiento de las líneas originales.

Una de las finalidades de esta investigación fue valorar el potencial agronómico de las líneas originales, así como las obtenidas después de tres ciclos de retrocruzamientos y dos autofecundaciones, donde únicamente se logró mejorar el carácter de altura de planta, presentando variación en la mayoría de sus grupos, mientras que en el carácter de relación mazorca - planta, solo algunos grupos mostraron diferencias considerando que su variación no fue la suficiente para designar que fue totalmente mejorado.

En cuanto a la fuente "línea x loc", en el caso de relación mazorca - planta no mostró significancia y para el resto de los caracteres hubo diferencias altamente significativas, lo que indica que la respuesta de las líneas fue diferente en los ambientes.

Con respecto a la fuente “grupos por localidad” donde se aprecia significancia indica que los grupos cambian de orden por ambiente.

Analizados los coeficientes de variación obtenidos, se encuentran en el rango técnicamente aceptable en un ensayo uniforme, indicando una buena conducción del experimento para las variables agronómicas evaluadas. Por otra parte, la razón por el cual se observan diferencias en los grados de libertad fue debido a que no se registraron datos del carácter de floración masculina, correspondiente al ambiente de prueba de Tlahuelilpan, Hgo.

Debido a que la elección de genotipos sobresalientes en todas las variables es muy complicada y que en ocasiones produce sesgo si se realiza de manera independiente o en tandém, se utilizó la metodología de índice de selección descrita por Barreto *et al.* (1991).

Índice de selección para líneas originales y recobradas

El índice de selección es la metodología para hacer selección de manera simultánea para varias características, la cual toma en consideración, además de los aspectos genéticos, la importancia económica de las características involucradas.

Considerando los valores fenotípicos de las variables analizadas: FM, SF, AP, RMP, AR, MC, PF, CP, CM, PROL y REND, se aplicó un índice de selección para las líneas originales con sus respectivas versiones recobradas.

Para comparar la expresión de estos materiales y el comportamiento de cada una de las variables de clasificación, se efectuó un análisis de varianza combinado de índices de selección (Cuadro 4.2) generando como resultado diferencias significativas al nivel de $P \leq 0.05$ para la fuente de "localidad", las diferencias estadísticas observadas entre los ambiente de prueba se debieron probablemente a diferencias climáticas. Para la fuente "bloques/loc" se detectó diferencias altamente significativas, lo que confirma que los bloques se comportaron de manera diferente dentro de cada localidad, deduciendo que el diseño experimental empleado fue eficiente.

Para el caso de la fuente de variación "líneas" se observó diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$), lo que pone de manifiesto la variabilidad existente entre líneas atribuibles a los diferentes valores de índices de selección de cada uno de los tipos de materiales, infiriendo que están asociados a sus diferentes valores genéticos.

Cuadro 4.2. Cuadrados medios del análisis de varianza de índice de selección de líneas originales y recobradas.

F. V.	G.
Localidades (Loc)	
Bloques/Loc	
Líneas	1
grupo A	
grupo B	
grupo C	
grupo D	

*, **Niveles de significancia a $P \leq 0.05$ y $P \leq 0.01$ respectivamente; F. V.= fuente de variación; C. V.=coeficiente de variación; LSD= diferencia mínima significativa; G. L.= grados de libertad.

Dentro de la fuente de líneas cuya partición se dividió en 8 grupos, no hubo diferencias significativas para el grupo C, D y H, para el resto de los grupos mostraron diferencias de $P \leq 0.01$ y $P \leq 0.05$, lo cual significa que existe variabilidad genética en dichos grupos. En cuanto a líneas por localidad resultó con diferencias de $P \leq 0.01$, a lo que se le atribuye a la falta de consistencia en el orden de los materiales en las localidades tendiendo a expresarse de manera desigual.

Los índices de selección de los ocho genotipos originales con sus versiones recobradas se concentraron en el Cuadro 4.3 donde se aprecia que

la línea original A, cuyas líneas recobradas son 10, se cuenta que la versión recobrada A3 y A8 superaron estadísticamente a su versión original, considerando que estos valores se obtuvieron por índice de selección.

Para la línea original B, las versiones recobradas B5 y B6 superaron estadísticamente a su línea original; en cuanto a la línea original C, las versiones recuperada C1, C7 y C8 mejoraron con respecto a la original.

En el caso de la línea original D, existieron líneas que si superaron a su línea original pero que estadísticamente todas son iguales. Para la línea original E y H no presentaron versiones recobradas superiores; en cuanto a la línea original F, todas las líneas recobradas superaron a la original excepto, la F18 y fueron diferentes estadísticamente las líneas F4, F6, F7, F9, F12 y F14, lo que indica que resultó ser eficiente el proceso de mejoramiento.

Cuadro 4.3. Contraste de líneas originales y sus versiones recobradas para índice de selección.

GRUPO	IS	GRUPO	IS	GRUPO	IS	GRUPO	IS	GRUPC
A	14.61	B	17.19	C	12.54	D	13.65	E
A1	11.55	B1	10.02	C1	10.39 *	D1	9.95	E1
A2	11.56	B2	11.07	C2	10.49	D2	11.12	E2
A3	12.03 *	B3	11.71	C3	10.58	D3	12.03	E3
A4	12.35	B4	11.93	C4	10.63	D4	12.06	E4
A5	12.42	B5	12.07 **	C5	10.94	D5	12.51	E5
A6	12.84	B6	12.24 *	C6	11.34	D6	14.23	E6
A7	13.45	B7	13.56	C7	11.43 **	D7	16.01	E7
A8	14.12 *	B8	14.08	C8	12.34 *			E8
A9	14.81 *	B9	14.46	C9	12.44			
A10	14.95			C10	12.51			
				C11	12.73 *			
				C12	12.86			
				C13	13.04			
				C14	13.15			
				C15	13.21 *			
				C16	13.31 **			
				C17	13.36			
				C18	13.61 **			
				C19	13.71			
				C20	13.83 *			
				C21	13.99 **			
				C22	14.00			
				C23	14.32			

*, **Niveles de significancia a $P \leq 0.05$ y $P \leq 0.01$ respectivamente; letra sola= Línea original; Letra con número= Línea recobrada; IS= Índice de selección.

Y por último, para la línea G, solo doce líneas recobradas de un total de 30 exhibieron un índice menor al de la línea original, siendo estas: G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G9, G10, G11, G12 y G13.

Con respecto a los testigos empleados, se aprecia que de las ocho líneas originales sólo una de ella no superó numéricamente a los testigos, puesto que esta mostró IS alto con respecto a los IS de los testigos.

De acuerdo con la comparación de medias realizada entre los genotipos de las líneas originales y recobradas resultó ser mejor línea original "E", puesto que fue la que tuvo un promedio de IS menor en comparación con el resto de las líneas originales, así mismo se seleccionaron 25 líneas recobradas obtenidas de cinco líneas originales, es decir de la línea A(2), B(2), C(3), F(6) y de la línea G(12).!

Análisis de las cruzas de prueba

Para conocer el potencial agronómico que tuvieron las cruzas triples experimentales, en esta sección se presentan los resultados del análisis de varianza combinado, apropiado para determinar las diferencias existentes en la expresión de los genotipos bajo evaluación, posteriormente se aborda este análisis de varianza con la finalidad de explicar cada unos de los sucesos ocurridos en cada fuente de variación.

En el Cuadro 4.4 se concentraron los cuadrados medios del análisis de varianza combinado de tres localidades para las cruzas triples, en el cual se analizaron cinco características agronómicas. En tal cuadro se apreció que para la fuente de variación “localidades” hubo diferencias estadísticas de $P \leq 0.01$ para todas las variables agronómicas, indicando que la expresión de los genotipos es afectado por el ambiente de evaluación; por ello, en un programa de mejoramiento de plantas es común establecer el mismo experimento en diferentes ambientes, para así tomar con mayor precisión el valor de los componentes genéticos y separar el efecto de los genotipos por el ambiente, como lo expresa Márquez (1992).

Para “Bloques/Loc”, se observaron diferencias significativas a nivel de $P \leq 0.01$ para los caracteres de floración masculina, altura de planta, prolificidad y rendimiento, en cambio no fue significativo para relación mazorca planta, lo que confirma que los bloques se comportaron de manera diferente dentro de cada localidad, deduciendo que el diseño experimental empleado fue eficiente.

Para “Híbridos” se detectaron diferencias significativas al nivel de $P \leq 0.01$ para cinco caracteres evaluados, este resultado era de esperarse dada la diversidad de los orígenes de los progenitores incluidos en este trabajo.

Cuadro 4.4. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para las cruzas de prueba. Evaluados en Tierra Fría, Gto., Tlahuelilpan, Hgo. y El Prado, Galeana, N. L.

F. V.	G. L.	FM	G. L.
		días	
Localidades (Loc)	1	366435.30*	2
Bloques/loc	2	20 90**	3

*, **Niveles de significancia a $P \leq 0.05$ y $P \leq 0.01$ respectivamente; F. V.= fuente de variación; C. V.= coeficiente de variación; G. L.= grados de libertad, FM= floración masculina, AP= altura de planta, RMP= relación mazorca planta, PROL= prolificidad, REND= rendimiento de mazorca al 15.5% de humedad.

Para la fuente de variación de “Híbrido x Loc” se encontraron diferencias para la variable floración masculina y rendimiento ($P \leq 0.01$). Para el resto de los caracteres no mostró significancia esto es un indicativo de que los materiales tuvieron un comportamiento similar en los ambiente de prueba.

Análisis de varianza del índice de selección de las cruzas de prueba

De acuerdo con el índice de selección estimado por repetición, basado en los valores fenotípicos, del total de las variables estudiadas, se realizó un análisis de varianza combinado a través de los tres ambientes de prueba.

En tal análisis (Cuadro 4.5) se detectaron diferencias con nivel de significancia de $P \leq 0.01$ para la fuente de variación “localidad”, lo que indica que las localidades fueron diferentes. Para “Bloques/Loc” no hubo diferencias

significativas. Para la fuente “híbridos”, se detectaron diferencias al nivel de $P \leq 0.01$ las cuales pueden ser atribuidas a la gran diversidad genética, lo que hace posible la identificación de cruzas de prueba con mejores valores relativos de IS.

Cuadro 4.5. Cuadrados medios del análisis de varianza de índice de selección de las cruzas de prueba evaluadas en tres ambientes durante el 2007.

F.V.	G.L.
Loc	
Bloques/(Loc)	
Híbridos	15

*, **Niveles de significancia a $P \leq 0.05$ y $P \leq 0.01$ respectivamente; F. V. = fuente de variación; C. V.=coeficiente de variación; G. L.= grados de libertad.

En el Cuadro 4.6 se presenta la relación de las mejores cruzas de prueba, así como los testigos empleados, cuya relación exhibe su respectivo valor de índices, por lo tanto se realizó una selección de 14 híbridos, estos genotipos resultaron ser sobresalientes puesto que exhibieron gran potencial agronómico y que fueron identificados en base a su índice de selección en relación al promedio.

Es de importancia mencionar que la mayoría de los híbridos experimentales seleccionados se obtuvieron del cruzamiento de líneas

recobradas por el probador enano, excepto el híbrido 17 y 25 cuyos híbridos fueron obtenidos del cruzamiento de líneas recobradas con el probador tropical.

Cuadro 4.6. Índice de selección de las mejores cruzas de prueba

HIB. EXPERIMENTAL
29
26
70
105
6
2
93
24

Las cruzas de pruebas seleccionadas pueden ser consideradas en un futuro a ser explotadas comercialmente considerando que seis de ellas resultaron ser superiores numéricamente al mejor híbrido comercial, es decir al 30G88, así mismo el resto de las cruzas de prueba rebasaron al segundo mejor híbrido (DK 2020), también es de importancia mencionar que todo este material

genético ha superado al híbrido AN – 452, cuyos progenitores de este híbrido fueron empleados como probadores. Por lo tanto, se considera que el proceso de mejoramiento efectuado resultó ser eficiente para lograr obtener mejores materiales.

Debido a que en el análisis de varianza de los índices de selección de las cruzas de prueba a través de los ambientes no se detectaron diferencias significativas en la fuente híbrido por localidad, se tuvo lugar a que la selección de los mejores genotipos se realizara de manera directa.

Análisis línea por probador

Debido a que en el análisis de varianza combinado de las cruzas de prueba a través de localidades se detectaron diferencias significativas en las fuentes de “Híbridos” (tratamientos) para todas las variables, se realizó un análisis de línea por probador particionado en sus diversos componentes. En el Cuadro 4.7 se presentan los cuadrados medios y las significancia detectadas en cada una de las variables.

Para “líneas” se observaron diferencias a nivel de $P \leq 0.01$ para todas las variables, lo que afirma que existe variación entre ellas, probablemente atribuible al diverso fondo genético que presenta cada línea, lo que genera la oportunidad de identificar líneas con excelentes atributos agronómicos y alto

valor genético, mismas que pueden ser utilizadas en un futuro como progenitoras de híbridos superiores.

Por otra parte, las significancias estadísticas ($P \leq 0.01$) observadas en la fuente probador para las variables floración masculina, relación mazorca - planta y rendimiento es indicativo de que estos probadores difieren en características genóticas, puesto que es obvio de que sean diferentes por poseer orígenes genéticamente divergentes, lo cual permitirá la identificación de aquel que exhiban el mayor potencial genético, estas significancia probablemente también tiene relación con la capacidad que muestran los probadores para discriminar líneas (*Vasal et al.*, 1992).

Con esto se demuestra la importancia de utilizar varios probadores en la evaluación de líneas, puesto que se tiene mayor seguridad de seleccionar líneas superiores, tanto por su capacidad de combinación como por su respuesta agronómica en general como lo mencionan Rivas *et al.* (2000).

Cuadro 4.7. Cuadrados medios del análisis de línea por probador para: floración masculina, altura de planta, relación mazorca-planta, prolificidad y rendimiento. Evaluados en Tierra Fría, Gto, Tlahuelilpan, Hgo. y El Prado, Galeana, N. L. Durante la primavera del 2007.

F. V.	G. L.	FM	G. L.
		días	
Localidades (Loc)	1	195456.17 **	2
Bloques/Loc	2	15.81 **	3
Líneas	119	24.75 **	119
Probadores	1	586.83 **	1

*, **Niveles de significancia a $P \leq 0.05$ y $P \leq 0.01$ respectivamente; F. V.= fuente de variación; C. V.= coeficiente de variación; G. L.= grados de libertad, FM= floración masculina, AP= altura de planta, RMP= relación mazorca planta, PROL= prolificidad, REND= rendimiento de mazorca al 15.5% de humedad.

En la fuente de variación “línea por probador” se detectaron efectos estadísticamente significativos ($P \leq 0.01$), para las variables floración masculina, altura de planta, relación mazorca - planta y rendimiento, en donde los efectos se interpretaron como que las líneas cambian de comportamiento cuando se cruzan con diferentes probadores. Esto crea la necesidad de identificar de forma particular líneas y probadores que muestren una buena combinación (Híbridos experimentales).

La interacción línea por probador, según Vencovsky y Barriga (1992) señalan que es indicadora de la existencia de efectos de aptitud combinatoria específica (ACE) de las líneas con los probadores y que pone en evidencia la presencia de dominancia y/o efectos epistáticos que involucran dominancia en el control del carácter en cuestión. Por lo tanto, el comportamiento de los cruzamientos con probadores divergentes pueden servir de criterio de clasificación del material en distintos grupos heteróticos.

Para las fuentes de “lín x loc” y “prob x loc”, se detectaron diferencias estadísticas al $P \leq 0.01$, para las variables floración masculina y rendimiento, lo que indican que el orden que guardan las líneas y los probadores involucrados no son los mismos por localidad y que no tienen suficiente capacidad para amortiguar las diversas condiciones ambientales, es decir no son estables. Lo que según Yan *et al.* (2000), amerita un estudio más detallado donde se incluya el efecto de la interacción durante la selección.

Así mismo para estas fuentes “lín x loc” y “probador x loc”, no se detectaron diferencias estadísticas para las variables altura de planta, relación mazorca planta y prolificidad esto es indicativo que para, estas variables las líneas y los probadores guardaron un comportamiento similar a través de ambientes, es decir el orden y valor relativo de los genotipos son estables en la expresión de esas variables. Esto es importante para seleccionar genotipos que se adapten a cada ambiente o que tengan buen comportamiento en diferentes ambientes (De la Rosa *et al.*, 2006).

La fuente de variación correspondiente a “lín x prob x loc” resultó con diferencias estadísticas a nivel de $P \leq 0.01$ solo para las variables floración masculina y rendimiento, la ausencia de significancia detectada en la triple interacción en el resto de las variables es un indicador primordial de que las combinaciones híbridas mantienen un orden relativamente similar en los tres ambientes de evaluación.

Ubicación de las líneas en grupos heteróticos

La ubicación de las líneas en grupos heteróticos se puede realizar por dos vías, la primera por medios de los valores de efectos de ACE y la otra basada en promedio de rendimiento de las cruzas de prueba. Algunos autores mencionan que han empleado los efectos genéticos de ACE para realizar dicha clasificación, por lo que se considera que para obtener efectos de ACE es necesario tener el cruzamiento de las líneas con dos o más probadores.

En este trabajo se eligió efectuar la clasificación de las líneas por ambas vías para las veinte líneas que coincidieron con el cruzamiento con los dos probadores contrastantes.

Para la agrupación de líneas se consideraron los efectos de ACE, es decir aquellas líneas que tuvieron efectos de ACE con valor positivo de un probador se consideró que son líneas que pertenecen al grupo heterótico opuesto; así mismo, las líneas que tuvieron efectos de ACE con valores negativo se designan que pertenecen al mismo grupo heterótico. Lo expresado anteriormente se ejemplifica en la Figura 4.1

Se observa que en el cruzamiento de las 20 líneas con ambos probadores, siete líneas (22, 42, 43, 45, 47, 88, 89) se ubicaron en el grupo heterótico enano, designada este grupo debido a que estas líneas se cruzaron con el probador tropical y presentaron efectos de ACE con valor positivo, el resto de las líneas se ubicaron en el grupo heterótico tropical puesto que al cruzamiento con el probador enano mostró efectos de ACE con valores positivos.

Con lo mencionado anteriormente se determinó que los progenitores (probador enano y tropical) son realmente contrastantes lo que permitió clasificar las líneas en grupos heteróticos diferentes.

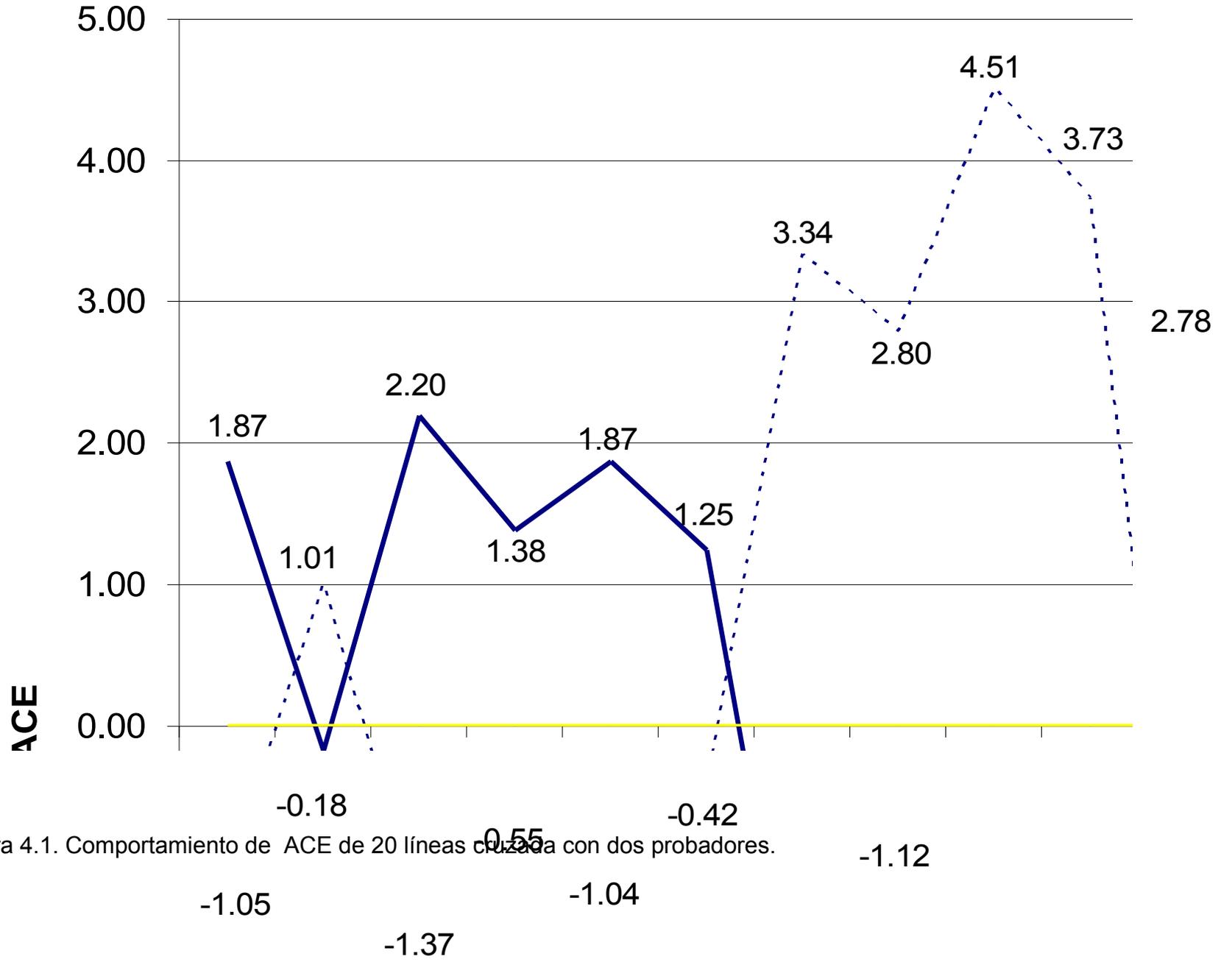


Figura 4.1. Comportamiento de ACE de 20 líneas cruzada con dos probadores.

Para la ubicación de las líneas en grupos heteróticos basados en el rendimiento se realizó de la siguiente manera: se consideró el rendimiento de una misma línea con los dos probadores donde la que rinda más pertenece al grupo heterótico opuesto al del probador y viceversa. Dicha clasificación se muestra en la Figura 4.2. donde se puede constatar que la coincidencia de la clasificación hecha en base a ACE es prácticamente la misma (100%) lo que da certeza en este tipo de clasificación en base a este criterio.

En base a los resultados se demuestra con esto que los probadores utilizados son realmente contrastantes, y que ambos criterios de clasificación son igual de confiables.

Considerando estos resultados, se marcó la pauta, para clasificar las líneas que estaban cruzadas con un probador que es el caso de las 100 líneas restantes tomando como referencia el promedio rendimiento de todas las cruzas con un probador donde las que exhibía un promedio superior a la media se ubicaban en el grupo heterótico opuesto al probador en cuestión.

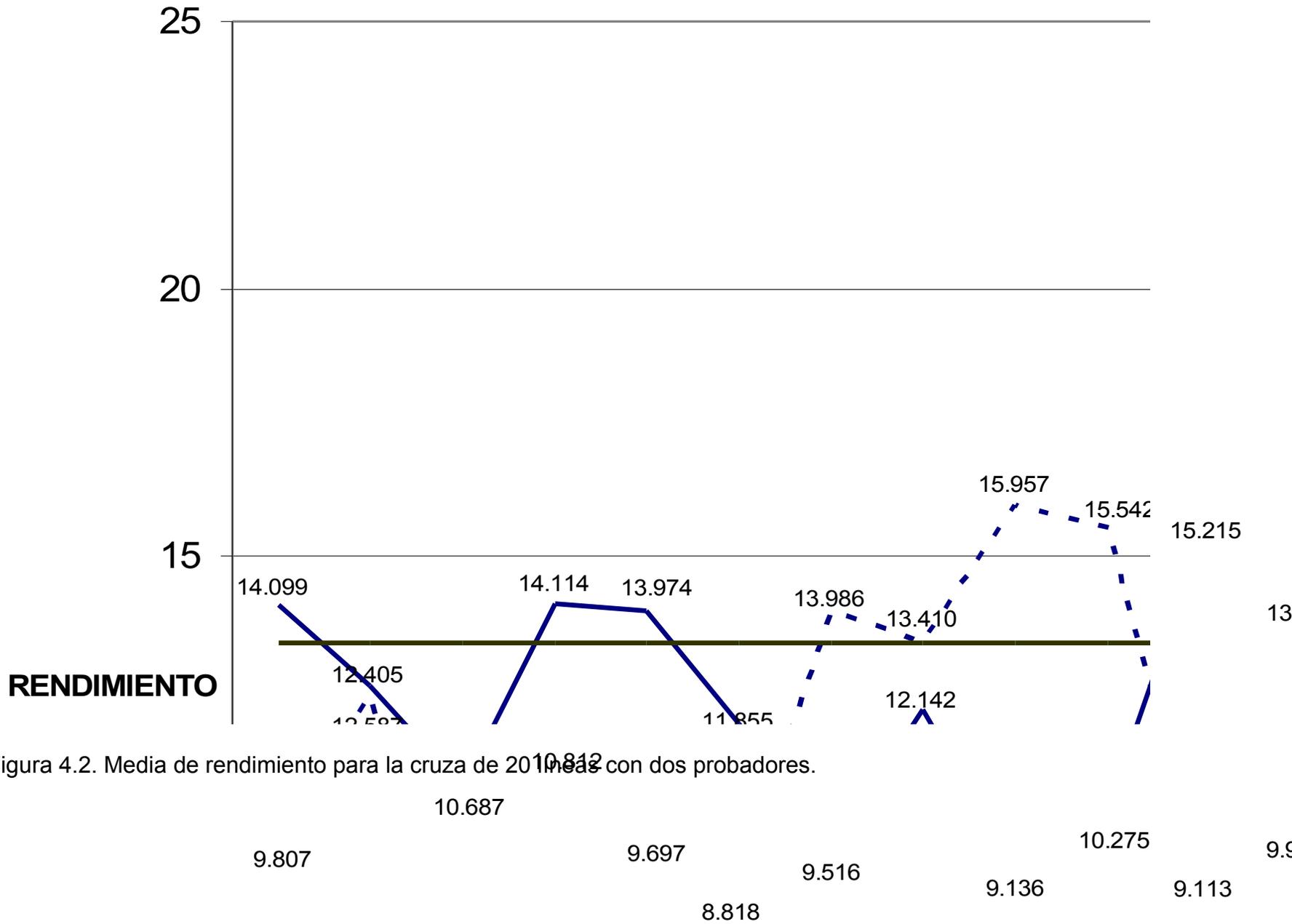


Figura 4.2. Media de rendimiento para la cruz de 2010-812 con dos probadores.

En el Cuadro 4.8, se aprecia que de las 92 líneas que se cruzaron con el probador enano, 41 líneas en el grupo enano y 51 líneas en el tropical.

También se presenta el rendimiento, de ocho líneas cruzadas con el probador tropical quedando clasificadas cuatro líneas en el grupo enano y cuatro en el tropical (Cuadro 4.9).

De manera resumida se tiene que en el grupo heterótico enano se clasificaron 52 líneas, mientras que 68 líneas conformaron al grupo heterótico tropical.

Cuadro 4.8. Valores de rendimiento de 92 líneas cruzadas con el probador enano, la media general y su ubicación en grupos específicos.

LÍNEA	MED. DE REND	REND. REAL	GPO. HETERÓT
1	13.373	16.169	Tropical
2	13.373	14.033	Tropical
3	13.373	12.811	Enano
4	13.373	17.053	Tropical
5	13.373	16.711	Tropical
6	13.373	15.613	Tropical
7	13.373	15.006	Tropical
8	13.373	13.817	Enano
9	13.373	10.344	Enano
10	13.373	15.296	Tropical
11	13.373	6.270	Enano
12	13.373	16.560	Tropical
13	13.373	14.901	Tropical
14	13.373	12.696	Enano
15	13.373	14.376	Tropical
16	13.373	12.372	Enano
17	13.373	12.707	Enano
18	13.373	12.844	Enano
19	13.373	12.569	Enano
21	13.373	15.000	Tropical
23	13.373	12.119	Enano
24	13.373	15.180	Tropical

Cuadro 4.9 Valores en el rendimiento de ocho líneas cruzadas con el probador tropical y la media general.

LÍNEA	MED. DE REND	RE
113	13.373	
114	13.373	
115	13.373	
116	13.373	

Elección del mejor probador para cada variable

Una de las finalidades de este trabajo fue identificar el probador ideal, para lo cual se consideró que el poder de discriminación de los probadores está directamente asociado a la magnitud de los valores de F estimados para cada probador en cruza con las líneas.

Se realizó un análisis de varianza (Cuadro 4.10) dentro de probadores a través de localidades considerando cinco características agronómicas.

Cuadro 4.10. Valores de F por probador del análisis de varianza combinado para cinco variables.

PROBADOR	ENANO
VARIABLE	VALOR DE F
FM	9.7
AD	0.1

El probador tropical fue el que obtuvo mayor valor de F para las variables altura de planta, relación mazorca - planta, prolificidad y rendimiento, por ese desempeño se consideró que este es el mejor discriminador de líneas para dichas características. Mientras, el probador enano, solo fue útil en discriminar para la variable floración masculina.

V. CONCLUSIONES

De la evaluación *per se* de las líneas originales con sus respectivas versiones recobradas se tuvo que de las ocho líneas originales la 255-18-19N-14-1-A-4-2-A resultó ser la mejor; también se pudo constatar la existencia 25 líneas recobradas superiores a las originales lo que confirmó la eficiencia del método de selección gamética complementado con retrocruzas para el mejoramiento de líneas.

En las cruzas de prueba, se detectó que existió diferencias significativas en líneas, probadores y la interacción línea por probador, las cruzas de prueba de mayor potencial fueron la 29, 26, 70, 105, 6, 2, 93, 24, 81, 112, 17, 25, 91 y la 12.

Basados en los efectos de ACE y promedios de rendimientos de las 120 líneas se logró ubicar 53 líneas en el grupo heterótico enano y 64 líneas se ubicaron al grupo heterótico tropical. Además se comprobó que los probadores empleados son realmente contrastantes al facilitar dicha ubicación.

El probador con mayor poder de discriminación para las variables altura de planta, relación mazorca planta, prolificidad y rendimiento fue el tropical.

VI. RESUMEN

Los objetivos del presente trabajo fueron: Comparar el comportamiento *per sé* de líneas originales con sus versiones recobradas, ubicar líneas en grupos heteróticos específicos, con atención a rendimiento y a la respuesta en ACE con dos probadores contrastantes; identificar el mejor probador para cada una de las variables evaluadas con base en los valores de pruebas de “F”; y estimar el potencial agronómico de híbridos triples experimentales. El material genético estuvo constituido por ocho líneas originales derivadas de la población ideotipo del Instituto Mexicano del Maíz de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Con el propósito de mejorar estas líneas, se cruzaron con una población donadora del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo, a partir de estos cruzamientos se inició un programa de selección gamética complementado con retrocruzas; las líneas recobradas se cruzaron con uno o dos probadores contrastantes, obteniendo 140 híbridos triples. Tanto las líneas *per se* así como las cruzas de prueba se evaluaron en tres ambientes en el ciclo primavera - verano de 2007. Los caracteres agronómicos evaluados fueron: Floración masculina y femenina, altura de planta y de mazorca, relación mazorca planta, mala cobertura, acame de raíz y tallo, plantas con *fusarium*, calificación planta y mazorca, prolificidad y rendimiento mismos que fueron empleados para la construcción de un índice de selección.

Con atención a los índices de selección los resultados detectaron 25 líneas recobradas estadísticamente superiores a las originales, lo que confirma la eficiencia del método propuesto; En cuanto a la clasificación de las líneas recobradas con base a la respuesta de ACE y rendimiento con los probadores, permitió ubicar 53 líneas en el grupo heterótico enano y 64 líneas se ubicaron al grupo heterótico tropical; las cruces de prueba seleccionadas con base al IS fueron 29, 26, 70, 105, 6, 2, 93, 24, 81, 112, 17, 25, 91 y la 12; el probador con mayor poder de discriminación para rendimiento, prolificidad, altura de planta, relación mazorca planta fue el tropical.

VII. LITERATURA CITADA

- Aguado, T. A., G. Palacios R, A. Muñoz O. 1965.** Mejoramiento convergente utilizado en la orientación de líneas superiores para los híbridos de la mesa central. *Agric. Téc. Méx.* 6:253-255
- Allard, R. W. 1980.** Principio de la Mejora Genética de las Plantas. EO- SA. España.498 p.
- Arreola, J., G. Burciaga., J. Gutiérrez., C. Vega., E. Navarro. 1996.** Mejoramiento de la línea MLS4-1 de maíz (*Zea mays* L.) a través del método de retrocruza. *Agronomía Mesoamericana* 7(1):62-66.
- Baker, R. J. 1996.** Selection indices in Plant Breeding. CRC Press Inc. Boca Raton, Florida, USA. 218 p.
- Bauman, L. F. 1977.** Improvement of established maize inbreds. *Maydica* XXII:213-222
- Bauman, L. F. 1981.** Review of methods used by breeders to develop superior corn inbreds. *In proc 36 th Ann. Corn and sorghum Ind. Res. Conf.*, 199-208. Chicago. IL. USA ASTA
- Barreto, H. J., J. A. Bolaños y H. S. Córdova. 1991.** Índice de Selección: guía para la operación del software. Manual de Capacitación Regional. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Apdo. Postal, Guatemala.
- Becker, W. A. 1985.** Manual of Quantitative Genetics 4th Edition. Academic Interprise. Pullman, Washington. 170 pp.
- Betran, F. J., J. M. Ribaut, D. Beck D. González and H. De León C. 2003.** Genetic diversity, specific combining ability and heterosis in tropical maize under stress and non-stress environments. *Crop Science.* 43:797-806.
- Bernardo, R. 2001.** Breeding potential of intra- and interheterotic group crosses in maize. *Crop Science.* 41:68-71.

- Berlanga, P. S. 1990.** Selección de líneas recobradas a partir de AN 7, líneas recobradas por el método de selección gamética. Tesis de licenciatura Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
- Brauer, H. O. 1980.** Fitogenética Aplicada. Editorial Limusa, México.
- Cedillo, G., V. 1985.** Comportamiento de 26 líneas de maíz derivadas de V-524 en un estudio de aptitud combinatoria con tres tipos de probadores. Tesis de licenciatura. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Saltillo, Coahuila, México.
- Celis, A. H., J. D Molina G. y A. Martínez G. 1986.** Estimación de parámetros genéticos e índice de selección de la variedad de maíz (*Zea mays L.*) Zac 58. Agrociencia. Vol. 63:134-136.
- Cunningham, E. P. 1973.** Multisage index selection. Heredity 31(3): 430. U. K.
- De León C., H., D. Sámano G., S. Hernández S., A. De la Rosa, A., A. Oyervides G., F. Rincón S. 2003.** Mejoramiento de un patrón heterótico de maíz mediante selección recíproca recurrente. (en línea) disponible en:
http://www.uaaan.mx/DirInv/Avances_2002/Maíz/Selección.pdf
- De León, C. H. 2005.** Estudio y clasificación de grupos germoplásmicos para la constitución de patrones heteróticos en maíz. Tesis de Doctorado en Ciencias, Fitomejoramiento. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Buenavista, Saltillo, Coahuila. 92p
- De la Rosa L. A., H. De León C., F. Rincón S., G. Martínez Z. 2006.** Efectos genéticos, heterosis y diversidad genética entre híbridos comerciales de maíz adaptados al bajo mexicano. Rev. Fitotec. Mex. pp. 247-254.
- Durón, I., J. R. y P. López., 1991.** Comparación entre probadores para la evaluación de líneas S2 de maíz (*Zea mays L.*) Revista Agraria Vol. 7(2).200-212. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
- Dudley, J. W. 1984.** A method of identifying lines for use in improving parents of a single cross. Crop Science. 24:355-357.
- Eyherabide, C. H., R. Hallauer, A. 1991.** Reciprocal full sib recurrent selection in maize: II Contribution of additive, dominance and genetic drift effects. Crop Science 31: 1442-1448.

- Fan, X. M., Tan, H. M Chen and Y. J. Yang. 2003.** Heterotic grouping for tropical and temperature maize inbreds by analyzing combining ability and SSR markers. *Maydica* 48:251-257.
- Falconer, D. S. 1980.** Introducción a la Genética Cuantitativa. 13 impresión. Compañía Editorial continental, S. A. México. P. 383
- Gandarillas, H, 1979.** Genética y origen. *In: Quinoa y Kañihua, Cultivos Andinos.* M.E. Tapia *et al.* (Eds.). IICA, Bogotá, Colombia. 45-64 p.
- Gonzáles, S., Córdova, H. S., Rodríguez., De León, H. y Serrato, V. M. 1997.** Determinación de un patrón heterótico a partir de la evaluación de un dialelo de 10 líneas de maíz subtropical. *Agronomía Mesoamericana* 8(1) 1-7
- Hallauer, A. R. and B. J. Miranda. 1988.** Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press/Ames. Pp 159-294.
- Hallauer, A. R, W. A Russel, K. R. Lamkey 1988.** Corn breeding. *In: corn and Corn improvement.* G. F Sprague, J W Dudley (eds). Madison Wisconsin, USA. pp: 453-564.
- Hallauer, A. R. 1990.** Methods used in developing maize inbreds *Maydica* 35: 1-16
- Hallauer, A. R. 2000.** Quantitative Genetics and Breeding Methods. *In A. Gallais* (ed) *Biometrics in plant breeding.* Pp 127 – 138. Eurcarpia, Paris.
- Harris, D. L. 1963.** Expected and predicted progress from index selection involving estimates of population parameters. *Biometrics* 20(1): 46-72. U. S. A.
- Hazel, L. N. 1943.** The genetic Basic for constructing selection indexes. *Genetic* 28 (3): 476-490. U. S. A.
- Henning, J. A. and L. R. Teuber. 1996.** Modified convergent improvement: A breeding method for multiple trait selection. Review and interpretation. *Crop Sci.* 36: 1-8.
- Instituto Nacional de Estadística Geográfica e Informática (INEGI). 2003.** Anuario Estadístico del Estado de Hidalgo. México, D. F. p 5
- Kempthorne, D. S. 1957.** An Introduction to genetic Statistics. John Wiley and Sons Inc. New York. 545 p.

- Latournerie, L., M. 1990.** Comportamiento de 35 líneas de maíz del trópico seco con tres probadores. Tesis de licenciatura. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Saltillo, Coahuila, México.
- Lee, M. 1994.** Imbred lines of maize and their molecular markers. *In:* M. Freeling & V. Walbot, eds. *The Maize Handbook*, p. 423-432. New York, NY, USA, Springer- Verlag.
- Lescano, J. L. 1994.** Genética y mejoramiento de cultivos andinos. Programa Interinstitucional de waru, Puno, Perú. 459 p.
- Malacarne M. F., M. Félix., G. Vicente S. 2003.** Patrones heteróticos de líneas tropicales blancas de maíz. *Agronomía Tropical* 53(4):437- 456.
- Matzinger, D. F. 1953.** Comparison of three types of tester for the evaluation on inbred lines of corn. *Agron. J.* 45:493-495.
- Márquez, S. F., L. Sahagún, J. A. Carrera, E. Barrera. 2000.** Retrocruza limitada para el mejoramiento de maíces criollos. Universidad Autónoma de Chapingo, México p. 51
- Mclean, S. D., S. K. S. Pandey and G. Srinivasan. 1997.** The use tester to exploit heterosis in tropical maize at Cimmyt *In:* Book of Abstracts. The genetics and exploitation of heterosis in crop. An international Symposium. México, D. F. pp26-27.
- Menkir, A., B. Badu - Apraku, C. A. Adepoju. 2003.** Evaluation of heterotic patterns of IITAS lowland white maizes inbred lines. *Maydica* 48:161-170.
- Melchinger, A. E., R. K. Gumber 1998.** Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. *In:* Lamkey K R, J E Staub (eds). *Concepts and breeding of heterosis in crop plants*. 1998. Madison, Wisconsin. Pp 29-44.
- Miller, R. L. 1983.** Index, individual trait, and tandem selection to improve a maize synthetic for yield, corn borer, and disease traits. *Dissertation Abstracts International*, B. 43(9): 2766B. U. S. A.
- Mickelson, R. H., H. Córdova, K. Pixley and M. Jarnason. 2001.** Heterotic relationships among nine temperate and subtropical maize populations. *Crop Science*. 41:1012-1020.
- Michelini, A. L., A. R. Hallauer. 1993.** Evaluation of exotic and adapted maize (*Zea Mays L.*). Germoplasm crosses. *Maydica* 38:275:282.
- Navarro, E., G. Burciaga., S. González., M. C. Vega., R. Morones., E. Sandoval. 1997.** Híbridos dobles de maíz formados con líneas

mejoradas por selección gamética y retrocruza. *Agronomía Mesoamericana* 8(2): 67-71.

- Nestares, G., Frutos E., Eyhérbide G. 1998.** Evaluación de Líneas de Maíz Flint Colorado por Aptitud Combinatoria. *Pesq. Agropec. Bras. Brasilia* v. 34, n8, p. 1399 -1406.
- Oyanedel, E. 2000.** Quantitative trait loci analysis of chilling tolerance in tomato. 140 p. Ph. D. diss. Cornell University, Ithaca, N.Y. USA.
- Pérez, T. R., A. Carballo Q., A. Castillo., J. Covarrubias P. 1991.** Identificación de patrones heteróticos en un grupo de variedades precoces de maíz. *Agrociencia serie Fitociencia*. 2(2): 69-79.
- Pinales, R. B., A. Espinoza B., A. Palomo G., O. Antuna G. 2006.** Selección de líneas S1 con base a probadores diferentes. *Rev. Fitotec. Mex.* vol.31 Chapingo, México. Pp 79-83.
- Pinto, R. de M. C., C. L. de Souza Jr., L. A. Carlini - García, A. A. F. García and A. Pereira de Souza. 2003.** Comparison between molecular markers and diallel crosses in the assignment of maize lines to heterotic groups. *Maydica* 48:63-73.
- Preciado, O. R. E., A. D. Terrón I., N. O. Gómez M., E. I. Robledo G. 2005.** Componentes genéticos en poblaciones heteróticamente contrastante de maíz de origen tropical y subtropical. *Agronomía Mesoamericana*. 16(2):145-151.
- Pollak, L. M., Torres-Cardona S., Sotomayor-Ríos A. 1991.** Evaluation of heterotic pattern hong Caribbean and tropical x Temperate Maize Populations. *Crop Science*. 31, 1480-1483
- Rawling, J. O, and D. L. Thompson. 1962.** Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop Science*. 2:217-220.
- Rivas, M. J. J., Vega S., J. G. Rodríguez y E. Navarro G. 2000.** Comportamiento de líneas recobradas en la formación de híbridos triples. *In: Memoria del XVIII Congreso Nacional de Fitogenética: notas científicas.* SOMEFI. Zavala G. F., Ortega P., J. A. Mejía C., I. Benítez R. y H. Guillen A. (eds). Chapingo, México. Pp. 281.
- Romero, C., M. G. 1996.** Evaluación de líneas tropicales de maíz en forma *per se* y en cruza con dos probadores para determinar su aptitud combinatoria. Tesis profesional. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Saltillo, Coahuila, México.

- Sánchez, M. R., J. D. Molina G. E., Casas 1973.** Efectos de dosis de germoplasma exótico y de germoplasma tropical sobre el rendimiento de cruza tropicales x mesa central en maíz (*Zea mays* L.). *Agrociencia* 11:151-179.
- Sharma, R. C. and Duveiller. 2003.** Selection index for improving *helminthosporium* leaf blight resistance, maturity and kernel weigh in spring wheat *Crop Science*. 43:2031-2036.
- Singh, R. K., and D. Chaudary B. 1985.** Line for tester analysis third ed. *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. Pp 205-2014.
- Soengas, P. B., Ordás, R. A., Malvar, P. Revilla and A. Ordás 2003.** Performance of flit maize in crosses with testers from different heterotic groups. *Maydica* 48:85-91.
- Shull, F. H. 1945.** Recurrent selection for specific combining ability in corn. *J Am Soc. Agron.* 37:134-145.
- Smith, H. F. 1936.** A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugen.* 7(2):240-250. U. K.
- Stadler, L. J. 1944.** Gamete selection in corn breeding. *J. Am. Soc. Agron.*, 36:088-989.
- Terrón, A., E. Preciado., H. Córdova., H. Milckelson y R. López. 1997.** Determinación de patrones heteróticos de 30 líneas de maíz derivadas de la población 43 SR. *Agronomía Mesoamericana* 8(1): 01-07
- Vasal, S., K. Han G., N. Vergara., P. Ahuja V., A. Espinoza M. 1990.** XXXVI. Reunión Anual del PCCMCA, San Salvador, El Salvador; 26-30 de marzo, 1990. Vol. I p. 161-174.
- Vasal, S. K., G. Srinivasan, F. González C., G. C. Han, S.S. Pandey, D. L. Beck, and J. Crossa. 1992.** Heterosis and combining ability of CIMMYT's tropical x subtropical maize germoplasm. *Crop Science*. 32: 1483-1489.
- Vasal, S. K., N. Vergara., S. Mc leans. 1994.** Estrategia en el desarrollo de híbridos tropicales de maíz. *Agronomía Mesoamericana* 5: 184-189.
- Vasal, S. K., H. Córdova 1996.** Heterosis en Maíz: acelerando la tecnología de híbridos de dos progenitores para el mundo en desarrollo. Curso Internacional de Actualización en Fitomejoramiento y Agricultura Sustentable. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coahuila pp: 32-54.

- Vasal, S., K. San Vicente, F., Mc Lean. S., Ramanujan, K., Barandarian, M., Ramírez, A., y G. Ávila. 1997.** Avance en el desarrollo de líneas como probadores en germoplasma tropical de maíz. *In: Síntesis de resultados experimentales 1993-1995 del programa regional de maíz para Centroamérica el Caribe (PRM).* P 50-55.
- Vasal K. S., H. Córdova, S. Pandey and G. Srinivasan. 1999.** Tropical maize and heterosis. *In: Genetics and exploitation of heterosis In crops.* American Society of Agronomy, Inc. and Crop Science Society of America, Inc. pp: 363.373
- Vergara, N. A., S. R. Herrera R., H. Córdova O. 2003.** Potencial de líneas para mejorar híbridos. *Rev. Fitotec. Mex. Vol. 26, número 004.* Chapingo, México. Pp número 291-299.
- Ventovsky, R., P. Barriga. 1992.** Genética biométrica no fitomejoramiento. *Ribeirao Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 486p.*
- Xingming, F., Ping, T. Bihua, H. and Feng, L. 2001.** Analysis combining ability and heterotic groups of yellow grain quality protein maize inbreds. *Seventh Eastern and Southern Africa Regional Maize Conference.* pp 143-148.
- Xu, S. 2003.** Advanced statistical methods for estimating genetic variantes in plants. *Plant Breed. Rev. 22:113-163.*
- Yan, W., L. A. Hunt, Q. Sheng, and Z Szlavnic. 2000.** Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplots. *Crop Sci 40: 597-605.*

VIII. APÉNDICE

Cuadro A1. Metas e intensidades utilizadas para el cálculo de índice de selección en cada variable de líneas originales y recobradas.

	Loc 1			L
	R1	R2	R1	
FM	-1.5	-1.2		
SF	1.2	-1		
AP	-1	-1.2	-1.4	
RMP	-0.9	-1	-1.5	
--	--	--	--	

Cuadro A2. Metas e intensidades para cruza de prueba (Líneas recobradas por probador enano), en tres ambientes de evaluación.

	Loc 1			L
	R1	R2	R1	
FM	-1.4	-1.3		
SF	0.4	0.3		
AP	-1	-0.8	-0.9	
RMP	-1	-1	-0.9	
--	--	--	--	

Cuadro A3. Metas e intensidades utilizadas para híbridos experimentales. (Líneas recobradas por probador tropical). En tres ambientes de evaluación.

	Loc 1			L
	R1	R2	R1	
FM	-1	-1		
SF	-0.1	-0.1		
AP	-1.3	-0.9	-0.8	
RMP	-0.2	-1	-1	

Cuadro A4. Contrastes ortogonales de las líneas originales con sus respectivas versiones recobradas

Línea 1

Contrastes	
A vs A1	
A vs A2	
A vs A3	
A vs A4	
A vs A6	3.13
A vs A7	28.13 *
A vs A8	8.00
A vs A9	28.13 *
A vs A10	28.13 *

Línea 2

Contrastes	
B vs B1	
B vs B2	
B vs B3	
B vs B4	
B vs B5	6.13
B vs B6	0.50
Contrastes	0.50
B vs B7	2.00
B vs B8	36.13 **
C vs C3	
C vs C4	
C vs C5	
C vs C6	
C vs C7	
C vs C8	
C vs C9	
C vs C10	
C vs C11	
C vs C12	32.00 *
C vs C13	12.50
C vs C14	171.13 **
C vs C15	18.00
C vs C16	32.00 *

Línea 4

Contrastes	
D vs D1	
D vs D2	
D vs D3	
D vs D4	1.13
D vs D5	0.50
D vs D6	8.00
Contrastes	
D vs D7	12.50
E vs E2	
E vs E3	
- - -	
E vs E5	0.50
E vs E6	0.13
E vs E7	0.50
E vs E8	18.00

Línea 5

Línea 6

Contrastes

F vs F1

F vs F2

F vs F3

F vs F4

F vs F5

F vs F6

F vs F7

F vs F8

F vs F10

84.50 **

F vs F11

0.13

F vs F12

0.13

F vs F13

2.00

F vs F14

2.00

F vs F15

10.13

F vs F16

105.13 **

F vs F17

55.13 *

F vs F18

40.50 *

Línea 7

Contrastes

G vs G1		
G vs G2		
G vs G3		
G vs G4		
G vs G5		
G vs G6		
G vs G7		
G vs G8		
G vs G9		
G vs G10		
G vs G11		
G vs G12		
G vs G13		
G vs G14		
G vs G15	50.00	*
G vs G16	220.50	**
G vs G17	84.50	*
G vs G18	200.00	**
G vs G19	45.13	*
G vs G20	40.50	
G vs G21	112.50	**
G vs G22	231.13	**
G vs G23	496.13	**

Línea 8

Contrastes

H vs H1

H vs H2

H vs H3

H vs H4

H vs H5

H vs H7

480.50 **

H vs H8

45.13 **

H vs H9

120.13 **

H vs H10

72.00 **

H vs H11

45.13 **

H vs H12

60.50 **

Cuadro 5A. Estimación de ACE de líneas con dos probadores.

LÍNEA	PROBAD
20	Enanc
20	Tropica
22	Enanc
22	Tropica
25	Enanc
25	Tropica
30	Enanc
30	Tropica
31	Enanc
31	Tropica
32	Enanc
32	Tropica
42	Enanc
42	Tropica
43	Enanc
43	Tropica
45	Enanc
45	Tropica
47	Enanc

*Para hacer producir es necesario salir de las
oficinas, internarse en el campo, ensuciarse las
manos y sudar... Es el único lenguaje que
entienden el suelo y las plantas.*

Norman Ernest Bourlaug