

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Diseño Línea por Probador para la Selección de Materiales Superiores  
Auxiliado con Índices de Selección y Modelos Multivariados

Por:

**VÍCTOR ALONSO BAÑUELOS PÉREZ**

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Saltillo, Coahuila, México

Agosto 2014

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Diseño Línea por Probador para la Selección de Materiales Superiores  
Auxiliado con Índices de Selección y Modelos Multivariados

Por:

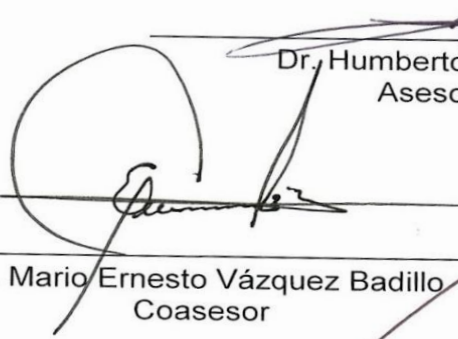
**VÍCTOR ALONSO BAÑUELOS PÉREZ**

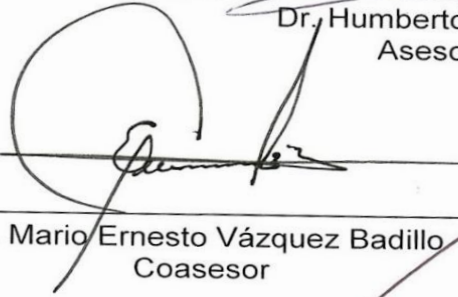
TESIS


Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Aprobada

  
Dr. Humberto De León Castillo  
Asesor Principal

  
Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo  
Coasesor

  
Ing. Raúl Gándara Huitrón  
Coasesor

  
Dr. Leobardo Bañuelos Herrera  
Coordinador de la División de Agronomía  
División de Agronomía  
Saltillo, Coahuila, México  
Agosto 2014



*La agricultura, para un hombre honorable y de alto espíritu, es la mejor de todas las ocupaciones y artes por medio de las cuales un hombre puede procurarse el sustento.*

*Jenofonte*

## **AGRADECIMIENTOS**

*A Dios, por haberme permitido culminar una etapa de mucha importancia para mi vida ya que en el transcurso de ella me brindo las herramientas necesarias para salir adelante como fueron salud, paciencia, inteligencia y sabiduría.*

*A mi alma mater, por haberme brindado un lugar dentro de ella y proveerme de de los conocimientos necesarios para mi desarrollo profesional.*

*Al Doctor Humberto de León Castillo por la amistad, confianza, paciencia, consejos y disposición de enseñarme, corregirme sin mencionar las llamadas de atención que me sirvieron de mucho gracias por todo el apoyo para la realización de este trabajo de tesis, usted es un ejemplo.*

*Al Doctor Mario Ernesto Vázquez Badillo por estar en la mejor disposición en todo momento, gracias por su colaboración y disposición como jurado examinador en este trabajo de tesis.*

*Al Ingeniero Raúl Gándara Huitrón por la amistad y apoyo que me brindo durante mi estadía dentro de la universidad y por la participación en este trabajo.*

*A la M. C. Reyna Rojas García por la confianza y apoyo que me brindo desinteresadamente gracias por toda la disposición y tiempo que te tomaste para la supervisión y corrección al momento de la realización de mi trabajo.*

*A María de los Ángeles Torres López por el amor, amistad y apoyo que me diste y seguirás dando, así como todo aquello que aprendí a tu lado, hiciste que el tiempo se hiciera más ameno a tu lado, nunca cambies ese buen humor que te caracteriza gracias por todos los momentos bueno y malos que me dejaste compartir a tu lado aunque no fueron los últimos vendrán más por delante.*

*A mis mejores amigos que me apoyaron incondicionalmente desde que inicie esta etapa de mi vida, Cinthya Estephania Barron Muñoz, Juan Eduardo Rodríguez carrillo, Jorge Eduardo Rico Serriteño, Edgar Acosta López, Mario Alberto Rodríguez carrillo, Sergio González Cabrera, Jared Rafael Guerrero Villagrana, Jesús Campos, Juan Jorge Loeza Sierra, muchas gracias a todos ustedes por todos los años de amistad y apoyo que me han brindado.*

*A mis compañeros y mejores amigos que jamás pude tener dentro de la universidad Gerardo Regalado Guevara, Irma Leticia Ruíz Galindo, Teodoro Jacobo Hernández, Leonardo Daniel Vázquez, Guadalupe Alejandro Quezada Solís, Dulce Corazón de María Rojas Morales, Emir Roblero Barrios, Ricardo Alcázar, Rafael González Novoa, Guillermo Esparza Reyna, Ramón Gutiérrez Pimentel, Jorge Garza Carrales, Eduardo Alonso, Leonardo León Medina, gracias amigos me llevo muy buenos y gratos momentos de todos ustedes los extrañare.*

*A todos mis compañeros de la generación CXVII de la carrera Ing. Agrónomo en Producción por el apoyo de distintas maneras que me ofrecieron.*

## **DEDICATORIAS**

*A mis señores padres Crisanto Bañuelos Talavera y Ma. Consuelo Pérez Zamarripa con todo el cariño y respeto que se merecen.*

*A mi padre por el cariño y apoyo que me diste y por todos aquellos esfuerzos que has hecho por nosotros gracias por ser un buen ejemplo paterno y por enseñarnos que puede haber malos momentos pero que nunca debemos de rendirnos y seguir adelante haciendo lo que más nos apasione, gracias Pá.*

*A mi madre por el amor, cariño y comprensión que me brindaste, todos los esfuerzo que como madre hiciste por mí y mis hermanos no podríamos nunca pagártelos, hiciste de nosotros buenas personas, así como sin mencionar todas esas ocasiones que me llamaste la atención para corregir mis errores que me sirvieron de mucho gracias Má.*

*A mis hermanos Crisanto Francisco Bañuelos Pérez, Héctor Manuel Bañuelos Pérez, Josué Orlando Bañuelos Pérez por que mas que mis hermanos fueron amigos que siempre estuvieron ahí conmigo acompañándome muchas gracias por ser los mejores hermanos y por dejarme aprender de cada uno de ustedes.*

*Y nuevamente a ti María de los Ángeles Torres López por estar ahí para apoyarme en todo momento.*

*A toda mi familia que si su apoyo no hubiese estado aquí en especial a mis abuelos María del Carmen talavera Miramontes, Bartolo Pérez y a mis tíos Claudia Leticia Pérez Zamarripa, Carlos Pérez Zamarripa, Luis armando Bañuelos Talavera gracias por todo y por creer en mí.*

## ÍNDICE DE CONTENIDO



<b>ÍNDICE DE CUADROS</b> .....	<b>ix</b>
<b>ÍNDICE DE FIGURAS</b> .....	<b>x</b>
<b>I. INTRODUCCION</b> .....	<b>1</b>
Objetivos .....	3
Hipótesis.....	4
<b>II. REVISIÓN DE LITERATURA</b> .....	<b>5</b>
Híbridos .....	5
Efectos de aptitud combinatoria general y específica.....	6
Diseño línea por probador .....	8
Estabilidad .....	9
Interacción genotipo-ambiente.....	10
Modelos multivariados .....	12
<b>Índices de selección</b> .....	14
<b>III. MATERIALES Y METODOS</b> .....	<b>17</b>
Material genético .....	17
Formación de cruzas de prueba .....	18
Descripción de localidades.....	18
Descripción de la parcela experimental.....	19
Labores culturales.....	19
Variables agronómicas evaluadas.....	20
Manejo Estadístico de los Datos Agronómicos.....	22
Análisis de varianza combinado .....	22
Análisis de varianza línea por probador .....	23

Índice de selección (IS) .....	24
Índice de selección básico modificado .....	26
Análisis de regresión en los sitios SREG.....	27
Criterios de selección.....	29
<b>IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....</b>	<b>30</b>
Análisis de varianza combinado .....	30
Porcentaje de contribución de las fuentes de variación para cada una de las variables .....	33
Clasificación de probadores en grupos mediante el modelo de interacción multiplicativo y efectos principales aditivos (AMMI).....	36
Selección de líneas considerando su aptitud combinatoria general (ACG) .....	38
Selección de probadores considerando su aptitud combinatoria general (ACG) .....	41
Clasificación de 112 híbridos evaluados en tres localidades mediante el modelo de interacción multiplicativo y efectos principales aditivos (AMMI).....	44
Selección de líneas asistida por un IS básico modificado.....	47
Análisis de varianza de 112 híbridos simples utilizando índices de selección	49
Selección de híbridos con base en los valores de IS.....	51
Selección de híbridos para rendimiento por medio del modelo SREG .....	54
<b>V. CONCLUSIONES.....</b>	<b>57</b>
<b>VI. RESUMEN.....</b>	<b>58</b>
<b>VII. LITERATURA CITADA .....</b>	<b>60</b>
<b>VIII. APENDICE .....</b>	<b>67</b>



## ÍNDICE DE CUADROS



<b>Cuadro 3.1</b> Genealogía de líneas. ....	17
<b>Cuadro 3.2</b> Genealogía de probadores.....	18
<b>Cuadro 3.3</b> Descripción de localidades de evaluación.....	18
<b>Cuadro 3.4</b> Fechas de siembra de las localidades.....	19
<b>Cuadro 4.1</b> Cuadrados medios del análisis de varianza de 112 híbridos formados a partir de 28 con 4 probadores en tres localidades y dos repeticiones, evaluadas en el estado de Sinaloa durante el ciclo 2009-2010.31	
<b>Cuadro 4.2</b> porcentaje de contribución de 6 variables a la varianza total utilizando suma de cuadrados. ....	33
<b>Cuadro 4.3</b> aptitud combinatoria general de líneas con base a rendimiento dentro de los grupos formados y el total de probadores.....	39
<b>Cuadro 4.4</b> aptitud combinatoria general de probadores para cada una de las variables utilizadas. ....	42
<b>Cuadro 4.5</b> Líneas seleccionadas en base a valores IS obtenidos con datos de ACG para las variables roya, acame de raíz y rendimiento.....	48
<b>Cuadro 4.6</b> análisis de varianza de 112 híbridos experimentales utilizando como variable de respuesta índices de selección (IS).....	50
<b>Cuadro 4.7</b> híbridos estadísticamente superiores de acuerdo a la metodología de Índices de Selección (IS) acompañado de sus valores fenotípicos y la media del IS.....	52

## ÍNDICE DE FIGURAS



<b>Figura 4.1</b> Biplot AMMI agrupación de grupos heteróticos de probadores.....	37
<b>Figura 4.2</b> Biplot AMMI de 112 híbridos experimentales en tres localidades...	45
<b>Figura 4.2A</b> Proyección de la figura 4.2, híbridos estables a través de tres localidades.....	46
<b>Figura 4.3</b> Grafico GGE Biplot patrón de respuesta de 112 híbridos experimentales a través de tres localidades de evaluación.....	55
<b>Figura 4.4</b> Proyección de la figura 4.3 donde se pueden apreciar los híbridos más cercanos al probador virtual y más estables.....	56

## I. INTRODUCCION

Hoy en día el maíz es uno de los cereales básicos más importantes tanto a nivel mundial como a nivel nacional ya que representa una fuente fundamental de nutrición en humanos y animales, debido a la gran cantidad de productos derivados que de él se generan; desde la rama alimenticia hasta la industrial aprovechando desde los granos, hojas y tallos, para la fabricación de productos.

México tiene el cuarto lugar como productor de maíz en el mundo y ocupa con su siembra más de la mitad del territorio nacional cultivado, la producción de este cereal en 2012 fue de 22.06 millones de toneladas de grano, en lo que destaca el Estado de Sinaloa con una producción de 3.64 millones de toneladas, al tener un porcentaje de 16.5 por ciento de la producción neta del país (SIAP 2012).

Aun con las cifras que se citan, ocupa el primer lugar como importador de maíz en el mundo, lo cual ha aumentado la dependencia al grano producido por otros países como es el caso de Estados Unidos, al pasar de 396 mil toneladas importadas en 1992 a 9.8 millones de toneladas en 2011-2012 (CNPAMM 2012).

Debido a la gran demanda e importancia de este cultivo, se han establecido programas de mejoramiento que continuamente trabajan en encontrar materiales que tengan buenas características agronómicas como son resistencias a plagas y enfermedades, adaptación y a su vez que vaya acompañado de un buen rendimiento, todo esto se ha incrementado con el uso de semilla mejorada como híbridos y variedades que explotan la máxima heterosis de los materiales.

Para el desarrollo de esta tecnología es necesario que los progenitores tengan atributos favorables con el fin de obtener híbridos de alto rendimiento, un procedimiento para lograr este objetivo es seleccionar líneas con base a sus características agronómicas *per-se* y estimando parámetros genéticos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE), tales atributos genéticos y agronómicos pueden ser estimados mediante un análisis línea por probador.

Mediante este análisis se permite la clasificación de líneas y probadores, así como la identificación de híbridos superiores, ya que al obtener valores genotípicos es más eficiente dirigir los cruzamientos.

Por otro lado, seleccionar solo considerando valores genéticos no es suficiente además de esto se tiene que evaluar el comportamiento considerando estabilidad, para esto se utilizan herramientas que ayuden en la exploración genotipo ambiente, con ello es posible elegir híbridos con buen comportamiento agronómico y altos grados de estabilidad, una de las formas de medir la estabilidad es por medio del modelo de interacción multiplicativo y efectos principales aditivos (AMMI) y el modelo de regresión en los sitios (SREG).

Desde su creación a la fecha el Instituto Mexicano del Maíz (IMM) realiza investigaciones que tienen como objetivo central capacitar a los estudiantes para enfrentar con éxito la vida profesional y que sean capaces de crear materiales de calidad para el agro mexicano.

El presente trabajo de investigación fue realizado en el estado de Sinaloa con materiales de IMM adaptados a la región de Bajío con el fin de analizar el comportamiento del material experimental al bajar la altura sobre el nivel de mar e identificar materiales sobresalientes que presenten un buen comportamiento para la región de Sinaloa.

## **Objetivos**

1. Detectar la variación existente entre los híbridos experimentales formados y entre sus progenitores.
2. Mediante el uso de un índice de selección básico modificado identificar líneas con alto potencial, en cuanto a su valor de aptitud combinatoria general (ACG), de las diferentes variables involucradas.
3. Estimar cual de los probadores tiene mayor poder de discriminación de líneas con base en los efectos desfavorables exhibidos para ACG, así como determinar cuál es el mejor probador para ser empleado como progenitor de nuevos híbridos con base a efectos favorables de ACG.
4. Identificar híbridos superiores empleando un índice de selección y modelos multivariados.

## **Hipótesis**

1. Existen diferencias estadísticas entre los híbridos a evaluar, de tal manera que al menos uno de ellos será superior a los demás. Así como en los ambientes donde al menos uno tendrá mayor poder discriminativo.
2. Al menos alguno de los probadores presentara buena discriminación, también dentro de estos al menos uno presentara buenos efectos de ACG y podrá ser utilizado como progenitor de nuevos híbridos.
3. De las líneas utilizadas al menos una de ellas presentara buenos efectos de ACG para poder ser utilizada como progenitora en un programa de hibridación.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### Híbridos

Un programa de mejoramiento tiene como objetivo formar materiales con buenos atributos y mínimos riesgos de producción. Los enfoques y las metodologías de investigación utilizados en los programas de mejoramiento se han adecuado a través del tiempo y han permitido obtener ganancias en rendimiento e incorporar características agronómicas y arquitectónicas en híbridos, variedades, sintéticos y líneas progenitoras (Sierra *et al.*, 2005).

Un propósito importante del mejoramiento genético de maíz por hibridación es generar cruza que superen en rendimiento de grano a las variedades locales, criollas y mejoradas. En la producción comercial de maíz se usan tres tipos de híbridos: cruza simple, cruza trilineal y cruza doble. El rendimiento potencial de los tres tipos de híbridos es: cruza simple > cruza trilineal > cruza doble (Hallauer y Miranda, 1981; Fehr, 1991).

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 y características agronómicas deseables; tolerancia a endogamia, buena habilidad 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).

Los híbridos triples representan una alternativa interesante, ya que se aprovechan las ventajas que ofrece la heterosis en la producción comercial de

maíz, al cruzar líneas de relativa divergencia genética con cruzas simples de alto rendimiento (Rodríguez *et al.*, 1997).

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

Tadele *et al.* (2013) indican que los híbridos de maíz recién desarrollados necesitan ser probadas en múltiples ubicaciones para determinar el rendimiento del híbrido antes de su lanzamiento comercial. La selección no siempre puede ser adecuada para los nuevos híbridos de maíz, esta debe ser basada en la resistencia a plagas, enfermedades y el rendimiento, algunos de los factores limitantes para la comercialización de nuevos híbridos de maíz.

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

### **Efectos de aptitud combinatoria general y específica**

Los híbridos altamente rendidores obtienen su rendimiento no solamente de la heterosis, sino también de factores hereditarios como la interacción múltiple de genes de tipo aditivo, por esto se debe conocer la habilidad combinatoria



específica y la importancia relativa de cada contribución genética en la producción de híbridos (Wong *et al.*, 2006).

Mediante la aptitud combinatoria de los progenitores, el mejorador logra mayor eficiencia en su programa de mejoramiento, pues le permite seleccionar progenitores con un comportamiento promedio aceptable en una serie de cruzamientos e identificar combinaciones específicas con un comportamiento superior a lo esperado, con base en el promedio de los progenitores que intervienen en el cruzamiento. Los cruzamientos son utilizados para estimar los efectos genéticos de las poblaciones en mejoramiento y la información analizada críticamente es valiosa para definir patrones heteróticos, los cuales constituyen una fuente de germoplasma para la generación de líneas élite de suma utilidad en un programa de mejoramiento dinámico (De la Cruz *et al.*, 2009).

Coutiño Estrada *et al.*, (2010) mencionan que la variabilidad entre genotipos, atribuida principalmente a los efectos de ACG de las variedades progenitoras, indica la presencia de acción génica aditiva en ellas, dado que la acción génica aditiva es significativa, estas podrán ser mejoradas mediante el uso de esquemas de selección recurrente.

Los efectos de ACG están relacionados con los genes de efectos aditivos de los progenitores, mientras que la ACE con los de dominancia y los epistáticos de las cruzas, confirmando e indicando la contribución genética diferencial en la expresión fenotípica, por lo que el desarrollo de líneas y la identificación de las mejores combinaciones híbridas con base en el potencial de rendimiento, determinan el éxito de un programa de mejoramiento genético (Antuna *et al.*, 2003).

Las cruzas simples con rendimiento bajo son aquéllas cuyas dos líneas son de baja ACG y entre ellas ocurren efectos negativos de alto valor absoluto. Estos

estudios señalan la conveniencia de que los programas de hibridación cuenten con una base de líneas de alta ACG para que en un sistema de cruzas dialélicas se estimen los efectos y se haga la predicción de los mejores híbridos (Escorcía *et al.*, 2010).

### **Diseño línea por probador**

En la obtención de variedades de alto rendimiento, los mejoradores a menudo se enfrentan con el problema de la selección de los padres y sus cruzas. El análisis línea por probador es una de las herramientas potentes disponibles para estimar la capacidad de combinación y ayuda en la selección de los padres y las cruzas deseables para la explotación de heterosis (Pavan *et al.*, 2011).

Parvez *et al.* (2006) mencionan que entre una gran variedad de procedimientos biométricos para la estimación relativa de los componentes genéticos, línea por probador es un procedimiento eficaz, ya que permite la inclusión de un gran número de líneas y proporciona estimaciones fiables de los componentes genéticos, la estimación de la aptitud combinatoria, así como la capacidad del gen que regula un rasgo complejo.

Sandoval *et al.* (2006) mencionan, el diseño genético Línea x Probador como una buena estrategia para discriminar progenitores y obtener descriptores genéticos confiables. Por su parte Rashid *et al.* (2007), indican que este diseño es eficiente al proporcionar información sobre ACG y ACE, efectos aditivos y no aditivos de los padres, siendo útil en la estimación de diversos tipos de acción génica.

## **Estabilidad**

Comprender la estabilidad del rendimiento y la capacidad de adaptación de los genotipos a los diferentes ambientes de producción facilita la orientación de los genotipos en sus entornos de mayor crecimiento en los programas de mejoramiento.

En general, la estabilidad a largo plazo se refiere a la capacidad de los genotipos para ser consistente, tanto con los niveles de rendimiento de alta o baja en varios ambientes. Por otro lado, la capacidad de adaptación se refiere a la adaptación de un organismo a su entorno, por ejemplo, un genotipo que produce altos rendimientos en condiciones ambientales específicas y rendimientos pobres en otro entorno (Balzarini *et al.*, 2005).

Arellano *et al.* (2011) mencionan que se requiere de genotipos que mantengan un comportamiento estable en diferentes localidades y años, además de un rendimiento alto, lo cual es factible en función del potencial genético del híbrido, principalmente.

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

Norberto *et al.* (2007) mencionan que los Fitomejoradores han aprovechado la media de rendimiento de los genotipos para seleccionar los mejores, sin considerar la mayoría de las veces, que estos sean en realidad los de mayor estabilidad genética del rendimiento de grano (RG) en los diferentes ambientes de prueba; de tal forma, es necesario encontrar genotipos “rendidores y

estables” y tolerantes o resistentes a diferentes factores restrictivos de la producción (plagas, enfermedades, sequía, etcétera).

Los estudios de la interacción genotipo-ambiente proveen información sobre el comportamiento de cada genotipo frente a variaciones ambientales. Por esto, se realizan análisis de estabilidad y adaptabilidad fenotípica, mediante los cuales es posible identificar cultivares de comportamiento relativamente previsible (Rueda, J.A.; Cotes, J.M. *et. al* 2009).

### **Interacción genotipo-ambiente**

La mayoría de los programas de fitomejoramiento intentan producir variedades estables en su rendimiento, el carácter más importante para los agricultores cuando adoptan cultivares nuevos. La interacción genotipo ambiente (IGA) es una de las principales dificultades en los procesos de selección; la IGA ocasiona que los mejores genotipos varíen con el ambiente, dificultando el proceso de selección de cultivares nuevos para una región (Yan y Hollan *et al.*, 2010)

De León (2005) define la interacción genotipo ambiente como una respuesta diferencial de los genotipos en los ambientes de evaluación, además argumenta que cuando el fenómeno es de magnitud grande dificulta la elección y recomendación de genotipos estables y torna lento el avance de la selección, por lo que representa una preocupación constante para los fitomejoradores.

La mayoría de los procesos de selección de germoplasma para la liberación comercial de semillas involucran generalmente varias variables productivas, sin embargo en México, estos procesos solo han enfatizado en el rendimiento de grano (Lozano del Río *et al.*, 2009). En la mecánica de estos procesos, las semillas son sometidas a pruebas ricas en nutrientes y ambientes muy

específicos. Sin embargo, cuando las semillas son liberadas, estas se siembran bajo diferentes condiciones de manejo como densidad y fecha de siembra, fertilización, control de plagas, tipos de suelo, pH, duración de horas luz (fotoperiodo), temperatura, etc. Esto hace que al sembrarse en ambientes diferentes, su rendimiento varíe, lo cual se define como interacción genotipo x ambiente o estabilidad fenotípica (Rodríguez-González *et al.*, 2011).

Los factores bióticos y abióticos, son los principales contribuyentes de la interacción GE y producen inestabilidad en los cultivos. Sin embargo, la mayor parte de las interacciones de GE no puede ser explicada por estos factores. Varios métodos han sido desarrollados por estadísticos y aplicada por los criadores de plantas para explicar la interacción GE de los programas de fitomejoramiento. (Ferreira *et al.*, 2006).

Hay dos posibilidades para desarrollar cultivares con baja interacción  $G \times A$ : subdividir áreas en regiones relativamente homogéneas, donde cultivares necesitan ajuste específico o generar materiales de alta estabilidad adaptados a una amplia gama de entornos. El cultivar ideal sería el que tiene un alto rendimiento de semilla y alta estabilidad cuando se evaluó a través de diferentes ambientes (Yan *et al.*, 2007).

Kandus *et al.* (2010) mencionan que el estudio de la interacción GxE permite la clasificación de los genotipos por su comportamiento en dos situaciones diferentes, ya sea estable o adaptado a un entorno particular en términos de su rendimiento o en alguna otra característica agronómica interesante.

Rodríguez *et al.* (2011) mencionan la ocurrencia de interacción genotipo ambiente ( $G \times A$ ) en ensayos de rendimiento lo cual exige la realización de estudios adicionales con el propósito de precisar la selección de individuos con adaptabilidad general y específica.

## **Modelos multivariados**

Los modelos basados en análisis de componentes principales, tales como AMMI y SREG, son modelos lineales-bilineales con un componente aditivo (el principal efecto del medio ambiente o genotipos) y un componente multiplicativo (la interacción GxE) (Kandus *et al.*, 2010).

La identificación de variedades sobresalientes también puede efectuarse desde una perspectiva multivariada con las técnicas de componentes principales, el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) y el análisis de conglomerados, entre otros. El modelo AMMI relaciona los efectos de los ambientes y de genotipos (efectos principales aditivos) con un análisis de varianza y la interacción genotipo–ambiente. La IGA (efectos no aditivos) se evalúa con un análisis de componentes principales. El modelo permite diagnosticar si los análisis de varianza, de componentes principales, de regresión o de conglomerados son variantes del AMMI; también es útil para interpretar gráficamente la respuesta de los genotipos, de los ambientes y de la IGA, y es eficiente aún con un número pequeño de repeticiones, lo que permite reducir los costos o incluir un mayor número de variedades en el ensayo (Zobel *et al.*, 1988; Crossa, 1990; Gauch, 2006).

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

El biplot GGE fue construido por el trazado del primer componente principal (CP1), resultados de los genotipos y los entornos en contra de sus puntajes respectivos para el segundo componente principal (CP2) derivado de someter ambientes centrados en los datos de rendimiento (rendimiento variación debido

al genotipo x genotipo más interacción ambiente) a la descomposición de valor singular (Yan *et al.*, 2007).

El análisis biplot GGE, se utilizó para comprender la existencia de mega-ambientes (que se define como un grupo de localidades que comparten consistentemente el mejor conjunto de genotipos más años) y para caracterizar los lugares de prueba en términos de representatividad y poder de discriminación de genotipos (Yan y Rajcan *et al.*, 2002).

Chavanne *et al.* (2007) mencionan otra ventaja de usar la metodología de "GGE biplot" consiste en determinar los patrones de respuesta denominados "quien-gana-dónde". Permite trazar una línea llena entre los marcadores de los genotipos más alejados del punto de origen (0,0), formando un polígono de forma tal que contenga a los marcadores de los genotipos restantes. El polígono puede ser luego dividido en diferentes sectores trazando líneas perpendiculares a sus lados hasta el punto de origen del gráfico. De esta forma, el genotipo ubicado en el vértice de cada sector es el que representa el mejor comportamiento productivo en los sitios de ese sector particular. De esta forma, también es posible la identificación en forma gráfica de grupos de ambientes que son capaces de discriminar esos genotipos superiores.

Un biplot es una representación gráfica en la que los genotipos y ambientes se muestran simultáneamente. La interacción se describe en términos de sensibilidades diferenciales de los genotipos a la mayoría de las variables ambientales existentes con las que se pueden construir. El biplot mostrará tanto los genotipos y entornos de forma simultánea en cuatro sectores de una sola parcela dispersa dependiendo de los signos negativos o positivos de las puntuaciones de los dos primeros componentes principales (Mukherjee *et al.*, 2013).

La grafica GGE Biplot permite:

1. Determinar el genotipo con mejor comportamiento en una ambiente específico.
2. La identificación del ambiente más apropiado para un genotipo.
3. La comparación de cualquier genotipo en un ambiente.
4. El mejor genotipo para cada ambiente y la diferenciación de mega-ambientes.

### **Índices de selección**

Para definir un índice de selección primero es necesario explicar tres conceptos fundamentales. El primero se trata de los objetivos de selección; la definición de los objetivos de selección es el primer paso a dar dentro de un programa de mejora genética poblacional. Consiste en identificar las características que deben ser mejoradas genéticamente por tener un impacto directo en el beneficio económico del sistema de producción considerado. Sin embargo, no siempre es posible seleccionar directamente por los objetivos de selección, ya que algunas de dichas características son difíciles o muy costosas de medir. En estos casos es necesario recurrir a las características indicadoras o criterios de selección (Soares *et al.* 2011).

Un Índice de selección es la metodología utilizada para hacer selección de manera simultánea por varias características, la cual toma en consideración los aspectos genéticos y la importancia económica de las características involucradas. Este índice está conformado esencialmente por dos ecuaciones; la primera, es aquella en la cual se incluyen las características que se desea mejorar, es decir, las que comprenden el objetivo de selección y se denomina genotipo agregado; la segunda se constituye con las características sobre aquellas que se hace la selección, las cuales se denominan criterios de selección (Yáñez *et al.* 2005).



Montes *et al.* (2008) mencionan que el índice de selección se puede estimar de acuerdo con los objetivos de cada sistema de producción. Para ello se debe considerar que cada índice es particular para cada uno, ya que este va a depender de los parámetros genéticos (heredabilidad y correlaciones), sistema de producción, comercialización y la importancia económica relativa que se le dé a cada carácter.

Soares *et al.* (2011) mencionan que un Índice de Selección (IS), concentra toda la información genética de un reproductor en un solo valor comparativo, seleccionando de manera simultánea varias características y tomando en consideración además los aspectos genéticos, dada la importancia económica de cada una de las características involucradas en dicho IS.

Restrepo G. *et al.* (2008) mencionan que es un método de puntaje total en el cual se desarrolla una ecuación de regresión múltiple que da valores óptimos a la importancia económica de cada característica, la heredabilidad de cada característica y a las correlaciones genéticas y fenotípicas entre las características, de manera que permite separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres y ordenar los genotipos basándose en el valor obtenido.

Daros *et al.* (2004) encontraron que los índices basados en la combinación de tres caracteres, en general fueron más eficientes que los índices de dos caracteres. Este resultado podría tener su explicación, en el sentido de que al aumentar en el índice, el número de caracteres correlacionados con el carácter por mejorar, se obtendría mayor avance genético, al respecto el índice que aplicaron en su investigación fue eficiente para obtener ganancia genética para rendimiento de grano.

Bujak *et al.* (2007) obtuvieron como resultado que la respuesta a la selección podría ser más eficiente si se consideran simultáneamente otros caracteres con alta heredabilidad y positivamente correlacionados con el rendimiento de forraje verde de maíz.

### III. MATERIALES Y METODOS

#### Material genético

El material genético utilizado en esta investigación fueron 112 híbridos, pertenecientes al programa de mejoramiento de maíz de Bajío del Instituto Mexicano del Maíz (IMM) Dr. Mario E. Castro Gil, estos híbridos estuvieron constituidos por 28 líneas homocigotas (Cuadro 3.1) apareadas con 4 probadores (Cuadro 3.2) previamente establecidos como elite dentro del programa de mejoramiento del Bajío. Estos 112 híbridos fueron evaluados en tres ambientes representativos del estado de Sinaloa (Cuadro 3.3).

**Cuadro 3.1** Genealogía de líneas.

Líneas	Genealogía	Líneas	Genealogía
4	(M15 x CML-11-3)-18	36	((M16xE-197) x E-197-6)-9
6	(M15 x E-195-5)-6	37	((M1xE-197) x E-197-6)-13
7	(M21 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-17	49	((M32xE-197) x E-197-6)-8
8	(M21 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-2	53	((M4xE-197) x E-197-6)-2
11	(M35 x 351-296-1-6-A)-2	56	((M4xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1)-3
13	(M42 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-19	57	((M7xE-197) x E-197-6)-15
14	(M42 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-4	67	((M16xE-195) x M16)-1
15	(M42 x E-195-3)-12	72	((M22xE-197) x M22)-20
16	(M7 x 351-296-1-6-A)-18	75	((M29xE-197) x M29)-3
24	(M7 x 43-46-2-3-2)-9	79	((M7xE-197) x M7)-5
25	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1)-13	80	((M7xV524) x M7)-10
30	((M16xE-197) x E-197-1)-3	82	((M7xV524) x M7)-15
32	((M16xE-197) x E-197-1)-9	83	((M7xV524) x M7)-17
34	((M16xE-197) x E-197-6)-18	84	((M7xV524) x M7)-7

**Cuadro 3.2** Genealogía de probadores.

Probador	Genealogía	Probador	Genealogía
1	(MLS4-1 x PE-115-3)	3	MLS4-1
2	(LBCPC4S4 x PE-115-3)	4	Línea C

### Formación de cruzas de prueba

Se conformo por la combinación de 28 líneas y 4 probadores formando 112 cruzas, las líneas fueron usadas como hembras y los probadores como machos. La evaluación de los genotipos se llevo a cabo en 3 localidades representativas del estado de Sinaloa.

### Descripción de localidades

La evaluación de los híbridos se llevó a cabo en tres localidades representativas del estado de Sinaloa durante el ciclo 2009-2010, la región donde se localizan estas localidades se caracteriza por poseer un clima cálido semiseco en la llanura, con una temperatura media entre 24° y 25° y una precipitación pluvial de 600 mm, que aumenta hasta 1400 mm al sur del estado Cuadro 3.3

**Cuadro 3.3** Descripción de localidades de evaluación.

	Localidades	Altitud msnm*	Latitud N	Longitud O
1	Corerepe, Gusave	10	25° 62' 77''	108° 71' 33''
2	Ejido 20 de Noviembre, Mochis	10	25° 91' 88''	109° 15' 38''
3	Navolato, Sataya	7	24° 62' 91''	107° 65' 55''

\*Altura sobre el nivel del mar. Fuente (PIONEER)

## Descripción de la parcela experimental

El diseño utilizado fue bloques incompletos con un arreglo alfa-látice con dos repeticiones por localidad. La parcela experimental consistió de dos surcos de 0.76 m de ancho y 4.20 en las localidades de Corepe Guasave y 20 de Noviembre, Los mochis; para la localidad de Navolato Sataya fue de dos surcos de 0.80 m de ancho y 4.20 de largo ajustándolo a una densidad de población de 120, 000 plantas por hectárea.

## Labores culturales

Preparación del terreno: Las labores en las tres localidades iniciaron con un subsoleo, seguido de un barbecho y posteriormente se aplicaron dos pasos de rastra.

Siembra: La siembra de los materiales se realizó en forma mecánica con una sembradora de precisión de cuatro surcos, las fechas de siembra fueron diferentes para cada localidad (Cuadro 3.4)

**Cuadro 3.4** Fechas de siembra de las localidades.

N°	Localidad	Fecha
1	Corepe, Guasve	06-dic-09
2	Ejido 20 de Noviembre, Mochis	08-dic-09
3	Navolato, Sataya	09-dic-09

Fertilización: La dosis de aplicación en cada localidad fue de 400-100-50 ha<sup>-1</sup>. La aplicación se realizó en dos momentos: se aplicó el 50 por ciento de N y el 100 por ciento de P y K al realizarse el surcado, el resto de Nitrógeno se aplicó cuando el cultivo se encontraba en V5.

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

Control de malezas: Se realizó mediante aplicaciones de Gesaprim calibre 90 cuyo ingrediente activo es la atrazina, y fueron suministrados al momento de la emergencia de la maleza para evitar una infestación.

Control de plagas: Para combatir las plagas de suelo se aplicó clorpirifos (Lorsban 3G) al momento de la siembra; para el gusano trozador se aplicó cipermetrina (Arrivo 200 CE) y permetrina (Ambush 50) para plagas foliares, todas las aplicaciones se hicieron de manera preventiva.

Cosecha: Fue de manera mecánica con una cosechadora combinada con báscula integrada y determinador de humedad.

### **Variables agronómicas evaluadas.**

Altura de planta (Altpta). Distancia en decímetros comprendida desde el nivel del surco hasta la inserción de la hoja bandera.

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

Roya. Se obtiene dando una calificación dependiendo la severidad de la enfermedad, la escala se mueve del 1 al 10, donde 1 representa a una planta muy enferma y 10 a una sana.

Altura de mazorca (Altm). Distancia en decímetros comprendida desde el nivel del surco hasta la inserción de la mazorca.

Por ciento de humedad (Hum). Fue tomada al momento de la cosecha con la cosechadora combinada.

Rendimiento (Rend). Para estimar el rendimiento de grano en toneladas por hectárea de un grano al 15.5 por ciento de humedad en todos los tratamientos. Este dato se obtuvo al multiplicar el peso seco (PS) por un factor de conversión (FC) cuyas formulas se describen a continuación:

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

Donde:

%H= Por ciento de humedad.

PC= peso de campo en Kg.

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

Donde:

APU= área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre plantas por el número de plantas por parcela útil.

0.845= Contante para transformar el rendimiento de peso seco al 15.5 por ciento de humedad.

1000= Constante para obtener el rendimiento en ton ha<sup>-1</sup>.

10000 m<sup>2</sup>= Valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m<sup>2</sup>.

## Manejo Estadístico de los Datos Agronómicos

### Análisis de varianza combinado

Se realizó un análisis de varianza combinado y un análisis línea por probador para observar si había diferencias estadísticas entre localidades, repeticiones, genotipos (líneas, probadores y su interacción línea por probador) y la interacción genotipos por localidades.

Por localidad:

El análisis de varianza combinado de las variables de respuesta para determinar diferencias estadísticas entre los híbridos se realizó mediante un modelo lineal de bloques incompletos alfa- látice y su descripción es la siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + y_k + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

$Y_{ijk}$  = Valor observado en un tratamiento,  $\mu$  = efecto de la media general,  $\alpha_i$  = efecto de la  $i$ -ésima repetición,  $\beta_{j(i)}$  = efecto del  $j$ -ésimo bloque dentro de la  $i$ -ésima repetición,  $y_k$  = efecto del  $k$ -ésimo genotipo y  $\varepsilon_{ijk}$  = error experimental.

A través de localidades:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + \beta_{j/l} + A_l + (GA)_{il} + \varepsilon_{ijl}$$

Donde:

$Y_{ijk}$  = Valor observado en un tratamiento,  $\mu$  = efecto de la media general,  $G_i$  = efecto del  $i$ -ésimo genotipo,  $\beta_{j/l}$  = efecto del  $j$ -ésimo bloque dentro del  $l$ -ésimo



ambiente,  $A_l$  = efecto del  $l$ -ésimo ambiente,  $(GA)_{il}$  = efecto de la interacción genotipo ambiente,  $\varepsilon_{ijk}$  = error experimental.

### **Porcentajes de contribución**

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

### **Análisis de varianza línea por probador**

El cálculo de los efectos de aptitud combinatoria para identificar progenitores con capacidad de transmitir características a su descendencia fueron estimados mediante el diseño línea por probador descrito por Singh y Chaudhary (1977) que particiona los tratamientos en tres componentes: línea, probador y línea por probador. En esta investigación se estimó la ACG de líneas para las variables roya, altura de mazorca, altura de planta, acame de raíz, humedad y rendimiento con todos los probadores, para seleccionar dentro de cada subgrupo de probadores que se forme; y la ACG de los probadores con las variables, roya, altura de mazorca, altura de planta, acame de raíz, humedad y rendimiento, considerando los diferentes subgrupos formados.

Mediante el modelo lineal siguiente:

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

Donde:

$Y_{ijk}$  = es la variable de respuesta;  $\mu$  = efecto de la media general;  $A_i$  = efecto del i-ésimo ambiente;  $R_{j(i)}$  = efecto del j-ésimo bloque dentro del i-ésimo ambiente;  $L_k$  = efecto de la K-ésima línea;  $P_l$  = efecto de l-ésimo probador;  $LP_{kl}$  = efecto de la K-ésima línea por el l-ésimo probador;  $AL_{ik}$  = efecto de la K-ésima línea por el i-ésimo ambiente;  $AP_{il}$  = efecto del l-ésimo probador por el i-ésimo ambiente ;  $ALP_{ikl}$  = efecto de la K-ésima línea por el l-ésimo probador por el i-ésimo ambiente;  $\varepsilon_{ijkl}$  = error experimental.

Fórmulas para estimar efectos genéticos de ACG de los híbridos.

- Efectos de ACG de líneas:

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

- Efectos genéticos de ACG de probadores:

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

Donde:

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

## Índice de selección (IS)

La selección de caracteres múltiples se realizó con el propósito de seleccionar líneas e híbridos en base a mas de dos características mediante el empleo de un índice en el que a los valores fenotípicos estandarizados de cada

característica, les fue sustraído un valor crítico correspondiente al valor más favorable de la variable, con la idea de medir la distancia entre ambos, el resultado fue elevado al cuadrado para evitar valores negativos y después se multiplico por un valor de intensidad de selección, posteriormente se calculó la raíz cuadrada. El índice descrito es equivalente a la siguiente función lineal:

Metodología descrita por Barreto *et al.* (1991):

$$IS = \left[ \left( (Y_i - M_j)^2 * I_k \right) + \left( (Y_i - M_j)^2 * I_k \right) + \dots + \left( (Y_i - M_j)^2 * I_k \right) \right]^{\frac{1}{2}}$$

IS= es el índice de selección;  $Y_i$  = es la variable en unidades Z;  $M_j$  = es la meta deseada para cada variable;  $I_k$  = es la intensidad de selección para cada variable.

Al momento de realizar el cálculo de los datos, las unidades que representan las variables deben ser estandarizadas para que éstas puedan combinarse entre sí, ya que están representadas en unidades distintas (% , Kg ha<sup>-1</sup>, Ton); la estandarización se llevó a cabo mediante la fórmula del valor de Z que a continuación se describe:

$$Z = \frac{Y_j - \check{Y}}{S}$$

Donde:

Z= es el valor estandarizado;  $Y_j$  =es el valor observado para la variable j;  $\check{Y}$  =es el promedio de todos los valores observados de la variable; S= es la desviación estándar de la variable.

La meta deseada del presente trabajo se obtuvo generando un valor Z considerando el valor más favorecido para cada variable menos la media de la misma, todo sobre su desviación estándar.

La meta de selección: se considera como lo que el mejorador desea lograr con la selección, en base a las desviaciones estándar, en el programa solo se puede tomar un valor -3 a +3 que corresponde a un 99 por ciento dentro de una distribución normal.

La intensidad de selección: mediante la intensidad le otorgamos importancia a las variables de acuerdo el interés, y esta puede ser diferente de cada variable, tomando valores que van de 0 a 10 y mientras más grande sea el valor mayor peso se le da a la variable en la selección, o en su caso si se usa un valor de cero es porque no se quiere que esa variable sea considerada y por lo tanto en la rutina de SAS el programa no la toma en cuenta al analizar los datos.

Para Barreto (1991) el valor del índice representa la suma de las distancias euclidianas de las variables con respecto a la meta deseada para un genotipo. Aquellos genotipos con el menor valor de índice son los que minimizan dicha distancia y representan aquellos más cercanos a los criterios expresados en la meta para cada variable, y por tanto, se pueden considerar como superiores.

### **Índice de selección básico modificado**

La modificación consiste en que el IS se construyó con los valores de aptitud combinatoria general de cada una de las variables agronómicas de interés a diferencia del IS básico donde se emplean valores fenotípicos.

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

Se empleo el modelo de **efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI)** para conocer el patrón de agrupación entre líneas y probadores, así como también la agrupación de híbridos con ambientes, esto con la finalidad de observar la presencia de interacción cruzada. Bajo el siguiente modelo estadístico:

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

Donde:

$Y_{ij}$ : Es la respuesta media de un genotipo  $i$  en un ambiente  $j$ ;  $\mu$ : Es la media general de las observaciones (Su estimación se hace por medio de  $\hat{\mu} = \bar{Y}_{..}$ );  $g_i$ : Es el efecto del genotipo  $i$  (Desvío respecto al promedio general del genotipo  $i$ , y se estima a través de  $\hat{g}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}$ );  $e_j$ : Es el efecto del ambiente  $j$  (Desvío respecto al promedio general del ambiente  $j$ , y se estima por medio de  $\hat{e}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$ );  $\lambda_k$ : Es el valor propio del eje  $k$  de componentes principales;  $\gamma_{ik}$ : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a  $\lambda_k$ ;  $\alpha_{jk}$ : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a  $\lambda_k$ ;  $\varepsilon_{ij}$ : Error del genotipo  $i$  en el ambiente  $j$ .  $p$ : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI.

## Análisis de regresión en los sitios SREG

Para la selección de híbridos se utilizó el modelo SREG con base en el valor índice obtenido mediante la metodología de Barreto *et al* 1991. En este método se realiza una estandarización usando el error estándar de la media de cada

genotipo dentro de ambientes (Cornelius y Crossa, 1997); además, permite la representación simultánea de la variabilidad de genotipos y ambientes, basada en el análisis de componentes principales (Yan *et al.*, 2000).

El modelo SREG está dado por:

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

Donde:

$Y_{ij}$ : Es la respuesta media de un genotipo  $i$  en un ambiente  $j$ ;  $\mu_j$ : Media del ambiente  $j$  para todos los genotipos y en este modelo se estima por medio de  $\hat{\mu}_j = \bar{Y}_{\bullet j}$ ;  $\lambda_k$ : Es el valor propio del eje  $k$  de componentes principales;  $\gamma_{ik}$ : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a  $\lambda_k$ ;  $\alpha_{jk}$ : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a  $\lambda_k$ ;  $\varepsilon_{ij}$ : Error del genotipo  $i$  en el ambiente  $j$ ;  $p$ : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo SREG.

Mediante el uso del modelo SREG se genera un gráfico de dos dimensiones (BIPLOT) llamado GGE Biplot donde se agrupan los ambientes similares y se destacan los mejores genotipos para esos ambientes (genotipos adaptados a esos ambientes). En este gráfico las componentes 1 y 2 son adimensionales y sirven para ubicar posiciones relativas entre genotipos y ambientes.

Para el cálculo de los análisis mencionados se utilizó el programa de SAS.

## **Criterios de selección**

Para la selección de líneas se considero los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) en cada grupo formado con los probadores de las líneas para cada variable agronómica involucrada en el estudio.

Con ayuda de un IS básico modificado se considero aquellas líneas que presentaron el mejor índice de selección estimado en base a ACG.

Para la selección de probadores como progenitores se considero a aquellos con efectos favorables de aptitud combinatoria general (ACG) para cada variable agronómica involucrada en el estudio, y para definir cuál de ellos era el mejor discriminador aquellos con efectos desfavorables.

Con la finalidad de encontrar la clasificación de ambientes y la interacción de cada híbrido se realizó un análisis AMMI para determinar la representatividad de los mega-ambientes formados y su poder de discriminación considerando la longitud del vector, así como cuál de los híbridos es el más rendidor, precoz y estable dentro de las localidades.

Mediante la metodología de índices de selección auxiliado por el modelo de regresión de los sitios SREG con un grafico biplot GGE se identifico el genotipo mas rendidor, precoz y estable; así como la clasificación de mega-ambientes formados.

## IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### **Análisis de varianza combinado**

Con la finalidad de comprobar que existe diferencias estadística entre las líneas, probadores, los 112 híbridos experimentales y los ambientes de evaluación se realizó un análisis de varianza combinado complementado con un análisis de varianza línea por probador para estimar los efectos genéticos de líneas probadores y su interacción línea por probador, los primeros resultados se muestran en el Cuadro 4.1

En la fuente de variación de localidades se encontraron diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ) para todas las variables, lo cual dice que las localidades no son iguales debido a que presentan diferentes condiciones, edafológicas, climáticas y de manejo agronómico, favoreciendo a un comportamiento distinto de los híbridos dentro de ellas.

La fuente de variación repeticiones dentro de localidad no muestra diferencias significativas, esto se atribuye a un excelente protocolo en la elección del terreno y un excelente manejo del experimento.

En la fuente de variación híbridos se encontró que existe una diferencia altamente significativa ( $P \leq 0.01$ ) para todas las variables, lo cual dice que al menos uno de los híbridos es diferente y que hay variación entre ellos, la cual permitirá hacer una selección adecuada.



**Cuadro 4.1** Cuadrados medios del análisis de varianza de 112 híbridos formados a partir de 28 con 4 probadores en tres localidades y dos repeticiones, evaluadas en el estado de Sinaloa durante el ciclo 2009-2010.

FV	GL	ROYA	ALTM	ALPLAA	%ACR	HUMEDAD	REND
<b>LOC</b>	<b>2</b>	<b>20.0416667**</b>	<b>1321.148810**</b>	<b>1715.822917**</b>	<b>99649.7993**</b>	<b>750.735150**</b>	<b>188.440461**</b>
<b>REP(LOC)</b>	<b>3</b>	<b>0.5059524</b>	<b>3.065476</b>	<b>4.181548</b>	<b>64.4994</b>	<b>0.094331</b>	<b>3.131084</b>
<b>HÍBRIDOS</b>	<b>111</b>	<b>3.8286143**</b>	<b>6.629290**</b>	<b>8.652295**</b>	<b>2330.4682**</b>	<b>2.977823**</b>	<b>9.892091**</b>
➤ <b>LINEA</b>	<b>27</b>	<b>7.9281305**</b>	<b>7.673501**</b>	<b>15.178571**</b>	<b>2921.5710**</b>	<b>8.348140**</b>	<b>21.6063404**</b>
➤ <b>PROBADOR</b>	<b>3</b>	<b>30.9603175**</b>	<b>121.275794**</b>	<b>66.123016**</b>	<b>44024.2967**</b>	<b>1.874623*</b>	<b>53.8551608**</b>
➤ <b>LINEA*PRO B</b>	<b>81</b>	<b>1.4572310**</b>	<b>2.035053**</b>	<b>4.348325**</b>	<b>589.2180**</b>	<b>1.233124**</b>	<b>4.2934039**</b>
<b>LOC*HIBRI</b>	<b>222</b>	<b>0.9635886**</b>	<b>1.665326*</b>	<b>3.222316</b>	<b>707.8983**</b>	<b>1.000338*</b>	<b>2.588419**</b>
<b>ERROR</b>	<b>333</b>	<b>0.6170635</b>	<b>1.311722</b>	<b>3.055421</b>	<b>254.4653</b>	<b>0.651769</b>	<b>1.453309</b>
<b>MEDIA</b>		<b>4.755952</b>	<b>14.18155</b>	<b>28.36310</b>	<b>38.30747</b>	<b>19.12335</b>	<b>8.280636</b>
<b>CV</b>		<b>16.51688</b>	<b>8.076014</b>	<b>6.162855</b>	<b>41.641338</b>	<b>4.221656</b>	<b>14.55845</b>

\*\*=altamente significativo 0.01 de probabilidad, \* =significante 0.05 de probabilidad, FV= fuentes de variación, GL= grados de libertad, roya, altura de mazorca (ALTM), altura de planta (ALPLAA), por ciento de acame de raíz (%ACR), humedad de grano (HUMEDAD), rendimiento (REND).

Una vez demostrado que si hubo significancia al detectar diferencias dentro de los híbridos estos, se desglosaron en sus componentes, los cuales son: línea, probador y la interacción línea por probador, en cada fuente de variación hubo diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ) para todas las variables que se utilizaron, las cuales son, roya, altura de mazorca, altura de planta, acame de raíz, humedad y rendimiento, resultados similares a los obtenidos por Vergara *et al* (2005) , esto quiere decir que de las 28 líneas, los cuatro probadores y las 112 híbridos que fueron resultado de la combinación de líneas con probadores; al menos uno es diferente en cada uno de los casos y se puede hacer selección dentro de ellos para cada una de las variables según los objetivos del programa.

La fuente de variación localidades por híbrido presentó diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ) para las variables roya, acame de raíz y rendimiento, estas variaciones permiten saber que estas variables tienen una respuesta diferente en cada uno de los ambientes modificando el desempeño y expresión de cada híbrido. Esta misma fuente de variación presentó diferencias significativas ( $P \leq 0.05$ ) para altura de mazorca y humedad permitiéndonos saber que aquí también la interacción está presente; y la variable altura de planta no tiene diferencia significativa, esto quiere decir que permanece estable, es decir los ambientes no modifican su expresión.

Resultados similares fueron obtenidos por Gordon *et al.* (2010) quien menciona que el análisis de varianza combinado hubo una diferencia altamente significativa ( $P < 0,01$ ) entre ambientes para todas las variables estudiadas, y diferencias altamente significativas para el genotipo para todas las variables excepto la altura de plantas y la posición de la mazorca. La interacción genotipo-ambiente resultó altamente significativa para todas las variables estudiadas con excepción de las variables altura de las plantas, complementado por lo dicho por Sierra *et al* (2008) quien menciona; lo anterior sugiere que el

comportamiento de los genotipos en relación con estas variables es diferente en las localidades evaluadas.

Una vez obteniendo diferencias significativas en cada una de las fuentes de variación se estimaron los porcentajes de contribución de cada uno de los efectos incluidos en el análisis de varianza con la idea de medir cuanta varianza genética aporta cada variable a la varianza total.

### **Porcentaje de contribución de las fuentes de variación para cada una de las variables**

Utilizando los valores de la suma de cuadrados del análisis de varianza combinado y línea por probador se obtuvieron los porcentajes de cada una de las variables de las fuentes de variación reportándose en el Cuadro 4.2

**Cuadro 4.2** Porcentaje de contribución de 6 variables a la varianza total utilizando suma de cuadrados.

<b>PORCENTAJES (%)</b>						
<b>FV</b>	<b>ROYA</b>	<b>ALTM</b>	<b>ALPLAA</b>	<b>% ACR</b>	<b>HUMEDAD</b>	<b>REND</b>
<b>LOC</b>	4.52	63.00	55.91	28.47	66.10	14.82
<b>REP(LOC)</b>	0.17	0.22	0.20	0.03	0.01	0.37
<b>HÍBRIDOS</b>	47.97	17.55	15.65	36.95	14.55	43.18
<b>Línea</b>	<b>50.37</b>	<b>28.16</b>	<b>42.67</b>	<b>30.49</b>	<b>68.19</b>	<b>53.13</b>
<b>Probador</b>	<b>21.86</b>	<b>49.44</b>	<b>20.65</b>	<b>51.06</b>	<b>1.70</b>	<b>14.71</b>
<b>Lineaxprobador</b>	<b>27.77</b>	<b>22.40</b>	<b>36.67</b>	<b>18.45</b>	<b>30.22</b>	<b>31.67</b>
<b>LOC*HIBRI</b>	24.14	8.82	11.66	22.45	9.78	22.60
<b>ERROR</b>	23.19	10.42	16.58	12.10	9.56	19.03

FV= fuentes de variación, roya, altura de mazorca (ALTM), altura de planta (ALPLAA), por ciento de acame de raíz (% ACR), humedad de grano (HUMEDAD), rendimiento (REND).

Para la fuente de variación localidades se estimaron los siguientes resultados, para roya 4.52 por ciento, rendimiento con 14.82 por ciento, acame de raíz con

28.47 por ciento altura de mazorca con un 63 por ciento, altura de planta con 55.91 por ciento, y humedad 66.10 por ciento. Ésto indica que los ambientes ocasionan que haya una gran variabilidad en el comportamiento de las cuatro últimas variables, esto puede ser atribuido a los diferentes efectos del terreno y del manejo de los ensayos dentro de cada ambiente

En repeticiones dentro de localidades se encontraron porcentajes demasiado bajos para todas las variables, lo cual indica que prácticamente no existió variación entre repeticiones

Para la fuente de variación de híbridos que es asociada propiamente a la aportación genética obtenida en cada variable, los porcentajes detectados fueron los siguientes:

Para roya 47.97 por ciento, para rendimiento de 43.18 por ciento y para acame de raíz 36.95 por ciento, valores que indican una existencia de alta variabilidad genética entre los materiales, lo que permitirá que la selección se traduzca en altas respuestas. Lo que sugiere que estas variables deben ser consideradas al desear construir un índice de selección (IS).

Para altura de mazorca 17.55 por ciento, altura de planta 15.65 por ciento y humedad 14.55 por ciento permitirá una selección con avances más lentos que las de las anteriores variables.

El efecto de los híbridos se desglosa (Cuadro 4.2) en efectos de: línea, probador y la interacción línea por probador. Para roya se encontró que las líneas aportan el 50.37 por ciento indicando que una adecuada selección entre ellas permitirá la disminución de esta enfermedad, por su parte, los probadores aportan el 21.86 por ciento y la interacción de línea por probador un 27.77 por ciento, lo que es un claro indicador que existe un claro efecto de varianza no aditiva pues alcanza valores considerables.

Para altura de mazorca se encontró que los probadores son los que más aportan a la varianza con un 49.44 por ciento, indicando que una elección adecuada entre probadores permitirá bajar la altura de mazorca, las líneas aportan un 28.16 por ciento, y la interacción de línea por probador un 22.40 por ciento, éste último indica la presencia de efectos no aditivos controlando este carácter.

En la variable altura de planta se detectó que las líneas son las que más aportan con una contribución del 42.67 por ciento, lo que sugiere que para cambiar favorablemente el comportamiento de esta variable la selección se debe centrar en las líneas, los probadores aportan un 20.65 por ciento y la interacción de línea por probador un 36.67 por ciento, esto último sugiere que existen fuertes efectos de varianza no aditiva controlando la expresión de este carácter

En la variable acame de raíz se encontró que los probadores son los que más aportan con una contribución del 51.06 por ciento indicando que una elección adecuada entre probadores permitirá reducir el acame de raíz, por su parte las líneas contribuyen con un 30.49 por ciento y la interacción de línea por probador con 18.45 por ciento indicando esto último que son bajos los efectos no aditivos controlando este carácter.

En la variable humedad se detectó que las líneas son las que más aportan a la varianza con un 68.19 por ciento indicando que para obtener nuevos individuos con buena precocidad la selección se debe centrar en las líneas, los probadores contribuyen con un 1.70 por ciento y la interacción línea por probador con un 30.22 por ciento, éste último sugiere que existen fuertes efectos no aditivos controlando este carácter.

En la variable rendimiento, las líneas son las que más variabilidad genética aportan para esta variable con un 53.13 por ciento indicando que para cambiar

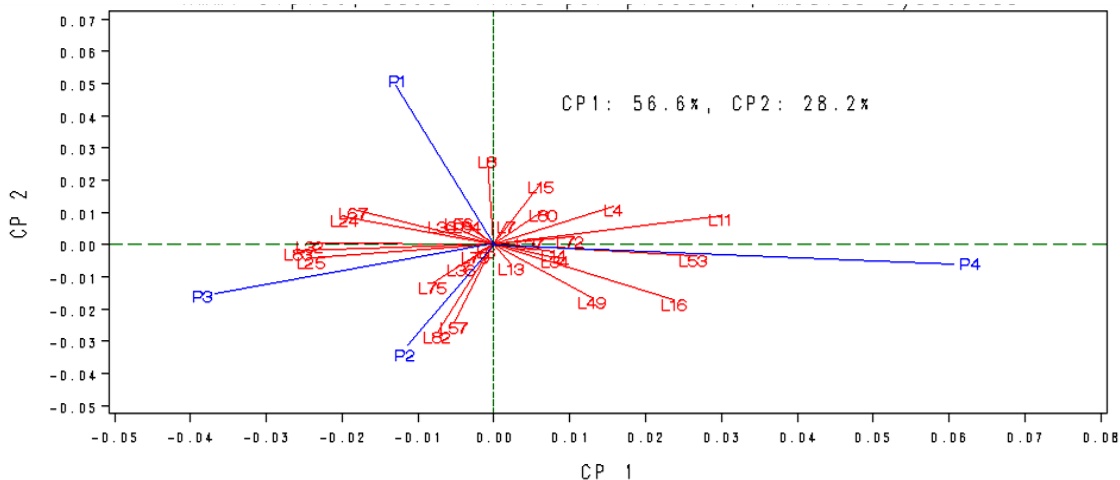
favorablemente el comportamiento de esta variable la selección se debe de hacer entre líneas, los probadores mostraron menor variabilidad genética con un 14.71 por ciento, mientras su interacción entre línea y probador muestra una contribución muy considerable de 31.67 por ciento, ésto último sugiere que existen fuertes efectos de varianza no aditiva controlando la expresión de este carácter.

Una vez que encontramos que había significancia en las fuentes de variación línea, probador y línea por probador se procedió a utilizar herramientas mayores que le dieran una respuesta a esta interacción.

### **Clasificación de probadores en grupos mediante el modelo de interacción multiplicativo y efectos principales aditivos (AMMI)**

Una vez que encontramos que había significancia en las fuentes de variación línea, probador y línea por probador se procedió a explorar sus respuestas mediante un modelo de interacción multiplicativo y efectos principales (AMMI) para ubicar los posibles grupos a los que pertenecen los probadores con respecto a las líneas; saber si entre ellos existe interacción cruzada o no. Además de conocer los patrones de respuesta de las líneas en asociación con los probadores y explorar la estabilidad de las líneas.

Considerando lo dicho por León (2005), los vectores de los probadores con ángulos menores a  $90^\circ$  guardan relación en la forma de ordenar a los genotipos, siendo los que más interesan a los mejoradores, mientras los que tienen un ángulo cercano a los  $180^\circ$  tienden a ordenar de manera contrastante a los genotipos evaluados tornándose más difícil la selección o con marcados sesgos de lo que se espera obtener



**Figura 4.1** Biplot AMMI agrupación de los posibles grupos heteróticos de probadores CP1= componente principal 1, CP2= componente principal 2, P1= probador 1 (MLS4-1 x PE-115-3), P2= probador 2 (LBCPC4S4 x PE-115-3), P3=probador 3 (MLS4-1), P4= probador 4 (Línea C), L= Líneas.

La Figura 4.1 se realizó tomando en cuenta las 28 líneas que se cruzaron con los cuatro probadores, los resultados indicaron que se formaron tres grupos, el primer grupo lo conforma el probador 4 (Línea C), las líneas 4, 7, 11, 13, 14, 15, 16, 34, 37, 49 y 53, 72, 80 presentaron una buena respuesta de asociación con dicho probador, las línea que mejor se asocian con este probador es la 53 (((M4xE-197) x E-197-6)-2) y la 72 ((M22xE-197) x M22)-20) ya que son los que se encuentran más cercanos al probador y la cruce de estas líneas con el probador genera los híbridos que rinden mas para este grupo.

El siguiente grupo lo conforma el probador 1 ((MLS4-1 x PE-115-3)) dando como resultado una asociación positiva con las líneas 4, 7, 8, 15, 24, 25, 30, 32, 56, 67, 80, 83 y 84, en el cual la línea que mejor se asocia con este probador y que obtuvo la mejor combinación fue la 84 y rindió más que cualquiera de las otras líneas combinadas con este probador.

El tercer grupo es conformado por los probadores 2 y 3, los cuales se relacionan entre sí formando parte del mismo grupo y dentro de este las líneas que mejor se asocian con ambos son: 6, 25, 32, 36, 57, 75, 79, 82, 83, la línea que más se asocio con el probador 2 ((LBCPC4S4 x PE-115-3)) fue la línea 82; en el probador 3 (MLS4-1) la línea que sobresalió fue la 25; dado que el probador 3 tiene mayor poder de discriminación como lo indica la distancia del vector puede ser desechado el uso del probador 2 sin perder confiabilidad en los resultados y traduciéndose en una mayor eficiencia.

La línea que presentó una mejor estabilidad fue la línea 6 ((M15 x E-195-5)-6) la cual tiene el vector más cercano al origen.

En cuanto a la interacción cruzada se observa que el probador 4 (Línea C) se sitúa en contra de los probadores 1(MLS4-1 x PE-115-3), 2(LBCPC4S4 x PE-115-3) y 3 (MLS4-1), además de que con el probador 1 (LBCPC4S4 x PE-115-3) tiene interacción cruzada, es decir hacen una ordenación diferente de las líneas con base en el rendimiento y es importante hacer la selección atendiendo las agrupaciones y no a través de todos los probadores.

Teniendo agrupados los probadores de respuesta similar, es decir sin interacción cruzada (probador 1, probador 4 y probadores 2 y 3) se estimaron los efectos de aptitud combinatoria general, y se ponen en contraste con la ACG a través de probadores y con esto dar respuesta a nuestro segundo objetivo.

### **Selección de líneas considerando su aptitud combinatoria general (ACG)**

El Cuadro 4.3 estima los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) para cada grupo de probadores formado y para todos los probadores juntos, con la finalidad de obtener información sobre las líneas y la capacidad de cada una en



la formación de híbridos según sean los efectos aditivos de ACG y tener como finalidad obtener líneas que entren a un programa de formación de híbridos.

**Cuadro 4.3** Aptitud combinatoria general de líneas con base a rendimiento dentro de los grupos formados y el total de probadores.

PROBADORES					
LÍNEAS	GENEALOGÍA	1	4	2y3	1...4
4	(M15 x CML-11-3)-18	-2.84796**	-2.49413**	-4.02478**	-3.34791**
6	(M15 x E-195-5)-6	0.08754	0.45454	0.35922	0.31513
7	(M21 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-17	-0.22846	-0.09429	-0.58212	-0.37175
8	(M21 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-2	1.58771**	0.16821	-0.37003	0.25396
11	(M35 x 351-296-1-6-A)-2	-0.56146	1.17054*	-1.61653**	-0.656*
13	(M42 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-19	-0.47612	0.48654	0.16455	0.08488
14	(M42 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-4	0.46054	1.21387*	0.53797	0.68759*
15	(M42 x E-195-3)-12	1.99788**	1.48071*	0.51063	1.12496**
16	(M7 x 351-296-1-6-A)-18	-1.27129*	1.75087*	-0.07612	0.08184
24	(M7 x 43-46-2-3-2)-9	1.59688**	-0.38829	1.17263*	0.88846**
25	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1)-13	0.84738*	-0.89479*	1.38555**	0.68092*
30	((M16xE-197) x E-197-1)-3	-0.21512	-0.99129*	-0.59945	-0.60133*
32	((M16xE-197) x E-197-1)-9	-0.61479	-2.37579**	-0.32145	-0.90837**
34	((M16xE-197) x E-197-6)-18	-0.95912*	-0.74813*	-1.05437*	-0.954**
36	((M16xE-197) x E-197-6)-9	-1.12362*	-0.84613*	-0.4682	-0.72654*
37	((M1xE-197) x E-197-6)-13	0.31221	0.45004	0.07088	0.226
49	((M32xE-197) x E-197-6)-8	-1.51696**	0.06704	-0.5752	-0.65008*
53	((M4xE-197) x E-197-6)-2	-0.90829*	1.35021*	-0.93137*	-0.3552
56	((M4xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1)-3	1.09438*	-0.30679	0.27988	0.33684
57	((M7xE-197) x E-197-6)-15	-1.03029*	-0.03529	0.88955*	0.17838
67	((M16xE-195) x M16)-1	1.00321*	-1.03796	0.38388	0.18325
72	((M22xE-197) x M22)-20	2.06171**	2.50687**	1.6648**	1.97455**
75	((M29xE-197) x M29)-3	-0.54696	-0.35729	0.51863	0.03325
79	((M7xE-197) x M7)-5	0.62771	0.76587*	0.9393*	0.81805**
80	((M7xV524) x M7)-10	0.09938	0.12237	-0.72253*	-0.30583
82	((M7xV524) x M7)-15	-0.97179*	0.02037	1.19355**	0.35892
83	((M7xV524) x M7)-17	-0.12096	-2.06146**	0.28122	-0.405
84	((M7xV524) x M7)-7	1.61671**	0.62354	0.98988*	1.055**

\*\*=altamente significativo 0.01 de probabilidad, \*=significante 0.05 de probabilidad.

El Cuadro 4.3 muestra en un análisis rápido que los cruzamientos de las líneas con todos los probadores las que tuvieron las mejor ACG fueron: las líneas 72,15, 84, 24, 14 y 25 en ese orden decreciente, y las líneas de menor ACG fueron 4, 34, 32, 36, 11, 49 y 30.

En lo referente a los grupos formados entre probadores sin interacción cruzada se calculo la ACG para el primer grupo en donde se encuentra el probador 1 las líneas que presentaron una mejor ACG fueron 72, 15, 84, 24, 8, 56, 67 y 25 y las que presentaron para este grupo una ACG menor negativa fueron 4, 49, 16, 36, 57, 82, 34 y 53; Coincidiendo con cinco de las seis identificadas con el promedio de probadores, es decir este probador logra una excelente clasificación lo que lo hace candidato a ser un buen probador.

Al respecto, Preciado *et al.* (2005) señalaron que al detectarse efectos mayores de la aptitud combinatoria general, es factible explotar la proporción aditiva de la varianza genética disponible mediante cualquier variante de la selección recurrente.

Para el segundo grupo en el que se encuentra el probador 4 las mejores líneas fueron 72, 16, 15, 53, 14, 11 y 79, las peores líneas fueron, 4, 32, 83, 67, 30, 25, 36 y 34; coincidiendo sólo con dos de la clasificación obtenida con el promedio de los cuatro probadores, lo que indica que este probador discrepa grandemente con el promedio y por tanto no debe ser considerado; es decir este probador muestra una clasificación deficiente lo que nos permite eliminarlo como probador pero hay la posibilidad que sea un buen progenitor al tener efectos altos de ACG lo que dificulta la selección correcta de líneas, ya que enmascara los atributos de las líneas.

En el tercer grupo donde se encuentran los probadores 2 y 3 las líneas que fueron mejores mostrando una buena ACG fueron 72, 25, 82, 24, 84, 79, 57; y las de menor fueron 4, 11, 34, 53 y 80 coincidiendo solo con cuatro de las seis

líneas identificadas con el promedio de los probadores es decir que ambos probadores al ser parte del mismo grupo dificultan la elección del mejor probador, lo indicado sería elegir uno de los dos eligiendo el probador 3 ya que tiene mayor poder de discriminación por el tamaño de vector que tiene, esto para considerarlo en implementaciones futuras dentro de un programa de mejoramiento.

En resumen, bajo este enfoque el probador más eficiente es el 1 y en cuanto a las coincidencias que hay entre los grupos de probadores la línea que mejor ACG presento, fue la 72 ((M22xE-197) x M22)-20), que es la que tiene una buena combinación con todos los probadores, pero también las líneas 82, 24, 25, 79 y 15 tienen buena ACG con la mayoría de ellos y a su vez son recomendables para su empleo práctico como progenitores de híbridos.

Una vez obtenidos los resultados de las mejores líneas considerando su aptitud combinatoria general dentro de cada grupo de probadores se dispuso a realizar un estudio más a fondo de probadores y con esto determinar cuál de ellos es el mejor discriminador y cual se puede utilizar como buen progenitor de híbridos para cumplir con nuestro tercer objetivo.

### **Selección de probadores considerando su aptitud combinatoria general (ACG)**

Con los resultados anteriores se calcularon las ACG de los cuatro probadores con cada una de las variables que son: roya, altura de mazorca, altura de planta, acame de raíz, humedad y rendimiento, los cuales se muestran en el Cuadro 4.4. Esto para saber cuál de ellos se puede utilizar como progenitor en la formación de híbridos y cuál es el que presenta la mayor discriminación para ser utilizado propiamente como probador en la selección de líneas.

**Cuadro 4.4** Aptitud combinatoria general de probadores para cada una de las variables utilizadas.

ACG DE PROBADORES							
probador	GENEALOGÍA	ROYA	ALTM	ALPLAA	ACR (%)	HUMEDAD	REND
1	(MLS4-1 x PE-115-3)	-0.10119	0.26488*	0.49405**	13.5386**	-0.01503	-0.17483
2	(LBCPC4S4 x PE-115-3)	-0.50595**	0.09226**	-0.3869*	2.3404	-0.01741	0.71879**
3	MLS4-1	0.52976**	0.93155	0.57143**	7.4115**	0.1433*	0.58778**
4	Línea C	0.07738	1.10417**	0.67857**	23.2905**	-0.11086	0.30584*

\*\*=altamente significativo 0.01 de probabilidad,\* =significante 0.05 de probabilidad, FV= fuentes de variación, GL= grados de libertad, roya, altura de mazorca (ALTM), altura de planta (ALPLAA), por ciento de acame de raíz (% ACR), humedad de grano (HUMEDAD), rendimiento (REND).

Para la variable roya se determinó que el probador que puede ser usado como progenitor es el 3, ya que tienen diferencias altamente significativas y positivas ( $P \leq 0.01$ ), con respecto a otro uso, el probador que puede ser utilizado como discriminador de las líneas será el 2, ya que este puede sacar los atributos buenos y malos de las líneas bajo prueba.

Con respecto a altura de mazorca el probador que puede ser utilizado como progenitor es el 4, ya que tiene diferencias altamente significativas y negativas ( $P \leq 0.01$ ), lo cual favorece a bajar la altura de la mazorca, por otro lado el probador 1 se puede utilizar como buen discriminador ya que presenta diferencias significativas y positivas ( $P \leq 0.05$ ), puede sacar atributos buenos y malos de las líneas a prueba para esta característica.

Para la variable altura de planta, el probador que se puede utilizar como progenitor es el 4, con diferencias altamente significativas y negativas ( $P \leq 0.01$ ), dando como resultado que se reduzca la altura al momento de formar nuevos individuos, por su parte el probador que puede ser utilizado como buen

discriminador es el 3 con diferencias altamente significativa y positivas ( $P \leq 0.01$ ) obteniendo atributos buenos y malos al cruzarlo con las líneas experimentales.

En el acame de raíz, el probador 4 se puede utilizar como progenitor, ya que presentó diferencias altamente significativas y negativas ( $P \leq 0.01$ ) el cual favorece la disminución del acame de raíz al formar nuevos individuos, y otro probador que presentó diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ), como buen discriminador de líneas fue el 1, ya que este puede sacar los atributos buenos y malos de las líneas a prueba.

En la variable de humedad no hubo diferencias significativas para alguno de los probadores y no se puede recomendar un buen progenitor, pero como buen discriminador de líneas fue el probador 3 al tener diferencias significativas y negativas ( $P \leq 0.05$ ) obteniendo atributos buenos y malos al cruzarlo con las líneas bajo prueba.

Para rendimiento, el probador que se puede utilizar como progenitor es el 3 ya que tiene diferencias altamente significativas y positivas ( $P \leq 0.01$ ), ya que puede aportar en rendimiento  $0.59 \text{ t ha}^{-1}$  por arriba de la media de rendimiento esperado en sus cruzas, por otro lado el probador 2 se puede utilizar como buen discriminador ya que este puede sacar los atributos buenos y malos de las líneas utilizadas en este experimento.

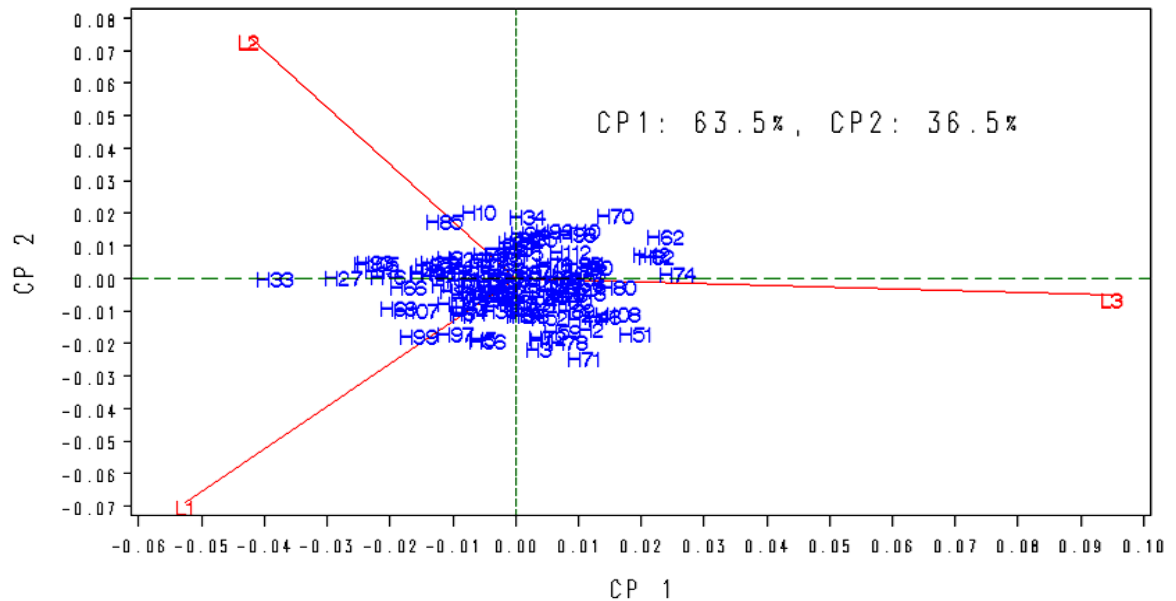
En resumen, el probador que tuvo un buen comportamiento como progenitor fue el 4 ya que tiene efectos aditivos de ACG altamente significativos y favorables para las variables altura de mazorca, altura de planta, acame de raíz y rendimiento y si bien en las otras variables no tiene significancia conserva valores con buen comportamiento en ACG; el mejor probador como discriminador fue el probador 1 demostrando comportamientos de ACG desfavorables indicando que deja que se expresen mas las líneas cuando se combinan con este, sin enmascarar los efectos de las líneas bajo prueba.

Resultados muy similares a lo que obtiene Lobato *et al.* (2010) donde menciona se obtiene que el probador de menor ACG es aquel que menos influye en el rendimiento de sus mestizos y permite que las líneas manifiesten su efecto. Por el contrario, el probador que mayor efecto de ACG enmascara más el efecto de las líneas.

Una vez conocido los efectos de ACG de líneas y probadores y seleccionado los genotipos superiores, fue necesaria la complementación de la selección con la exploración de la interacción de los híbridos con el medio ambiente en base a rendimiento mediante el modelo estadístico AMMI utilizando para su elaboración la media de rendimiento de las dos repeticiones del híbrido en cada localidad.

### **Clasificación de 112 híbridos evaluados en tres localidades mediante el modelo de interacción multiplicativo y efectos principales aditivos (AMMI)**

En la evaluación interacción genotipo ambiente se hizo uso de un modelo AMMI (Figura 4.2) con la finalidad de observar el comportamiento de los híbridos con los tres ambientes de evaluación detectando individuos que tengan una buena estabilidad a través de ellos, a su vez reconocer si hay interacción cruzada o no entre los ambientes en cuestión para atender una parte del cuarto objetivo mencionado.



**Figura 4.2** Biplot AMMI de 112 híbridos experimentales en tres localidades CP1= componente principal 1, CP2= componente principal 2, L1= Guasave, L2= Mochis, L3= Navolato, H= híbridos.

Los tres ambientes que se utilizaron dentro del experimento presentaron interacción cruzada, pues cada localidad entre sí forma un ángulo mayor de 90° donde cada uno formó un mega- ambiente, esto nos sirve para saber que los ambientes son diferentes y no se puede seleccionar híbridos en base al promedio de los ambientes, pero si dentro de cada ambiente.

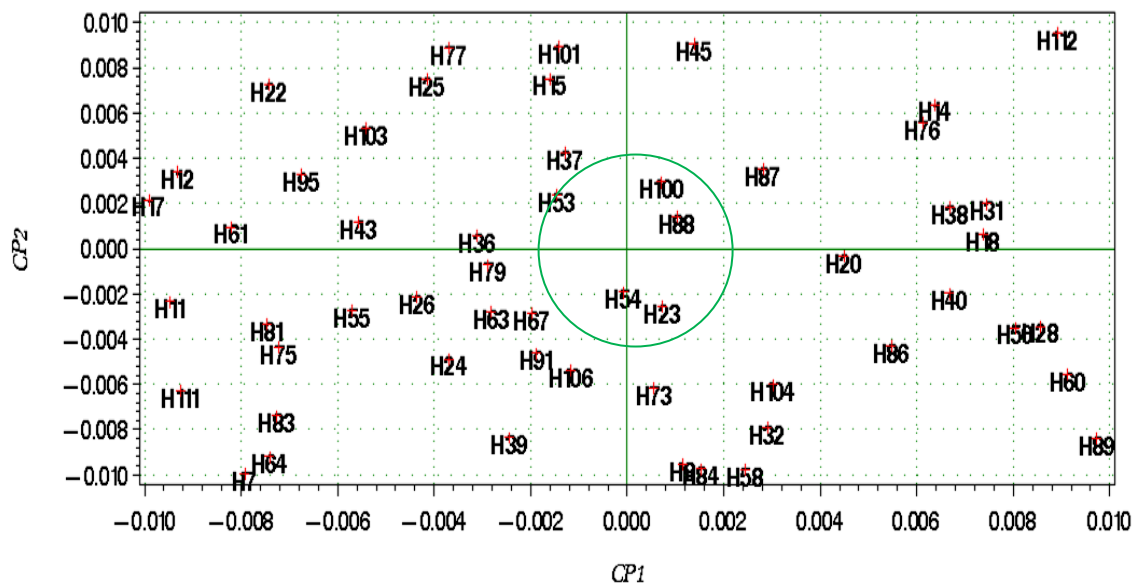
En este grafico también se puede apreciar cual de los 112 híbridos tuvo la mejor asociación con cada uno de los ambientes. Para el ambiente o localidad 1 (Guasave), el híbrido que tuvo la mejor asociación a la localidad con relación a los otros evaluados fue el híbrido 99; dentro del ambiente 2 (LosMochis), el híbrido que tuvo la mejor asociación fue el 85; En el ambiente 3 (Navolato), el híbrido que tuvo la mejor asociación con esta localidad fue el 74.

Por otro lado, con el objetivo de identificar al ambiente que presenta mayor poder de discriminación teniendo en cuenta que tiene el vector más largo, fue el

ambiente 3, obteniendo resultados similares a los que observa Palemon *et al.* 2011.

Se realizó una proyección de la parte más cercana al origen del gráfico, pudiéndose apreciar en la Figura 4.2A. Para tener una visión más clara de los híbridos que están más cercanos al origen, esto para que demostrar cuál de los híbridos presenta mayor estabilidad en los tres ambientes. El análisis de genotipos y ambientes obtienen parámetros resultantes de AMMI, que ayudan a describir el comportamiento de los genotipos. Los genotipos cerca del origen muestran poca interacción, mientras que los genotipos distantes de ella representan los genotipos más interactivos (Reza *et al.* 2007).

Con relación a este análisis (Figura 4.2A) se determinó que los híbridos más estables fueron el 54 en primer lugar seguido del 88, 100, 53 y 23 en ese orden, ya que estos son los que conservan los mejores atributos dentro de las tres localidades, sobre todo mostrando una buena estabilidad para rendimiento dentro de los ambientes de evaluación.



**Figura 4.2A** Proyección de la figura 4.2, donde se aprecian los híbridos más estables a través de las tres localidades.



Una vez obtenidos los resultados de los análisis de varianza combinado y línea por probador se detectó estadísticamente diferencias para las variables analizadas dentro de líneas, pero la selección de manera individual para cada variable es complicada por lo que se requiere utilizar índices de selección básico modificado construido con valores genotípicos de ACG en lugar de emplear valores fenotípicos obteniendo valores al merito arrojados por el índice de selección.

### **Selección de líneas asistida por un IS básico modificado**

Para la selección de líneas con mayor potencial de una forma eficiente se emplearon valores de ACG para la construcción de un índice de selección en base a una meta deseada para cada una de las variables utilizadas, las cuales fueron roya, acame de raíz y rendimiento, con el fin de hacer más eficiente la selección de líneas sobresalientes.

En el Cuadro 4.5 se muestran los valores de IS de las tres mejores líneas superiores al resto, las cuales exhibieron resultados menores al valor crítico de la media menos 1.2 desviaciones estandar que es el 34.1 por ciento de la población, se intento utilizar el valor critico de la media menos dos desviaciones estandar que es el 5 por ciento de la población pero ninguno de los individuos se encontraba bajo el valor obtenido, esto para identificar que son individuos superiores estadísticamente diferentes a los demás, cabe mencionar que los individuos con un índice de selección más cercano a cero serán los mejores. Lo que da como resultado que las líneas muestren una mayor respuesta a la selección.

**Cuadro 4.5** Líneas seleccionadas en base a valores IS obtenidos con datos de ACG para las variables roya, acame de raíz y rendimiento.

LUGAR	LÍNEAS	ROYA	ALM	ALPAA	ACR	HUM	REND	IS
1°	24	0.53571**	0.02679	-1.15476**	-17.6887**	0.4814	0.88846**	4.7327
2°	72	0.32738*	0.15179	0.7619*	-8.3894*	0.23557	1.97455**	4.8441
3°	15	0.82738**	0.81845*	1.2619**	-3.371	-0.22277	1.12496**	5.0513

\*\*=altamente significativo 0.01 de probabilidad,\* =significante 0.05 de probabilidad, FV= fuentes de variación, GL= grados de libertad, roya, altura de mazorca (ALTM), altura de planta (ALPLAA), por ciento de acame de raíz (% ACR), humedad de grano, rendimiento (REND), índice de selección (IS).

Barreto *et al.* (1991) mencionan que el valor del índice más bajo representa el genotipo que contiene las características que el mejorador está buscando o que se acerca mucho a este. Por lo contrario, mientras más grande sea el valor del índice de selección, significa que el genotipo es todo lo contrario de lo que estamos buscando

Con base a los resultados obtenidos en el Cuadro 4.5 la línea 24 muestra el mejor valor al merito del IS, presentando un comportamiento favorable para rendimiento contribuyendo con 0.88846 t ha<sup>-1</sup> por arriba de la media en cada cruzamiento, además presentó diferencias altamente significantes ( $P \leq 0.01$ ) teniendo efectos genéticos diferentes de cero favorables para la variable roya, y efectos menores a cero y favorables en altura de planta y acame de raíz , indicando con esto que quizá no será la línea que tenga el mejor rendimiento, pero conserva buenos atributos que se pueden usar al mejorar líneas rendidoras que tengan algún problema en estas variables, además cabe mencionar que esta línea da lugar al segundo mejor híbrido.

Posteriormente, la línea 72 además de poseer el segundo mejor IS mostró un comportamiento genético favorable para la variable rendimiento aportando un 1.97455 t ha<sup>-1</sup> por arriba de la media, siendo esta la que aporta mayor rendimiento en cada cruzamiento, también presentó efectos estadísticamente significativos ( $P \leq 0.05$ ) diferentes a cero y favorables para la variable roya y

acame de raíz favoreciendo a la disminución de estos efectos en sus cruzamientos, en la variable altura de planta presentó diferencias significativas ( $P \leq 0.05$ ) con valores diferentes de cero y no favorables, ya que se derivaran descendientes con mucha altura, pero si se le da otro uso se podría utilizar como productor de forraje para engorda de ganado, sin embargo para humedad presenta valores genéticos no favorables que indica que es un material tardío que también se traduce a que el rendimiento sea un poco más elevado siendo esta línea la que da origen al mejor híbrido de este estudio.

Posteriormente la línea 15 muestra un aceptable valor al mérito del IS, en forma más desglosada se destaca que aporta en promedio a sus descendientes  $1.12496 \text{ t ha}^{-1}$  por arriba de la media de rendimiento esperado en sus cruza, mientras en la variable roya, acame de raíz y humedad presentó efectos genéticos favorables, ya que para la variable de humedad indica que es un material precoz y con buen rendimiento, también se puede decir que es una muy buena línea pues en las variables altura de mazorca y altura de planta presentó respectivamente valores significativos ( $P \leq 0.05$ ) y altamente significativos ( $P \leq 0.01$ ) diferentes de cero y no favorables debido a que al cruzarse forma materiales con mucha altura.

Una vez obtenido el índice de selección de cada una de las líneas e identificado cuáles son las más sobresalientes se dispuso a complementar el cuarto objetivo utilizando índices de selección para la identificación de híbridos superiores y confirmar si las líneas seleccionadas influyen en la formación de estos.

### **Análisis de varianza de 112 híbridos simples utilizando índices de selección**

Con los resultados del valor del índice de selección construido con los valores fenotípicos de las variables roya, acamé de raíz y rendimiento para cada uno de

los híbridos y estimado por repetición dentro de cada localidad fue posible modelar la variable de respuesta IS para realizar un análisis de varianza y así poder contrastar la hipótesis de que hay diferencia entre los valores de IS para los híbridos, para el efecto de localidades y su interacción, los resultados se resumen en el Cuadro 4.6

**Cuadro 4.6** Análisis de varianza de 112 híbridos experimentales utilizando como variable de respuesta índices de selección (IS).

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>VALOR F</b>	<b>PR &gt; F</b>	<b>%CONTRIBUCION</b>
<b>Loc</b>	2	243.161484	121.580742	26	<.0001**	2.64
<b>Rep(Loc)</b>	3	120.805627	40.268542	8.61	<.0001**	1.31
<b>Hib</b>	111	5283.76531	47.601489	10.18	<.0001**	57.42
<b>Loc*Hib</b>	222	1997.14934	8.996168	1.92	<.0001**	21.70
<b>Error</b>	333	1556.9462	4.675514			16.92
<b>Total</b>	671	9201.82796				
<b>Media</b>	10.95856					
<b>Valor max IS</b>	19.346					
<b>Valor min IS</b>	3.743					
<b>Desvest</b>	2.16					

\*\*=altamente significativo 0.01 de probabilidad,\* =significante 0.05 de probabilidad

En la fuente de variación localidades se puede observar que hubo diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ), lo cual indica que las localidades en estudio son diferentes, esto puede atribuirse al clima, condiciones edafológicas, manejo agronómico, etc. A su vez también se calculó el porcentaje de contribución a la varianza total, el cual fue de 2.64 por ciento.

En la fuente de variación repeticiones dentro de localidades se encontraron diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ), lo que significa que las repeticiones no se comportan de manera similar dentro de las localidades, el

diseño fue eficiente porque detectó la fuente del error y fue posible quitarlo al efecto de la fuente de variación a los híbridos, aportando a la varianza total una contribución de 1.31 por ciento.

En la fuente de variación de híbridos hubo diferencias altamente significativas para la variable de respuesta (IS) ( $P \leq 0.01$ ), lo que indica que entre los híbridos al menos uno posee valores de IS superior al resto, lo cual es favorable, ya que lo que se busca es variabilidad para poder hacer una buena selección. En lo que respecta al porcentaje de contribución de los híbridos a este experimento es de un 57.42 por ciento a la varianza total asumiendo que esta contribución es mayor a la detectada en el análisis de varianza combinado para cualquier característica, ya que los IS utilizan valores genotípicos, al quitar el efecto ambiental de estos valores es posible realizar la selección en atributos heredables, lo que contribuirá a una mayor ganancia y mejor respuesta a la selección; por lo tanto, la contribución de híbridos es mayor en este análisis resultado del uso de valores genéticos y no fenotípicos.

En la fuente de variación híbridos por localidad se encontraron diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ) lo que dio como resultado un comportamiento diferente de los híbridos, pues estos fueron afectados por los ambientes. Lo que pudo ser atribuido a que las variables involucradas en los índices de selección fueran más afectadas en una localidad que en otra, por lo cual presentaron valores diferentes en los IS. El porcentaje de contribución a la varianza total es de 21.7 por ciento lo cual es un valor muy importante y debe ser explorada, para esto se utilizara el programa SREG.

### **Selección de híbridos con base en los valores de IS**

El Cuadro 4.7 presenta los híbridos estadísticamente superiores al resto con valores de IS menores al valor crítico de la media menos dos desviaciones estándar para seleccionar individuos que se encuentren por debajo del valor

obtenido, siendo estos superiores al 0.05 de probabilidad, lo que es el 5 por ciento de la población.

**Cuadro 4.7** Híbridos estadísticamente superiores de acuerdo a la metodología de Índices de Selección (IS) acompañado de sus valores fenotípicos y la media del IS.

LUGAR	HÍBRIDO	GENEALOGIA LIN*PROB	ROYA	ALTM	ALPLAA	ACR	HUM	REND	VALOR PROMEDIO DEL IS	AGRUPACION TUKEY
1°	88	((M22xE-197) x M22)-20*Línea C	6.33	13.17	29.00	13.28	19.18	11.09	3.743	Y
2°	39	(M7 x 43-46-2-3- 2)-9*MLS4-1	6.67	15.00	29.33	14.88	20.48	10.36	4.449	XY
3°	20	(M35 x 351-296- 1-6-A)-2*Línea C	6.00	13.50	27.83	19.36	18.80	9.75	5.858	WXY
4°	32	(M42 x E-195-3)- 12*Línea C	5.67	13.83	28.50	7.21	19.02	10.06	6.058	VWXY
<b>Media</b>		10.95856								
<b>Valor max IS</b>		19.346								
<b>Valor min IS</b>		3.743								

Altura de mazorca = ALTM, altura de planta = ALPLAA, por ciento acame de raíz = ACR, humedad de grano = HUM, rendimiento = (REND), índice de selección (IS).

El mejor híbrido experimental fue el 88 y es el resultado del cruzamiento de la línea 72 y el probador 4 (((M22xE-197) x M22)-20\*Línea C), este híbrido presentó el mejor valor de IS y más cercano a cero, además presentó en las variables de roya, altura de mazorca, humedad y rendimiento valores de ACE favorables (Apéndice A.2) obteniendo individuos sanos, con altura de mazorca buena, precoces y rendidores como muestran sus valores fenotípicos.

En la selección de las líneas, la 72 ((M22xE-197) x M22-20) fue una de las que mejor ACG presentó al igual que el probador 4 (Línea C) y se determinó que se podían utilizar como progenitores aunque en un programa de mejoramiento no es conveniente que los dos progenitores de un híbrido exhiban favorables efectos de ACG pues se corre el riesgo de que pueda ser utilizado para la

derivación de líneas, las cuales pueden ser iguales o mejores a este; este enfoque es desde el punto de vista de una institución de lucro, pero desde la perspectiva de una institución pública sin fines de lucro si se puede liberar el híbrido.

Posteriormente, esta el híbrido 39 resultado de la cruce de la línea 24 con el probador 3 ((M7 x 43-46-2-3-2)-9\*MLS4-1), con un valor al merito de índice de selección de 4.449 ubicándose en el segundo puesto y de igual manera que el híbrido anterior forma parte del grupo estadísticamente superior. Este híbrido muestra valores de ACE favorables en las variables de roya, altura de mazorca, altura de planta, acame de raíz y rendimiento, como sus valores fenotípicos indican el resultado es un híbrido sano con mazorca en altura media que no se acama y quizá un poco tardío pero rendidor con un estimado de 10.36 t ha<sup>-1</sup>, que se puede utilizar para forraje; teniendo en cuenta que la línea 24 (M7 x 43-46-2-3-2)-9) fue una de las que mejor comportamiento de ACG presentó y además obtuvo un IS sobresaliente, pero el probador 3 no tuvo efectos muy buenos en ACG.

Potencialmente le sigue el híbrido 20 resultado de la cruce de la línea 11 con el probador 4 ((M35 x 351-296-1-6-A)-2\*Línea C) con un rendimiento de 9.75 t ha<sup>-1</sup> ubicándose de igual manera que los híbridos anteriores dentro del grupo estadísticamente superior. Este híbrido tiene valores ACE favorables para roya y rendimiento, esto lo hace un híbrido rendidor y sano para la característica de roya, cabe mencionar que es el que mayor valor de ACE en rendimiento presenta con un valor de 1.82654 t ha<sup>-1</sup> lo que coincide parcialmente con lo reportado por Reyes *et al.* (2004) una cruce será de alto rendimiento si sus dos líneas progenitoras son de alta ACG o si el efecto de ACE es alto y al menos uno de sus progenitores es de alta ACG.

Posteriormente se encuentra el híbrido 32 resultado del cruce de la línea 15 por el probador 4 ((M42 x E-195-3)-12\*Línea C) con un rendimiento estimado de

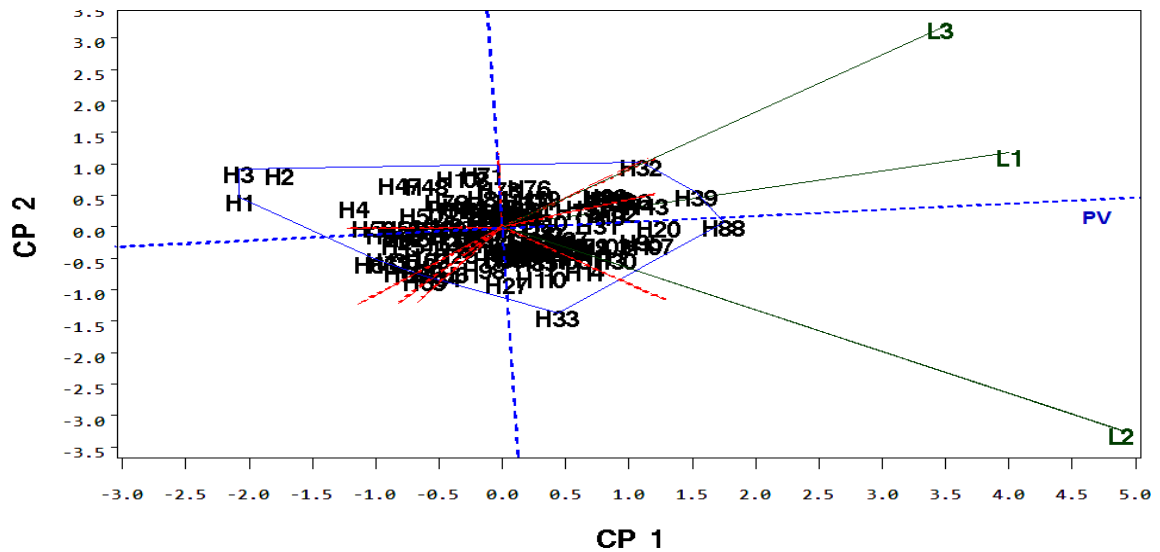
10.06  $\text{tha}^{-1}$  ubicándose de igual manera que los híbridos anteriores dentro del grupo estadísticamente superior, en cuanto a las variables evaluadas presentó efectos de ACE favorables para roya, altura de mazorca, altura de planta, acame de raíz y rendimiento, lo que lo clasifica como un híbrido sano con alturas ideales sin acame de raíz y rendidor como lo indican sus valores fenotípicos, en la variable humedad tuvo valores de ACE diferentes de cero no favorables, pero esta diferencia no es muy elevada. Comparado con los otros híbridos este quizá no fue el que obtuvo el mejor índice de selección pero es el que mejores atributos muestra, así que es posible seleccionarlo para liberarlo como híbrido comercial. Atendiendo los resultados de la significancia detectada para la interacción genotipo por localidad para la variable de respuesta índice de selección se procedió a tratar de explorar este comportamiento, por híbrido, auxiliándose del modelo regresión en los sitios (SREG por sus siglas en Ingles) y determinar cuál de estos presenta mayor respuesta por ambiente así como detectar el que exhibe mayor estabilidad, ya que existe poca diferencia entre las medias del índice de los híbridos.

### **Selección de híbridos para rendimiento por medio del modelo SREG**

Mediante los valores IS por localidad se realizó un análisis del comportamiento que tienen los 112 híbridos experimentales a través de las localidades mediante el modelo de regresión de los sitios SREG o grafico GGE, para realizarlo se obtuvo la media del IS de las repeticiones de cada una de las localidades.

Este modelo permitirá identificar el genotipo que tiene mejor comportamiento en cada ambiente específico, cual es la localidad que tiene mayor poder de discriminación, así como el genotipo más estable utilizando un probador virtual.





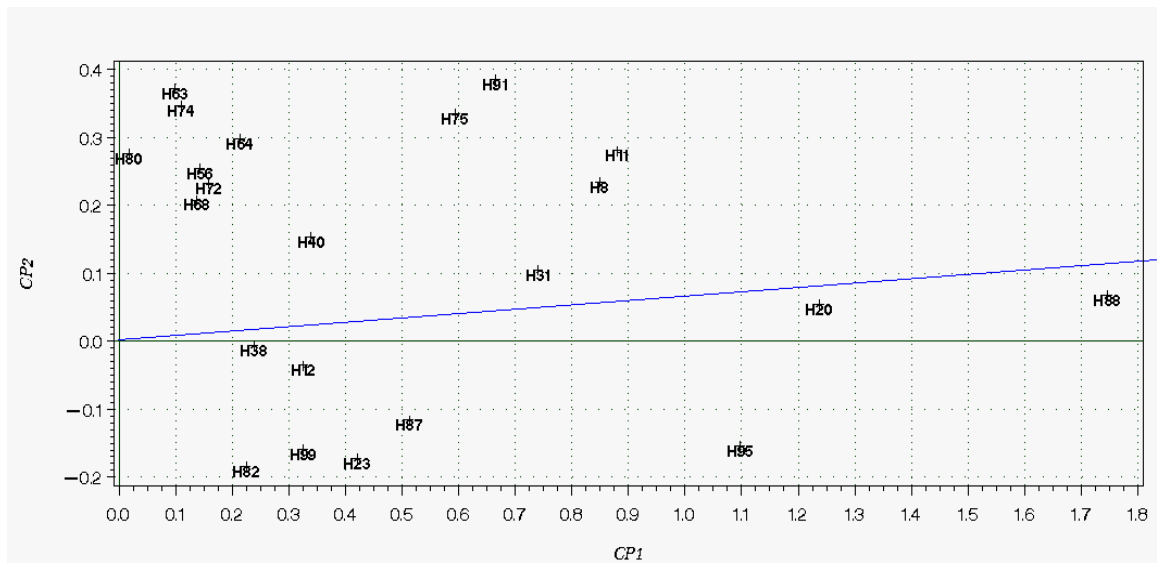
**Figura 4.3** grafico GGE Biplot patrón de respuesta de 112 híbridos experimentales a través de tres localidades de evaluación. Localidad 1=Guasave, localidad 2= Mochis, localidad 3= Navolato, PV =probador virtual.

En la Figura 4.3 se muestra el GGE biplot cuyos resultados indican que en relación a las localidades 1 y 2 representados por Guasave y Mochis se puede decir que estas localidades se encuentran en el mismo sector formando un mega-ambiente, debido a su proximidad guardan mucha relación entre sí clasificando de forma similar los individuos, lo que sugiere que las localidades realizan el mismo trabajo y por lo tanto para evaluaciones futuras puede ser eliminado aquel que discrimine menos, en este caso es la localidad 1 pues presenta el vector más pequeño, como lo indica Yan *et al.* (2007) Ambientes de prueba con vectores largos son los más discriminativos de los genotipos, si los marcadores de los ambientes de prueba se ubican cerca del origen del biplot. De acuerdo con lo citado anteriormente el ambiente que mejor poder de discriminación presenta es Los Mochis, ya que su vector es de mayor longitud comparado con las longitudes de los vectores de Guasave y Navolato. La localidad 3 (Navolato) al ubicarse dentro de un sector diferente forma parte de otro mega-ambiente, por lo tanto clasifica de forma diferente los genotipos, resultados similares obtenidos por, RL Oliveira *et al.* (2010).

En la Figura 4.3 se muestran los mejores híbridos adaptados para cada una de las localidades, para la localidad 1 (Guasave) fueron el híbrido 39 ((M7 x 43-46-2-3-2)-9\*MLS4-1) y el 43 ((M13xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1)-13\*MLS4-1), para la localidad 2 (Los Mochis) fue el 30 ((M42 x E-195-3)-12\* (LBCPC4S4 x PE-115-3)) y para la localidad 3 (Navolato) fue el 32 ((M42 x E-195-3)-12\*Línea C).

Se realizó una proyección de la parte del grafico donde se encuentran los híbridos más estables, esto para corroborar que los híbridos señalados anteriormente son los que se encuentran más cercanos al probador virtual y que presentan una relación directa con la estabilidad.

En la Figura 4.4 se muestra un probador virtual que es resultado de la media de las tres localidades para el componente 1 y 2 donde se muestran los híbridos que presentan una mejor estabilidad dentro de las tres localidades, en este caso fue el híbrido 88 resultado del cruce de la línea 72 con el probador 4 ((M22xE-197) x M22)-20\*Línea C) y el híbrido 20 resultado del cruce de la línea 11 con el probador 4 ((M35 x 351-296-1-6-A)-2\*Línea C).



**Figura 4.4** Proyección de la figura 4.3 donde se pueden apreciar los híbridos más cercanos al probador virtual y más estables.

## V. CONCLUSIONES

- El análisis de varianza permitió detectar si había variabilidad en las fuentes de variación localidades, repeticiones, líneas, probadores y la interacción línea por probador, al detectar que si se encontraba variabilidad permitió continuar con los demás análisis correspondientes a este experimento.
- El uso de un IS básico modificado permitió identificar tres líneas superiores siendo 15 ((M42 x E-195-3)-12), 24 ((M7 x 43-46-2-3-2)-9) y 72 ((M22xE-197) x M22)-20).
- Con la ayuda de los efectos de ACG, de acuerdo a los estudios hechos el probador 4, mostró efectos favorables de ACG, lo cual indica que puede ser utilizado como progenitor de híbridos. Mientras que el probador 1 mostró una excelente capacidad de discriminar entre líneas al mostrar efectos desfavorables de ACG para las variables de interés.
- El uso de un índice de selección básico permitió identificar los siguientes híbridos como superiores: 88 ((M22xE-197) x M22)-20\*Línea C), 39 ((M7 x 43-46-2-3-2)-9\*MLS4-1), 20 (M35 x 351-296-1-6-A)-2\*Línea C) y 32 ((M42 x E-195-3)-12\*Línea C)); así con la ayuda del modelo SREG se determinó que los híbridos 88 ((M22xE-197) x M22)-20\*Línea C) y 20 (M35 x 351-296-1-6-A)-2\*Línea C) siendo los más estables a través de los tres ambientes.

## VI. RESUMEN

En un programa de mejoramiento genético el proceso de selección es sumamente importante, debido a esto hoy en día se sugiere utilizar nuevas y mejores, herramientas así como técnicas que nos ayuden en este proceso. El presente trabajo evaluó el comportamiento de 112 híbridos experimentales del IMM del programa de bajío formados a partir de 28 líneas y 4 probadores de amplia base genética, evaluados en tres localidades de la zona costera del estado de Sinaloa durante el año 2009. Es importante tomar en cuenta el potencial de rendimiento y estabilidad en múltiples ambientes, con esta finalidad los objetivos principales fueron: detectar la variación existente entre los híbridos experimentales formados y entre los ambientes de evaluación, el uso de un índice de selección básico modificado (IS) para identificar las mejores líneas empleando valores de aptitud combinatoria general (ACG) e híbridos sobresalientes en función de su índice de selección, con base a los efectos de ACG de probadores estimar cual tiene mayor poder de discriminación por variable y cual puede ser empleado como progenitor de nuevos híbridos, el uso de modelos multivariados (AMMI, SREG) como auxiliares en la identificación de los ambientes que tiene mayor poder de discriminación e identificación de los híbridos más estables, precoces y rendidores. Para el desarrollo de esta investigación se midieron las siguientes variables, Roya, Altura de planta, Altura de mazorca, Acame de raíz, Humedad y Rendimiento, con los cuales se realizaron el análisis de varianza combinado complementado con el modelo línea por probador. Los resultados indicaron diferencias ( $P \leq 0.001$ ) para localidades, híbridos (que a su vez fue desglosado en líneas, probadores y su interacción línea por probador) y la interacción híbridos por localidad. Por otra parte se utilizaron los valores de los efectos de ACG de probadores para

determinar que el probador 1 es el mejor discriminador y el probador 4 se puede utilizar como progenitor para poder reconocer se hizo uso del modelo multivariado AMMI la agrupación y formación de grupos heteróticos de las líneas dentro de cada probador, el uso de la metodología de índices de selección utilizando un básico modificado para la selección de líneas permitió la identificación de las líneas 24, 72 y 15, y para la selección de híbridos el IS básico, permitió la detección de los híbridos 88, 39, 20 y 32. En cuanto estabilidad de los ambientes, el modelo AMMI determinó que cada una de las tres localidades formo un mega-ambiente, siendo la localidad 3 aquella con mayor poder de discriminación, dentro de la localidad 1 el híbrido 99 presentó la mejor asociación, en la localidad 2 fue el híbrido 85 y en el ambiente 3 el híbrido 74, el híbrido 54 fue el que presentó la mejor estabilidad de rendimiento dentro de las 3 localidades; con base en el valor al merito de los índices de selección que cada híbrido exhibió por ambiente, el modelo de regresión de sitios SREG permitió identificar dos mega-ambientes, el primero formado por la localidad 1 y 2, el segundo formado por la localidad 3, en donde la localidad 2 tuvo mayor poder de discriminación; lo híbridos más adaptados dentro de cada localidad fueron: para la localidad 1 los híbridos 39 y 43, para la localidad 2 fue el 30 y para la localidad 3 el 32. El probador virtual permitió identificar como híbridos con buena estabilidad y rendimiento dentro de las tres localidades al hibrido 88 seguido del hibrido 20.

Palabras clave: ACG, ACE, línea x probador, AMMI, SREG, Índices de selección.

## VII. LITERATURA CITADA

- A. K. Mukherjee, N. K. Mohapatra, L. K. Bose, N. N. Jambhulkar, P. Nayak 2013.** Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis of GxE interactions in rice-blast pathosystem to identify stable resistant genotypes. African Journal of Agricultural Research: 5092-5507. Disponible en <http://www.academicjournals.org/article/article1385039459> Mukherjee por ciento20et por ciento20al.pdf.
- Alejos G, P. Monasterio y R. Rea. 2006.** Análisis de la interacción genotipo-ambiente para rendimiento de maíz en la región maicera del Estado Yaracuy, Venezuela. Agronomía Tropical. 56(3):369-384.
- Antuna, GO; Rincón, SF; Gutiérrez, RE; Ruiz, TNA; Bustamante, GL. 2003.** Componentes genéticos de caracteres agronómicos y de calidad fisiológica de semillas en líneas de maíz. Rev. Fitotec. Mex. Vol. 26(1):11-17.
- Arellano V J L, J Virgen V, I Rojas M, M A Avila P (2011).** H-70: Híbrido de maíz de alto rendimiento para temporal y riego del Altiplano Central de México. Rev. Mex. Cien. Agríc. 2: 619-626. Disponible en: [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2007-09342011000400015](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-09342011000400015)
- Balzarini, M., C. Bruno & A. Arroyo (2005).** Análisis de ensayos agrícolas multi-ambientales: Ejemplos con Info-Gen. Fac. de Cs. Agropec. U.N.C., Argentina, 141 p.
- Barreto H.J., Bolaños J.A., Córdova H.S. 1991.** Índice de Selección. Guía para la Operación del software. Manual de Capacitación Regional. CIMMYT. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Guatemala, Guatemala
- Blanche S. B. and G.O. Myers. 2006.** Identifying discriminating locations for cultivar selection in Louisiana. Crop science 46: 946-949.
- Bonamico N., J. Aiassa, M. Ibañez, M. Di Renzo, D. Díaz, J. Salerno. 2004.** Híbridos simples de maíz con marcador SSR. RIA, 33(2): 129-144. INTA Argentina
- Bujak, H; Kaczmarek, J; Jedynski, S; Dmochowska-Huba K; Adamczyk J; Kurczyk, Z. 2007.** Index Selection in Maize Breeding. Plant Genetic and Breeding 24 (94):58-65.

- Bulmaro Coutiño Estrada<sup>1</sup>, Víctor A. Vidal Martínez, Bertha Cruz Gómez y Carolina Cruz Vázquez 2010.** Aptitud combinatoria general y específica del contenido de azúcares en maíces criollos eloteros. *Rev. Fitotec. Mex.* Vol. 33 (Núm. Especial 4): 57 – 61.
- Chavanne, Ernesto R.; Ostengo, Santiago; García, María B. y Cuenya, María I. 2007.** Evaluación del comportamiento productivo de cultivares de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) a través de diferentes ambientes en Tucumán, aplicando la técnica estadística "GGE biplot". *Rev. ind. agríc. Tucumán*, vol.84, n.2, pp. 19-24. Disponible en: [http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1851-30182007000200003&lang=pt](http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1851-30182007000200003&lang=pt)
- Crossa, J.; Gauch Jr, H. G. and Zobel, R. W. 1990.** Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Sci.* 30(3):493–500.
- Daros, Maskio, Amaral Jr., Antonio Teixeira hacer, Pereira, Messias Gonzaga, Santos, Fabrício Santana, Gabriel, Ana Paula Cândido, Scapim, Carlos Alberto, Freitas Jr., Silvério de Paiva, y Silvério, Lucas. (2004).** La selección recurrente en las familias de palomitas de maíz endogámicas. *Scientia Agricola* , 61 (6), 609-614. Consultado el 07 de julio 2014, a partir [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0103-90162004000600008](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-90162004000600008)
- De la Cruz, L. E., Gutiérrez del R., E.; Palomo, G. A. y Rodríguez, H. S. 2003.** Aptitud combinatoria y heterosis de líneas de maíz en la Comarca Lagunera. *Rev. Fitotec. Mex.* 26:279–284.
- De León C. H. 2005.** Estudio y Clasificación de Grupos Germoplásmicos para la Constitución de Patrones Heteróticos en Maíz. Tesis Doctorado en Ciencias en Fitomejoramiento. Programa de Graduados "UAAAN".
- Fehr W R (1991)** Types of cultivars. Principles of cultivar development. Macmilan Publishing Company. pp:377–380.
- Fehr W R (1991)** Types of cultivars. Principles of cultivar development. Macmilan Publishing Company. pp:377–380.
- Ferreira, D.F., C.G.B. Demetrio, B.F.J. Manly, A.A. Machado and R. Vencovsky, 2006.** Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. *Cerne Lavras*, 12: 373-388. [Fecha de consulta: 4 de julio de 2014] Disponible en: <http://estudiosterritoriales.org/articulo.oa?id=74412409>
- Ferreira, D.F., C.G.B. Demetrio, B.F.J. Manly, A.A. Machado and R. Vencovsky, 2006.** Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. *Cerne Lavras*, 12: 373-388.

[Fecha de consulta: 4 de julio de 2014] Disponible en:  
<http://estudiosterritoriales.org/articulo.oa?id=74412409>

**Gauch, H. G. 2006.** Statistical analyses of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46:1488–1500.

**Gordón Mendoza Román, Franco Barrera Jorge, Camargo Buitrago Ismael, 2010.** Adaptabilidad y estabilidad de 20 variedades de maíz, panamá. *Agronomía mesoamericana* 21(1):11-20.

**Guillen-de la Cruz, P., Cruz-Lázaro, E. de la, Castañon-Najera, G., Osorio-Osorio, R., Brito-Manzano, N. P., Lozano-del Río, A., López-Noverola, Ulises 2009.** Aptitud combinatoria general y específica de germoplasma tropical de maíz Tropical and Subtropical Agroecosystems [en línea]. [Fecha de consulta: 24 de junio de 2014] disponible en:  
<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=93911243010>

**Hallauer A R, J B Miranda Fo (1981)** Quantitative Genetics in Maize Breeding. The Iowa State University Press. Ames, Iowa. pp:323–326.

**Kandus, M; Almorza, D; Boggio Ronceros, Ry Salerno, JC (2010).** Modelos estadísticos para la evaluación de la interacción genotipo-ambiente en el maíz (*Zea mays* L.). *Phyton* (B. Aires) [en línea]. vol.79, n.1 pp 39-46. [Citado 07/02/2014], Disponible en:  
[http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1851-56572010000100007&lng=es&nrm=iso](http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1851-56572010000100007&lng=es&nrm=iso)

**Lobato Ortiz, Ricardo, Molina Galán, José D., López Reynoso, José de J., Mejía Contreras, José A., & Reyes López, Delfino, 2010.** Criterios para elegir el mejor probador de la aptitud combinatoria general para rendimiento de grano de líneas autofecundadas de maíz. *Agrociencia*, 44(1), 17-30. [Fecha de consulta 25 de junio de 2014], disponible en:  
[http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1405-31952010000100002](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-31952010000100002)

**Lozano-del Rio, AJ, Zamora-Villa, VM, Ibarra-Jiménez, L, Rodríguez-Herrera, SA, de la Cruz-Lázaro, E, & de la Rosa-Ibarra, M. (2009).** Análisis de la interacción genotipo-ambiente mediante el modelo Ammi y potencial de producción de triticales forrajeros (X *Triticosecale* Wittm.). *Universidad y ciencia*, 25(1), 81-92. Recuperado en 05 de julio de 2014, de [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0186-29792009000100006&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0186-29792009000100006&lng=es&tlng=es).

**Montes V, Donicer, Vergara G, Oscar, & Prieto M, Esperanza. (2008).** Determinación de un índice de selección para el peso al nacer y al destete en ganado bovino de la raza Brahman. *Revista MVZ Córdoba*, 13(2), 1365-1368. Retrieved July 07, 2014, from [http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0122-02682008000200012&lng=en&tlng=es](http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0122-02682008000200012&lng=en&tlng=es)



**Nérída Escorcía-Gutiérrez, José D. Molina-Galán\*, Fernando Castillo-González y José A. Mejía-Contreras, 2010.** Rendimiento, heterosis y depresión endogámica de cruza simples de maíz. *Rev. fitotec. Mex.* 2010, vol.33, n.3, pp. 271-279.

**Norberto Carrizales Mejía, Hugo Córdova Orellana, José de Jesús Sánchez González, Salvador Mena Munguía, Fidel Márquez Sánchez, Florencio Resendiz Hurtado, †Mario Abel García Vázquez y †Juan Francisco Casas Salas 2007.** Estabilidad en genotipos de maíz tropical del patrón heterótico «Tuxpeño x Eto». *scientia-CUCBA* 9(1):47—56. Fecha de consulta: 25 de junio de 2014] Disponible en: <http://repository.cimmyt.org/xmlui/bitstream/handle/10883/3060/90318.pdf?sequence=1>

**Oliveira, Rogério Lunezzo de Von Pinho, Renzo García, Balestre, Márcio, y Ferreira, Denys Vitor. (2010).** Evaluación de híbridos de maíz y la estratificación del medio ambiente por los métodos AMMI y GGE biplot. *Crianza de Cultivos y Biotecnología Aplicada*, 10 (3), 247-253. Consultado el 05 de julio 2014, disponible: [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1984-70332010000300010&lang=pt](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1984-70332010000300010&lang=pt)

**Palemón Alberto, Francisco, Gómez Montiel, Noel Orlando, Castillo González, Fernando, Ramírez Vallejo, Porfirio, Molina Galán, José Domingo, & Miranda Colín, Salvador. (2011).** Cruzas intervarietales de maíz para la región semicálida de Guerrero, México. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 2(5), 745-757. Recuperado en 04 de julio de 2014, de [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2007-09342011000500009&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-09342011000500009&lng=es&tlng=es)

**Parvez Sofi and A.G. Rather, 2006.** Genetic Analysis of Yield Traits in Local and Cimmyt Inbred Line Crosses Using LinxTester Analysis in Maize (*Zea mays* L.). *Asian Journal of Plant Sciences*, 5: 1039-1042. Fecha de consulta: 25 de junio de 2014] Disponible en: <http://scialert.net/fulltext/?doi=ajps.2006.1039.1042&org=11>

**Pavan R., Lohithaswa H. C., Wali M. C., Prakash Gangashetty and Shekara B. G. 2011.** Genetic analysis of yield and its component traits in Maize (*Zea mays* L.). *Plant Archives* Vol. 11 No. 2, 2011 pp. 831-835. Fecha de consulta: 25 de junio de 2014] Disponible en: [file:///C:/Users/chelo/Downloads/Plant por ciento20archives Vol-11, por ciento20No.-2, por ciento20831-835\(2011\) por ciento20\(1\).pdf](file:///C:/Users/chelo/Downloads/Plant%20por%20ciento20archives%20Vol-11,%20por%20ciento20No.-2,%20por%20ciento20831-835(2011)%20por%20ciento20(1).pdf)

**Preciado Ortiz, Ricardo Ernesto, Terrón Ibarra, Arturo Daniel, Gómez Montiel, Noel Orlando, Robledo González, Edgar Iván.** Componentes genéticos en poblaciones heteróticamente contrastantes de maíz de origen tropical y subtropical. *Agronomía Mesoamericana* [en línea] 2005, 16 (julio-diciembre): [Fecha de consulta: 24 de junio de 2014] Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=43716204>

- Rashid M., Ali Ch. A and Ashraf M., 2007.** Line x tester analysis in basmati rice. Pak. J. Bot., 39(6): 2035-2042, 2007. Fecha de consulta: 25 de junio de 2014] Disponible en: [http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/39\(6\)/PJB39\(6\)2035.pdf](http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/39(6)/PJB39(6)2035.pdf)
- Restrepo, Giovanni, y Pizarro, Edison J. (2008).** Índices de Selección y Niveles Independientes de descarte párrafo dos Características Productivas y reproductivas en holstein hato ONU (Bos taurus). *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias* , 21(2), 239-250. Consultado el 07 de julio 2014, a partir [http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0120-06902008000200006&lng=en&tlng=es](http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-06902008000200006&lng=en&tlng=es)
- Reyes, L. D.; Molina, G. J. D.; Oropeza, R. M. A. y Moreno, P. E. C. 2004.** Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz derivadas de la raza tuxpeño. Rev. Fitotec. Mex. 27:49–56.
- Rodríguez, M.F.A.; Sierra, M.M.; Cano, R.O.; Castañón, N.G. 1997.** Three way crosses as an alternative for producing maize in Veracruz, México. In: Coors G.M.; Pandey S. (ed.). The International Simposium about the Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops. México city, México. p. 238.
- Rodríguez-González, Rosario E., Ponce-Medina, Juan F., Rueda-Puente, Edgar O., Avendaño-Reyes, Leonel, Paz Hernández, Juan J., Santillano-Cazares, Jesús, & Cruz-Villegas, Manuel. (2011).** Interacción genotipo-ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de Mexicali, B.C., México. *Tropical and subtropical agroecosystems*, 14(2), 543-558. Recuperado en 05 de julio de 2014, de [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1870-04622011000200015&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1870-04622011000200015&lng=es&tlng=es)
- Rodríguez-González, Rosario E., Ponce-Medina, Juan F., Rueda-Puente, Edgar O., Avendaño-Reyes, Leonel, Paz Hernández, Juan J., Santillano-Cazares, Jesús, & Cruz-Villegas, Manuel. (2011).** Interacción genotipo-ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de Mexicali, B.C., México. *Tropical and subtropical agroecosystems*, 14(2), 543-558. Recuperado en 05 de julio de 2014, de [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1870-04622011000200015&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1870-04622011000200015&lng=es&tlng=es).
- Rueda Restrepo Jairo Alberto y Cotes Torres José Miguel 2009.** Evaluación de dos métodos de estabilidad fenotípica a través de validación cruzada. Rev.Fac.Nal.Agr.Medellín 62(2): 5111-5123. Fecha de consulta: [28 de junio de 2014] Disponible en: <http://www.scielo.org.co/pdf/rfnam/v62n2/a10v62n2.pdf>
- Sandoval G. J., Martínez Z. G., Lujan F. M., Ramírez M. M., López B. A., 2006.** Análisis Línea x Probador: Estrategia para Selección de Progenitores de Alto Rendimiento en Chile Jalapeño (*Capsicum annuum* L.). Revista Agraria Nueva Epoca, Año III Vol. 3. 9-17. Fecha de consulta: 25 de junio

de 2014] Disponible en:  
[http://www.uaaan.mx/agraria/attachments/category/50/Agraria\\_2006\(3\)1-3.pdf#page=11](http://www.uaaan.mx/agraria/attachments/category/50/Agraria_2006(3)1-3.pdf#page=11)

**Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP)**, cierre de la producción anual agrícola por estado; consulta junio 2014; disponible en <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-estado/>.

**Sierra M. M., Cano R. O., Palafox C. A., Tosquy V. O., Espinosa C. A., Rodríguez M. F. 2005.** Progreso del Mejoramiento Genético de maíz (*Zea mays* L.) en el trópico Húmedo de México. Agricultura Técnica en México, Enero-Junio, año/vol.31, número 001 Pp. 21-32.

**Sierra Macías Mauro, Palafox Caballero Artemio, Vázquez Carrillo Griselda, Rodríguez Montalvo Flavio, Espinosa Calderón Alejandro, 2008.** Caracterización agronómica, calidad industrial y nutricional de maíz para el trópico mexicano. Agronomía mesoamericana 21(1):21-29.

**Soares de Lima J.M., Pravia M.I. , Ravagnolo O., y Montossi F. 2011.** Índice de selección para la Cría: “Una nueva herramienta disponible en Uruguay para seleccionar reproductores por su mérito económico en la raza Hereford”. Programa Nacional de Carne y Lana, INIA Uruguay. Disponible en: [http://www.hereford.org.uy/sites/hereford/files/ObjetivoDeSeleccionAnuarioHE\\_2011.pdf](http://www.hereford.org.uy/sites/hereford/files/ObjetivoDeSeleccionAnuarioHE_2011.pdf)

**Tadele Tefera, Stephen Mugo, Yoseph Beyene, Haron Karaya, John Gakunga and Girma Demissie, 2013.** Postharvest Insect Pest and Foliar Disease Resistance and Agronomic Performance of New Maize Hybrids in East Africa. International Journal of Plant Breeding and Genetics; disponible en: <http://scialert.net/fulltext/?doi=ijpbg.2013.92.104&org=10>

**VASAL, S. K; HAN, G.; VERGARA, N.; AHUJA, V. P.; ESPINOZA, M. A. 1990.** XXXVI Reunión Anual del PCCMCA, San Salvador, El Salvador; 26-30 de marzo,1990. Vol. I p. 161-174.

**Vergara Ávila, Narciso, Rodríguez Herrera, Sergio A., Córdoba Orellana, Hugo S 2005.** Aptitud combinatoria general y específica de líneas de maíz (*Zea mays*) tropical y subtropical. Agronomía Mesoamericana [en línea]. [Fecha de consulta: 25 de junio de 2014] Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=43716203>

**Wong, RR; Gutiérrez, RE; Rodríguez, HS; Palomo, GA; Córdoba, OH; Espinoza, BA. 2006.** Aptitud combinatoria y parámetros genéticos de maíz para forraje en la Comarca Lagunera, México. Revista Universidad y Ciencia 22(2):16-24.

**Yan, W., and I. Rajcan. 2002.** Singular-value partitioning in biplot analysis of multienvironment trial data. Agron. J., 94: 990-996. Disponible en: <http://www.ggebiplot.com/Yan2002.pdf>

**Yáñez Cuéllar Luis Fabián, 2005.** Índices de selección: sugerencias para su utilización. Manual de Ganadería Doble Propósito, pp. 106-110. Disponible en: [http://www.avpa.ula.ve/docuPDFs/libros\\_online/manual-ganaderia/seccion2/articulo6-s2.pdf](http://www.avpa.ula.ve/docuPDFs/libros_online/manual-ganaderia/seccion2/articulo6-s2.pdf)

**Zobel, R. W.; Wright, M. J. and Gauch, H. G. 1988.** Statistical analysis of a yield trial. Agron. J. 80:388–393.

**Zobel, R.W., M.J. Wright and H.G. Gauch, 1988.** Statistical analysis of yield trial. Agron. J., 80: 388-393.

## VIII. APENDICE

**Cuadro A.1** Descripción de híbridos con sus respectivos progenitores

H	L	P	H	L	P	H	L	P	H	L	P
1	4	2	31	15	3	61	37	2	91	75	3
2	4	1	32	15	4	62	37	1	92	75	4
3	4	3	33	16	2	63	37	3	93	79	2
4	4	4	34	16	1	64	37	4	94	79	1
5	6	2	35	16	3	65	49	2	95	79	3
6	6	1	36	16	4	66	49	1	96	79	4
7	6	3	37	24	2	67	49	3	97	80	2
8	6	4	38	24	1	68	49	4	98	80	1
9	7	2	39	24	3	69	53	2	99	80	3
10	7	1	40	24	4	70	53	1	100	80	4
11	7	3	41	25	2	71	53	3	101	82	2
12	7	4	42	25	1	72	53	4	102	82	1
13	8	2	43	25	3	73	56	2	103	82	3
14	8	1	44	25	4	74	56	1	104	82	4
15	8	3	45	30	2	75	56	3	105	83	2
16	8	4	46	30	1	76	56	4	106	83	1
17	11	2	47	30	3	77	57	2	107	83	3
18	11	1	48	30	4	78	57	1	108	83	4
19	11	3	49	32	2	79	57	3	109	84	2
20	11	4	50	32	1	80	57	4	110	84	1
21	13	2	51	32	3	81	67	2	111	84	3
22	13	1	52	32	4	82	67	1	112	84	4
23	13	3	53	34	2	83	67	3			
24	13	4	54	34	1	84	67	4			
25	14	2	55	34	3	85	72	2			
26	14	1	56	34	4	86	72	1			
27	14	3	57	36	2	87	72	3			
28	14	4	58	36	1	88	72	4			
29	15	2	59	36	3	89	75	2			
30	15	1	60	36	4	90	75	1			

H= Híbrido, L= Línea, P= Probador.

**Cuadro A.2** Habilidad combinatoria específica de cada variable por híbrido

<b>HIB</b>	<b>ACE/ROYA</b>	<b>ACE/ALM</b>	<b>ACE/APLAA</b>	<b>ACE/ACR</b>	<b>ACE/HUM</b>	<b>ACE/REND</b>
1	0.00595	-1.3244	-1.94643	-11.7836	0.23824	-0.35359
2	0.26786	0.15179	-0.16071	0.3891	-0.69747	0.49995
3	-0.02976	0.15179	0.59524	12.2142	0.0442	-1.00015
4	-0.24405	1.02083	1.5119	-0.8198	0.41503	0.85379
5	0.50595	-0.40774	0.09524	-3.7607	0.43824	-0.51646
6	0.26786	-0.09821	-0.45238	3.3302	-0.26414	-0.22759
7	-1.19643	0.23512	0.1369	8.2456	-0.77247	0.60464
8	0.42262	0.27083	0.22024	-7.8151	0.59836	0.13941
9	0.13095	0.46726	0.05357	8.5016	-0.30759	-0.82525
10	-0.44048	0.11012	0.33929	6.0073	0.19003	0.14329
11	0.2619	-0.88988	-0.57143	-3.4124	0.54836	0.40451
12	0.04762	0.3125	0.17857	-11.0965	-0.4308	0.27745
13	-0.07738	0.38393	0.0119	20.7212	0.07991	-1.1443
14	0.68452	-0.63988	-0.20238	-26.4526	0.02753	1.33375
15	-0.1131	0.69345	0.55357	12.1534	0.50253	-0.10369
16	-0.49405	-0.4375	-0.3631	-6.422	-0.60997	-0.08575
17	-0.03571	-0.0744	0.09524	3.1897	0.23824	-0.63017
18	-0.10714	0.56845	0.71429	-2.4485	-0.26414	0.09454
19	-0.90476	-1.09821	-1.3631	-8.3651	-0.2058	-1.2909
20	1.04762	0.60417	0.55357	7.624	0.2317	1.82654
21	-0.07738	-0.28274	0.34524	5.3545	0.13824	-0.48688
22	0.35119	0.69345	0.46429	-8.759	-0.36414	-0.561
23	-0.6131	-0.63988	-0.44643	6.3602	0.1442	0.64622
24	0.33929	0.22917	-0.3631	-2.9558	0.0817	0.40166
25	-0.32738	-0.74107	-0.3631	-4.0402	-0.73676	-0.07325
26	0.26786	1.06845	-0.07738	9.5465	0.1442	-0.22705
27	-0.52976	0.23512	0.67857	6.0809	0.43586	-0.22599
28	0.58929	-0.5625	-0.2381	-11.5872	0.1567	0.52629
29	-0.07738	-0.0744	0.42857	3.9701	-0.19926	-0.8583
30	0.18452	-0.26488	0.04762	-4.4317	0.29836	0.87291
31	-0.1131	0.40179	-0.02976	4.8996	-0.32664	-0.37036
32	0.00595	-0.0625	-0.44643	-4.438	0.22753	0.35575
33	0.63095	0.4256	0.3869	1.8944	-1.00759	0.07333
34	-0.27381	-0.26488	-0.16071	-0.0018	-0.25997	-1.35313
35	-0.2381	-0.26488	-0.40476	5.2337	1.01503	-0.38924
36	-0.11905	0.10417	0.17857	-7.1263	0.25253	1.66904
37	0.38095	0.0506	-3.15476	7.4221	-0.45342	-0.0368
38	-0.85714	0.52679	0.79762	-4.3877	-0.38914	0.70841
39	0.84524	-0.13988	1.55357	-13.1465	0.73586	0.60514
40	-0.36905	-0.4375	0.80357	10.112	0.1067	-1.27675
41	-0.32738	0.6756	0.8869	0.0105	0.08408	0.65008
42	0.10119	0.65179	0.17262	7.4219	-0.35164	0.16645
43	0.80357	-0.68155	-0.07143	-10.1741	-0.17664	0.75918

**Continuación cuadro A2...**

<b>HIB</b>	<b>ACE/ROYA</b>	<b>ACE/ALM</b>	<b>ACE/APLAA</b>	<b>ACE/ACR</b>	<b>ACE/HUM</b>	<b>ACE/REND</b>
44	-0.57738	-0.64583	-0.9881	2.7417	0.4442	-1.57571
45	0.38095	0.34226	-0.02976	-14.2921	-0.34926	-0.34517
46	-0.02381	-0.01488	0.25595	0.1094	0.39836	0.3862
47	-0.15476	0.31845	0.5119	24.8215	-0.57664	0.34893
48	-0.20238	-0.64583	-0.7381	-10.6388	0.52753	-0.38996
49	0.67262	0.59226	1.17857	-9.4051	-0.04926	0.11254
50	0.26786	-0.59821	-0.70238	-8.0627	-0.05164	0.29358
51	-0.69643	-0.09821	-0.1131	12.3956	-0.00997	1.06131
52	-0.24405	0.10417	-0.3631	5.0722	0.11086	-1.46742
53	-0.28571	0.09226	0.2619	16.9526	0.28824	0.96233
54	-0.02381	-0.43155	-0.95238	-7.1356	-0.26414	-0.00513
55	0.0119	0.06845	0.30357	-14.0535	-0.6058	-1.16307
56	0.29762	0.27083	0.3869	4.2365	0.5817	0.20587
57	-0.32738	0.3006	0.17857	10.075	0.17991	-0.08513
58	0.10119	0.11012	-0.36905	-8.3117	0.27753	-0.39709
59	0.30357	-0.88988	-1.1131	-4.6703	-0.41414	0.60181
60	-0.07738	0.47917	1.30357	2.907	-0.0433	-0.11959
61	0.17262	-0.03274	-0.3631	-0.5864	0.42574	0.0995
62	-0.23214	-0.55655	-1.57738	15.128	0.29003	0.0862
63	-0.02976	-0.22321	0.34524	-10.4889	-0.15164	-0.40974
64	0.08929	0.8125	1.59524	-4.0527	-0.56414	0.22404
65	-0.11905	-0.40774	-0.02976	-0.0001	-0.22842	0.87441
66	-0.52381	0.23512	0.75595	-4.1193	-0.49747	-0.86688
67	0.17857	0.40179	-0.65476	-5.3081	0.2442	-0.72465
68	0.46429	-0.22917	-0.07143	9.4275	0.4817	0.71712
69	-0.16071	-0.28274	0.6369	0.6916	0.26741	-0.3028
70	0.10119	0.02679	-0.74405	2.6094	0.26503	-0.55309
71	0.1369	-0.47321	-0.9881	-10.1691	-0.3933	-0.84953
72	-0.07738	0.72917	1.09524	6.8681	-0.13914	1.70541
73	-0.20238	0.46726	0.1369	-2.7368	0.32574	0.71183
74	-0.10714	0.77679	1.25595	-3.4492	-0.45997	0.75754
75	0.42857	-0.38988	0.0119	0.7758	0.29836	-0.82574
76	-0.11905	-0.85417	-1.40476	5.4103	-0.16414	-0.64363
77	0.08929	-0.40774	0.3869	-1.5175	-0.08676	0.84962
78	0.01786	-0.43155	0.33929	-5.1094	0.4442	-1.20867
79	0.05357	-0.43155	0.42857	-9.5904	-0.3308	0.57272
80	-0.16071	1.27083	-1.15476	16.2174	-0.02664	-0.21367
81	-0.53571	-0.1994	-0.44643	-11.6062	-0.62842	-0.11459
82	0.55952	0.27679	1.17262	15.6361	0.6192	0.81995
83	0.42857	-0.05655	-0.90476	-7.8498	0.12753	0.51585
84	-0.45238	-0.02083	0.17857	3.8199	-0.1183	-1.22121
85	-0.24405	-0.0744	-0.40476	-4.9545	-0.55759	0.07912
86	-0.14881	-0.43155	-0.11905	-3.1632	0.7067	0.08716

**Continuación cuadro A2...**

<b>HIB</b>	<b>ACE/ROYA</b>	<b>ACE/ALM</b>	<b>ACE/APLAA</b>	<b>ACE/ACR</b>	<b>ACE/HUM</b>	<b>ACE/REND</b>
<b>87</b>	-0.77976	0.56845	-0.02976	1.468	-0.08497	-0.69861
<b>88</b>	1.17262	-0.0625	0.55357	6.6497	-0.06414	0.53233
<b>89</b>	-0.61905	0.0506	0.17857	-13.5415	0.12158	0.31291
<b>90</b>	0.47619	-0.30655	-0.20238	5.576	-0.1808	-0.58021
<b>91</b>	0.5119	0.52679	0.3869	3.4127	0.0442	0.65785
<b>92</b>	-0.36905	-0.27083	-0.3631	4.5529	0.01503	-0.39055
<b>93</b>	-0.16071	0.59226	0.7619	-7.4326	0.26741	-0.13321
<b>94</b>	-0.39881	-0.43155	-0.45238	7.061	-0.15164	-0.19034
<b>95</b>	0.30357	0.40179	-0.02976	-2.1313	0.04003	0.37572
<b>96</b>	0.25595	-0.5625	-0.27976	2.5029	-0.1558	-0.05217
<b>97</b>	-0.03571	-0.3244	0.80357	8.9049	0.29658	-0.61667
<b>98</b>	-0.10714	0.15179	0.25595	6.3831	0.36086	0.4052
<b>99</b>	0.09524	0.31845	-0.15476	-6.5728	0.1192	-0.21674
<b>100</b>	0.04762	-0.14583	-0.90476	-8.7152	-0.77664	0.4282
<b>101</b>	0.29762	-0.11607	0.34524	-4.6006	0.06324	0.97008
<b>102</b>	0.05952	-0.47321	-0.20238	6.0985	0.41086	-1.33071
<b>103</b>	0.42857	0.86012	-0.27976	8.5607	0.33586	0.69918
<b>104</b>	-0.78571	-0.27083	0.1369	-10.0585	-0.80997	-0.33855
<b>105</b>	0.46429	-0.15774	-0.77976	-5.8422	0.98408	0.49266
<b>106</b>	-0.10714	-0.18155	0.17262	7.5821	-0.2683	0.28404
<b>107</b>	0.59524	0.98512	0.92857	-1.9055	-0.4933	0.87976
<b>108</b>	-0.95238	-0.64583	-0.32143	0.1655	-0.22247	-1.65646
<b>109</b>	-0.11905	0.46726	0.34524	8.4121	0.16741	0.33416
<b>110</b>	-0.35714	-0.22321	-0.36905	-7.0463	0.0317	0.5617
<b>111</b>	0.0119	0.11012	0.72024	1.2158	-0.0933	-0.4644
<b>112</b>	0.46429	-0.35417	-0.69643	-2.5817	-0.1058	-0.43146

**HIB= Híbrido, ALM= Altura de mazorca, APLAA= Altura de Planta, ACR= Acame de Raíz, REND= Rendimiento.**