

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO



FORMACIÓN DE UNA POBLACIÓN DE MAÍZ ENANO ADAPTADA AL BAJÍO MEXICANO, A PARTIR DE LÍNEAS CON FAVORABLES EFECTOS DE APTITUD COMBINATORIA Y BUEN DESEMPEÑO AGRONÓMICO

Tesis

Que presenta EDUARDO HERNÁNDEZ ALONSO

como requisito parcial para obtener el Grado de MAESTRO EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

Saltillo, Coahuila

Diciembre 2017

FORMACIÓN DE UNA POBLACIÓN DE MAÍZ ENANO ADAPTADA AL BAJÍO MEXICANO, A PARTIR DE LÍNEAS CON FAVORABLES EFECTOS DE APTITUD COMBINATORIA Y BUEN DESEMPEÑO AGRONÓMICO

Tesis

Elaborada por EDUARDO HERNÁNDEZ ALONSO como requisito parcial para obtener el grado de Maestro en Ciencias en Fitomejoramiento con la supervisión y aprobación del Comité de Asesoría



Dr. Humberto De León Castillo

Asesor Principal



Dr. Víctor Manuel Zamora Villa

Asesor



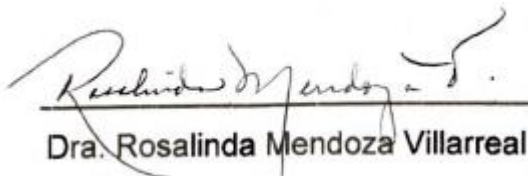
M.C. Luis Hernández San Juan

Asesor



M.C. Cirilo Cahuare Ramos

Asesor



Dra. Rosalinda Mendoza Villarreal

Subdirectora de Postgrado

UAAAN

Saltillo, Coahuila

Diciembre 2017

## AGRADECIMIENTOS

A **DIOS**, por haberme prestado la vida y salud gracias a esto permitido culminar una etapa más en mi vida, por guiarme en el camino correcto y concluir mi carrera profesional.

A mi **ALMA TERRA MATER**, por haber permitido ser parte de ella y ser mi segundo hogar durante mi formación profesional

Al **Dr. Humberto de León Castillo**, por la amistad, los sabios consejos, la paciencia y sobre todo por la confianza puesta en mí para la realización de esta tesis, así como su gran disposición y aportaciones sugeridas.

Al **Dr. Víctor Manuel Zamora Villa**, por estar en la mejor disposición en todo momento, gracias por su colaboración y disposición como jurado examinador de este trabajo de tesis.

Al **M.C. Luis Hernández San Juan**, por la amistad y el apoyo brindado durante mi estadía en la empresa en la que laboramos y por estar en la mejor disposición para participar como jurado examinador de este trabajo de tesis.

Al **M.C. Cirilo Cahuare Ramos**, por la confianza y apoyo que me brindo, por la disposición y tiempo que se tomó para la revisión y corrección del presente trabajo.

Al **Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)**, por el apoyo económico durante los estudios de Postgrado.

A todo el personal que labora en el **IMM**, por su amistad y disponibilidad para realizar actividades que tuvieron que ver con este trabajo de tesis.

A compañeros y amigos del Posgrado en Fitomejoramiento de la UAAAN, así como también al personal que labora en el departamento de Fitomejoramiento, gracias por su amistad y compañerismo.

## DEDICATORIAS

A mis padres:

**Ernesto Hernández Hernández y Eleuteria Alonso García.** Los amo.

A mi padre, por el cariño y apoyo que me has dado y por todos aquellos sacrificios que has hecho por mí y por mis hermanos, por ser un ejemplo a seguir y enseñarnos a nunca rendirnos.

A mi madre, gracias por darme la vida, por tu amor y cariño, por ser mi consejera, comprender y respetar mis decisiones, nunca podre pagar los sacrificios que has hecho por mí.

A mis hermanos, **Gabriel Hernández Alonso, Esmeralda Hernández Alonso y Héctor Hernández Alonso**, por todas las alegrías y tristezas que hemos compartido por que más que mis hermanos son mis amigos que me han apoyado y que siempre han estado conmigo acompañándome, gracias por ser los mejores hermanos, nunca olviden que los quiero y que a pesar de los obstáculos siempre saldremos adelante.

A **María Valdez Román**, por tu cariño, amor y apoyo en todo momento, eres maravillosa.

A toda mi familia que sin su apoyo no hubiera alcanzado mi meta, en especial a mis abuelos **Juan Alonso Nava Cortes** (†), por haber compartido parte su vida, se te extraña abuelo, **María Magdalena García** (†), **Odilón Hernández Vicencio** y **Alicia Hernández** (†), no puede estar el día de su partida pero siempre te recordare, por que fueron como mi segundos padres siempre se les extrañara. Gracias por todo su apoyo, los amo.

## ÍNDICE

<b>ÍNDICE DE CUADROS</b> .....	viii
<b>ÍNDICE DE FIGURAS</b> .....	x
<b>RESUMEN</b> .....	xi
<b>SUMMARY</b> .....	xiii
<b>I. INTRODUCCIÓN</b> .....	1
Objetivos:.....	4
Hipótesis:.....	5
<b>II. REVISIÓN DE LITERATURA</b> .....	6
Variedad Sintética.....	6
Aptitud Combinatoria General y Específica .....	10
Diseños Genéticos.....	14
Heredabilidad.....	17
Modelo AMMI y su Gráfico “Biplot” .....	19
Índices de Selección.....	21
Heterosis .....	24
<b>III. MATERIALES Y MÉTODOS</b> .....	27
Material Genético.....	27
Ubicación del Sitio Experimental .....	28
Diseño Experimental.....	29
Siembra .....	29
Fertilización .....	29
Riegos .....	30
Labores Culturales.....	30

Control de Malezas.....	30
Control de Plagas .....	30
Cosecha .....	31
Variables Estudiadas .....	31
Días a Floración Masculina (DFM) .....	31
Días a Floración Femenina (DFF) .....	31
Altura de Planta y de Mazorca (AP, AM) .....	31
Acame de Raíz (AR).....	32
Acame de Tallo (AT).....	32
Plantas con <i>Fusarium</i> (FUS) .....	32
Calificación de Planta (CP) .....	33
Calificación de Mazorca (CM).....	33
Peso de Campo (PC).....	33
Humedad de Grano (HUM).....	33
Peso Hectólitrico (PHL) .....	33
Rendimiento de Mazorca en t ha <sup>-1</sup> al 15.5 % de Humedad (REND) .....	34
Análisis de los Datos Agronómicos .....	35
Análisis Combinando .....	35
Análisis Dialélico Combinado .....	35
Gráfico Biplot.....	38
Índices de Selección.....	40
Heterosis .....	42
Criterios de Selección.....	42
<b>IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....</b>	<b>43</b>
Análisis Combinado del 2015 .....	43

Análisis Combinado del 2016 .....	48
Análisis Dialélico Combinado de Cuatro Ambientes del Grupo de Maíz Enano .....	50
Aptitud Combinatoria General y Específica .....	53
Efectos Recíprocos (Efecto Materno y Efecto No Materno) .....	58
Tipos de Acción Génica en Porcentajes .....	63
Estimación de Heredabilidad en Sentido Estricto .....	68
Análisis de Varianza de las Cruzas Simples Evaluadas en los 4 Ambientes.	70
Visualización del Gráfico Biplot.....	73
Selección de Cruzas Simples en Base al Índice de Selección .....	75
Estimación de la Heterosis .....	80
<b>V. CONCLUSIÓN .....</b>	<b>87</b>
<b>VI. BIBLIOGRAFÍA CITADA.....</b>	<b>89</b>

## ÍNDICE DE CUADROS

<b>Cuadro</b>	<b>Descripción</b>	<b>Pág.</b>
<b>3.1</b>	Genealogía de las líneas utilizadas en este trabajo de investigación.....	28
<b>3.2</b>	Localización geográfica y condiciones agroecológicas de los ambientes de evaluación utilizadas en este estudio.....	28
<b>3.3</b>	Estructura del análisis genético combinado a través de ambientes del modelo II, método 3 de Griffing.....	37
<b>4.1</b>	Cuadrados medios del análisis de varianza de 20 híbridos formadas a partir de 5 líneas, considerando cruzas directas y recíprocas. Evaluados en dos ambientes en Buenavista Saltillo Coahuila P-V del 2015.....	44
<b>4.2</b>	Cuadrados medios del análisis de varianza de 32 híbridos formadas a partir de 7 líneas, considerando cruzas directas y recíprocas. Evaluados en dos ambientes en Buenavista, Saltillo, Coahuila P-V del 2016.....	48
<b>4.3</b>	Cuadrados medios del análisis dialélico de 20 híbridos formadas a partir de 5 líneas, considerando cruzas directas y recíprocas, evaluadas en cuatro ambientes durante el 2015 y 2016.....	51
<b>4.3.1</b>	Estimación de efectos directos (ACG, ACE), obtenidos a través del diseño dialélico de Griffing modelo II, método III de 15 variables agronómicas de 10 cruzas en F <sub>1</sub> .....	57
<b>4.3.2</b>	Estimación de efectos recíprocos (EM Y ENM), obtenidos a través del diseño dialélico de Griffing modelo II, método III de 15 variables agronómicas de 10 cruzas en F <sub>1</sub> .....	61
<b>4.3.3</b>	Porcentaje de contribución de la acción génica para cada una de las variables evaluadas.....	64



## ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro	Descripción	Pág.
4.4	Análisis de varianza combinado de las cruzas simples evaluadas en 4 ambientes de Buenavista Saltillo Coahuila P-V 2015 y 2016.....	72
4.5	Análisis de varianza con base a los valores del índice de selección integrado por (Rendimiento, Altura de Mazorca, Floración Masculina y Porcentaje de Plantas con <i>Fusarium</i> ssp.) de 32 híbridos evaluados en 4 ambientes.....	76
4.5.1	Agrupamiento estadístico de 32 híbridos en base a la media TUKEY para la variable de Índice de Selección.....	78
4.5.2	Concentración de cruzas simples que constituirán la variedad sintética, seleccionadas en base al índice de selección.....	80
4.6	Rendimiento promedio en t ha <sup>-1</sup> de cruzas directas, recíprocas y progenitores, evaluados en 4 ambientes de Buenavista Saltillo Coah. 2015 y 2016.....	81
4.6.1	Heterosis promedio de rendimiento en t ha <sup>-1</sup> de cruzas directas (arriba de la diagonal) y recíprocas (debajo de la diagonal), estimado en porcentaje (%).....	84

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura	Descripción	Pág.
4.1	Gráfico Biplot, para la observación de los patrones de correlación entre variables.....	75

## RESUMEN

Se evaluaron 32 híbridos de maíz enano y sus parentales con el método I modelo II de Griffing (1956) en Buenavista, Saltillo, México durante el 2015 y 2016, con el propósito de i) estimar los tipos de acción génica, la heredabilidad y la heterosis exhibida en las variables estudiadas en este grupo germoplásmico ii) Identificar cruzas simples de fenotipo parecido, sobretodo en altura de planta, precocidad, sanidad y rendimiento para seleccionar al menos 10 que puedan recombinarse para generar una variedad sintética y iii) Conformar poblaciones de cruzas simples complementarias que sean útiles para derivación de nuevas líneas de maíz enano. Para lograr estos objetivos se sometió a ensayos de rendimiento el dialélico entre las líneas involucradas, mismo que se evaluó en cuatro ambientes durante los años 2015 y 2016 donde cada unidad experimental consistió en un surco de 3.84 m, separados a 0.80 m y a 11.6 cm entre plantas (110,000 plantas ha<sup>-1</sup>). Los resultados del análisis dialélico combinado indicaron que en los cruzamientos F<sub>1</sub> entre las líneas progenitoras enanas, fueron de más importancia los efectos del tipo aditivo para el conjunto de variables evaluadas (Contribuyendo 60.89 % de efectos aditivos, 16.74 % de efectos no aditivos y 22.37 % de efectos recíprocos). Para la identificación de germoplasma complementario (para formar una nuevas poblaciones de mejoramiento) se auxilió de la metodología de índices de selección encontrando a los híbridos 20 (PE-212-1-2)\*([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2); 4 (255-18-19)\*([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2) y 25 ([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2)\*(PEGC1-61) como las mejores poblaciones por su complementariedad y junto a otras ocho para formar

la variedad sintética las cuales fueron; 6, 28, 10, 27, 7, 2, 22, 9 y 5. La participación de los cruzamientos no fue de manera proporcional, ya que se prefirió que tuvieran una mayor proporción aquellas líneas que demostraron tener mayores efectos de ACG. En términos de heterosis el híbrido 20, fue el que tuvo mayor presencia de este fenómeno, cuyo rendimiento experimental fue de (21.32 t ha<sup>-1</sup>).

**Palabras clave:** Heredabilidad, Acción Génica, Dialélico, Germoplasma Enano.

## SUMMARY

Thirty-two hybrids of dwarf maize and their parents were evaluated with the method I model II of Griffing (1956) in Buenavista, Saltillo, Mexico during the years 2015 and 2016, with next objectives: i) Estimating the types of gene action, the heritability and the heterosis exhibited in the variables studied in this germplasmic group; ii) Identify simple crosses of similar phenotype, especially in plant height, precocity, health and yield to select at least 10 of them that can be recombined to generate a synthetic variety; and iii) Form populations of crosses simple complementary ones that are useful for derivation of new lines of dwarf corn. To achieve these objectives, the diallelic between the lines involved was subjected to performance tests, which was evaluated in four environments during the years 2015 and 2016 where each experimental unit consisted of a groove of 3.84 m long, separated at 0.80 m and 11.6 cm between plants ( $110,000 \text{ plants} \cdot \text{ha}^{-1}$ ). The results of the combined diallelic analysis indicated that in the F1 crosses between the dwarf progenitor lines, the effects of the additive type for the set of evaluated variables were more important (contributed 60.89% of additive effects, 16.74% of non-additive effects and 22.37% of reciprocal effects). For the identification of complementary germplasm (to form new breeding population), the selection indexes methodology was used, finding the hybrids 20 (PE-212-1-2) \*  $[(M16 * PE-115-3-13) * M16] -1-2$ ; 4 (255-18-19) \*  $[(M16 * PE-115-3-13) * M16] -1-2$  and 25  $[(M16 * PE-115-3-13) * M16] -1 -2$  \* (PEGC1-61) as the best populations for their complementarity and together with eight others to form the synthetic variety which they were; 6, 28, 10, 27, 7, 2, 22, 9 and 5. The participation

of the crosses was not proportional, since it was preferred that the lines that showed the greatest effects of GCA had a greater proportion of participation. In terms of heterosis, hybrid 20 was the one with the greatest presence of this phenomenon, whose experimental yield was (21.32 t ha<sup>-1</sup>).

**Key words:** Heritability, Gene Action, Diallelic, Dwarf Germplasm.

## I. INTRODUCCIÓN

El mejoramiento genético de plantas es un proceso continuo y dinámico en busca de mejores híbridos y variedades comerciales. El uso del germoplasma ideal es uno de los recursos más esenciales para lograrlo. A pesar de que el maíz (*Zea mays* L.) es un cultivo ampliamente estudiado, aún no se han logrado obtener los resultados esperados para satisfacer la demanda de este cereal.

Ante la insatisfecha demanda del grano de maíz en México, es necesario realizar más estudios (preferentemente por instituciones públicas o empresas nacionales, preocupadas por lograr la autosuficiencia de este cereal a nivel nacional) sobre mejoramiento genético, ya que esta estrategia ha demostrado ser más eficiente que otras, para lograr incrementar la producción por unidad de superficie, debido a que entre otras cosas el productor no hace desembolsos extras, al usar estos materiales se aumentan las posibilidades de obtener mayor rendimiento y trata de que los elementos del ambiente no sean de gran importancia para limitar su desarrollo, además de tener más rendimiento que las variedades locales.

Dentro de la investigación rutinaria que se ha hecho en la región subtropical denominada “Bajío” por personal del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN)

se han logrado identificar, entre cientos de líneas de maíz enano, al menos 10 de gran potencial agronómico y genético con las que se pretende iniciar la formación de una nueva población de maíz enano.

Las plantas de maíz enano constituyen un importante grupo germoplásmico dentro del programa de mejoramiento de El Bajío del IMM, se caracterizan por tener una alta respuesta heterótica al cruzarse con individuos de poblaciones de altura normal y de origen tropical; su conformación fenotípica les permite soportar altas densidades de siembra, así como, responder favorablemente a la aplicación de insumos agrícolas. Fenotípicamente se reconocen por poseer entrenudos muy cortos debajo de la mazorca, tendencia a la prolificidad en el número de mazorcas por planta, hojas breves y erectas, espigas abiertas y grano profundo presentando las versiones que van desde dentado a semi-cristalino (De León *et al.*, 2005).

De lo anterior, es necesario estimar los componentes genéticos del grupo heterótico denominado enano, para lograr esto se requiere de la realización de cruzamiento entre los individuos, una opción para ellos es siguiendo los diseños dialélicos propuestos por (Griffing, 1956), ya que en todo programa de mejoramiento genético es importante conocer el tipo de acción génica involucrada en la expresión de caracteres de interés para desarrollar nuevos híbridos o variedades sintéticas.



La idea central de este trabajo de investigación es desarrollar una alternativa de maíces enanos con una serie de atributos superiores (sanidad, rendimiento, precocidad, etc.) a los enanos tradicionalmente manejados en el IMM y disponer de mejor germoplasma para programas de hibridación y/o de selección recurrente con altas expectativas de que sus productos sean empleados por productores de la región denominada sub-trópico.

**Objetivos:**

- 1) Estimar los tipos de acción génica, la heredabilidad y la heterosis exhibida en las variables estudiadas de este grupo germoplásmico por medio de un dialélico completo (cruzas directas, recíprocas y parentales) entre una muestra de las líneas que constituirán la nueva población.
  
- 2) Identificar las cruzas simples de fenotipo parecido, sobretodo en altura de planta, precocidad, sanidad y rendimiento para seleccionar al menos 10 que puedan recombinarse para generar una variedad sintética y pueda ser empleada directamente por los productores de las regiones con asnm de 1,000 a 1,800 m.
  
- 3) Conformar poblaciones de mejoramiento a partir de cruzas simples complementarias que sean útiles para derivación de nuevas líneas de maíz enano.

**Hipótesis:**

- 1) El estudio de la heredabilidad de las variables de interés permitirá determinar qué estrategia de mejoramiento emplear para cada variable en particular; y será posible conocer la heterosis presente para cada cruzamiento; por otro parte se explorará la estabilidad de los parentales y sus cruzas simples.
  
- 2) Será posible la formación de una variedad sintética con base a la información obtenida de las cruzas generadas en el dialélico.
  
- 3) Será posible la conformación de poblaciones de mejoramiento a partir de cruzas simples complementarias de maíz enano con líneas de favorables efectos de aptitud combinatoria, de estas poblaciones se derivaran nuevas líneas y mejores productos híbridos; siempre y cuando se atiendan bien los patrones heteróticos ya reportados para este germoplasma.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### Variedad Sintética

Márquez, (2008) menciona que para la agricultura de baja inversión se ha propuesto el uso de variedades sintéticas (VS) en lugar de híbridos, con la finalidad de evitar el alto costo de la semilla de éstos. Típicamente, una VS tiene como progenitores a un conjunto de líneas, cruzas simples o cruzas dobles.

Las variedades sintéticas de maíz surgen en atención al fenómeno de depresión endogámica observado en las generaciones avanzadas de las primeras variedades híbridas y por ser una alternativa a los altos costos de semillas de dichas variedades, que llegan a representar hasta el 15 % de la inversión en la producción de maíz en México (Márquez, 2010).

Las poblaciones sintéticas de maíz (*Zea mays* L.) son variedades de bajo costo y estables, obtenidas por polinización cruzada de un grupo de líneas consanguíneas. Son una alternativa viable para situaciones en las que el uso de semillas híbridas y los insumos relacionados son demasiado caros. A pesar de que las poblaciones sintéticas son generalmente menos productivas que los híbridos heteróticos, su principal ventaja es que la heterosis no disminuyen significativamente en  $F_2$  (Bernardo, 2002).

Sahagún *et al.*, (2005) mencionan que las variedades sintéticas a diferencia de los híbridos generan su semilla por el apareamiento aleatorio, en aislamiento de los individuos que la constituyen. Esta característica de los sintéticos tiene consecuencias en su estructura genotípica, que a su vez determina rasgos de importancia en su comportamiento. Por ser una población altamente heterocigótica y heterogénea, una variedad sintética debe poseer una considerable plasticidad poblacional.

La formación de variedades sintéticas y de híbridos en maíz (*Zea mays* L.), es un proceso continuo que involucra el desarrollo de líneas y la identificación de las mejores combinaciones híbridas (De la Cruz *et al.*, 2010; Borghi *et al.*, 2012; Badu *et al.*, 2013).

Las variedades sintéticas de especies cultivadas como el maíz (*Zea mays* L.), tienen como origen el apareamiento aleatorio de varios progenitores, usualmente entre 6 y 12 (Sahagún y Rodríguez, 2011).

Típicamente, una variedad sintética (VS) tiene como progenitores a un conjunto de líneas seleccionadas necesariamente con alguna prueba de su aptitud combinatoria (general o específica o ambas) (Kutka y Smith, 2007). Aunque algunos fitomejoradores han ampliado el uso de la expresión “variedades sintéticas” para incluir cualquier población de polinización abierta con cierto nivel

de mejoramiento genético de cultivos que se destinan para uso comercial directo (Hallauer y Miranda, 1988)

La formación de poblaciones mejoradas de maíz demuestra ser un proceso dinámico, porque requiere que las poblaciones superen a las anteriores en rendimiento. Las poblaciones regionales o adaptadas son de interés para los mejoradores de maíz porque a través de los años de selección natural o inducida se han concentrado alelos de interés económico. Sin embargo, estas tienen deficiencias agronómicas que limitan su aprovechamiento, de ahí la importancia de su mejoramiento (Vallejo *et al.*, 2000).

En la práctica se han desarrollado variedades sintéticas (VS) con rendimientos satisfactorios a partir del uso de líneas como progenitores, aunque esto puede implicar el manejo de un número grande de progenitores potenciales, además de demandar demasiados recursos y trabajo (Sahagún y Rodríguez, 2011).

La clave para un incremento sostenido es la disponibilidad de amplia y selecta variabilidad genética en el germoplasma de cualquier programa de mejoramiento, donde las líneas representan el material básico para el desarrollo de combinaciones híbridas; los enfoques de mejoramiento se han adecuado y han incorporado eficientes procedimientos biométricos lo que ha permitido

obtener ganancias mayores en la heterosis y respuesta a la selección así como en incorporar características agronómicas que ofrezcan ventajas competitivas a las poblaciones (Sierra *et al.*, 2010; Pavan *et al.*, 2011 y Parvez *et al.* 2011).

Lonquist, (1949) definió a una variedad sintética como una población de polinización abierta formada por entrecruzamiento de plantas o líneas autofecundadas y posteriormente mantenido por selección masal. El término variedad sintética ha llegado a ser usado para designar una variedad que es mantenida a partir de semillas producto de la polinización libre después de su síntesis por hibridación en todas las combinaciones posibles entre una serie de individuos seleccionados que han sido sometidos para probar su aptitud combinatoria (general y específica). Los componentes de una variedad sintética podrían ser líneas autofecundadas o poblaciones seleccionadas en masa en el contexto del maíz. Los componentes se mantienen de manera que la variedad sintética pudiera ser reconstituida según sea necesario (Mandal, 2014).

Los materiales híbridos tienen la ventaja de tener un mayor potencial de rendimiento y uniformidad. Se prefieren materiales de polinización libre, cuyos individuos o poblaciones están sujetas a un mayor nivel de heterosis. Sin embargo, la producción de semilla híbrida es más costosa y un poco tediosa y complicada (Dhillona y Prasanna, 2001). El desarrollo de variedades sintéticas a través del uso de familias de hermanos completos, medios hermanos o de líneas endocriadas como padres es uno de los métodos más comunes en varios cultivos

(Flajoulot *et al.*, 2005). Las variedades sintéticas se han vuelto cada vez más favorecidas, principalmente porque es más barato que el desarrollo y uso de variedades híbridas. El desarrollo de variedades sintéticas también minimizan la pérdida de productividad con el avance de las generaciones en la producción de semilla (Katepa *et al.*, 2002).

### **Aptitud Combinatoria General y Específica**

En programas de mejoramiento genético es deseable contar con el conocimiento genético de las poblaciones base para facilitar la selección de líneas superiores. Para la elección del esquema de fitomejoramiento es necesario conocer el tipo de herencia o acción génica específica para caracteres cuantitativos de interés agronómico (Peyman *et al.*, 2009).

El término de aptitud combinatoria significa la capacidad que tiene un individuo de una población, de combinarse con otros y es medida en base a su progenie. Sin embargo, la aptitud combinatoria debe determinarse no sólo en un individuo de la población sino en varios, a fin de poder seleccionar aquellos que exhiban la más alta aptitud combinatoria (De la Cruz *et al.*, 2003).

Los conceptos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE), introducidos por Sprague y Tatum (1942), sirven para expresar el comportamiento promedio de una línea en sus combinaciones



híbridas y para designar las combinaciones que resultan mejor o peor de lo que se esperaría en relación con el promedio de la ACG de las dos líneas progenitoras (Reyes *et al.*, 2004).

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 elite de suma utilidad en un programa de mejoramiento dinámico (De la Cruz *et al.*, 2010).

La determinación de la aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE), permiten conocer la forma en que actúan los genes de un carácter dado; si la acción es aditiva o no aditiva y la importancia relativa de cada una. Es posible obtener un rápido avance en la mejora genética si se usan los genotipos de alta aptitud combinatoria (Elizondo, 2000).

Los efectos de ACG se relacionan con efectos aditivos que se pueden usar por selección y luego por hibridación, mientras que los efectos de ACE se deben a efectos de dominancia y epistasis y son utilizados por la hibridación (Inram *et al.*, 2004).

Pech *et al.*, (2010) afirman que si el efecto de ACG de un progenitor es negativo, la ACE de sus cruzas será negativa, o positiva de magnitud pequeña. También deducen que al cruzar entre sí a progenitores con buena ACG, la progenie manifiesta una ACE alta, aunque algunas cruzas entre un progenitor con alto valor de ACG y uno de mediana ACG puede combinar mejor y producir híbridos con efectos más altos de ACE.

La aptitud combinatoria de líneas endogámicas de maíz puede calcularse a través de cruzas de prueba con probadores divergentes, cuyo comportamiento permita estimar la distancia genética entre ellas, así como clasificarlas en grupos heteróticos (Soengas *et al.*, 2003).

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

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

La evaluación de la ACG y ACE mediante cruzamientos dialélicos es eficiente en la clasificación de progenitores e identifica fuentes de germoplasma útiles en programas de mejoramiento genético (Castañón *et al.*, 2005). Estos mismos autores mencionan que conocer la aptitud combinatoria de los progenitores, mejora la eficiencia de un programa de mejoramiento. Esto permite seleccionar progenitores con buen comportamiento promedio en una serie de cruzamientos, e identificar combinaciones específicas con un comportamiento superior a lo esperado.

La varianza aditiva mide la cantidad de variación presente en la población que se debe a efectos aditivos de los genes, en tanto que el coeficiente de variación genético aditivo permite cuantificar la magnitud de la variación genética que puede ser aprovechada por la selección recurrente (Rovaris *et al.*, 2011).

## Diseños Genéticos

Los diseños genéticos, entre los que sobresalen los dialélicos, permiten estimar la cuantía de la varianza aditiva y la de dominancia en la gobernación del comportamiento de las variables, así mismo, estiman los efectos de aptitud combinatoria, efectos recíprocos y maternos de los progenitores, también permite conocer la heterosis de los cruzamientos (De León, 2005; De La Cruz *et al.*, 2009; y Coutiño *et al.*, 2010).

El mejoramiento genético del maíz es una herramienta que permite la formación de híbridos y variedades para uso comercial. En el mejoramiento de plantas es importante el conocimiento relativo al componente genético de los materiales usados como progenitores (Gutiérrez *et al.*, 2004); conocer la acción génica que controla los caracteres de interés económico es básico para la planeación de un programa de mejoramiento genético. 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.

El apareamiento de cruzamientos dialélicos es útil para la evaluación de componentes genéticos en la variación del rendimiento de los progenitores y para

calcular la capacidad productiva de sus cruzas. Con relación al tipo de acción génica que determina la aptitud combinatoria de las líneas, se considera que la ACG determina la porción aditiva de los efectos genéticos, en tanto que la ACE, los efectos no aditivos, esto es, la acción génica de dominancia y epítasis (Poehlman y Allen, 2003).

Los análisis dialélicos constituyen una herramienta útil para estimar los parámetros genéticos de los progenitores y sus cruzas, mediante su aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) que permiten definir el método de mejoramiento genético más adecuado (Wong *et al.*, 2007).

Los análisis de cruzas dialélicas permite estimar los componentes de la varianza genética, así, como parámetros genéticos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE), los cuales son usados para identificar las combinaciones superiores y así, poder seleccionar los mejores progenitores para el diseño de estrategias de mejoramiento más eficientes (Gutiérrez *et al.*, 2002; Yao *et al.*, 2013).

El análisis de cruzamiento en diseños dialélicos permiten la detección de progenitores y cruzamientos superiores, al mismo tiempo que ayudan a elegir el

método más eficiente de selección, permitiendo estimar la magnitud de diversos parámetros genéticos (Elizondo, 2000).

Al identificar germoplasma exótico con alelos favorables carentes en las poblaciones locales, es posible transferir y aprovechar estos nuevos alelos en líneas de maíz y en los híbridos generados. Las cruzas dialélicas permiten estimar los componentes de la variación genética, identificar las combinaciones superiores y seleccionar los mejores progenitores para el diseño de métodos de mejoramiento eficientes (Gutiérrez *et al.*, 2002). El conocimiento de la magnitud de los parámetros genéticos de la población base de selección, permite diseñar la mejor estrategia a seguir en programas de mejoramiento genético (Rovaris *et al.*, 2011).

Los cruzamientos dialélicos pueden ser usados en estudios genéticos para indagar la herencia de rasgos o características de importancia entre un grupo de genotipos. Específicamente las cruzas dialélicas fueron desarrollados para estimar la aptitud combinatoria general de los padres e identificar al padre superior para ser usados en la formación de híbridos o sintéticos. El análisis de los datos del dialélico es usualmente realizado acorde a los métodos de (Griffing, 1956), que particionan la variación total observada en efectos de ACG y ACE (Yan y Hunt, 2002).

Mastache y Martínez, (2003) mencionan que los diseños de cruzas dialélicas son utilizados en la investigación sobre el mejoramiento vegetal y animal con el propósito de obtener información experimental que permita evaluar aspectos genéticos asociados a “n” progenitores. En el área vegetal, en las últimas cuatro décadas estos diseños han proporcionado información sobre los efectos de ACG y ACE, efectos maternos y recíprocos, además de sus componentes de varianza, importantes en la toma de decisiones para plan de mejoramiento a seguir y en la selección de materiales para los programas de mejoramiento.

Zhang *et al.*, (2005) desarrollaron un macro para SAS (DIALLEL SAS-05), en el cual se puede analizar las cruzas dialélicas de Griffin (1956), además de incorporar los diseños de Gardner y Eberthart (1966) lo cual proporciona una gama de análisis, por lo que se convierte en una herramienta de fácil uso y de buena utilidad en la toma de decisiones.

## **Heredabilidad**

La heredabilidad ( $h^2$ ), es considerada como el parámetro fundamental para la selección, puesto que determina la cantidad de variación total encontrada en una característica que es atribuida al efecto directo de los genes (variación aditiva), es decir, a la herencia (Ruales *et al.*, 2007)

La heredabilidad mide el grado de correspondencia entre el valor fenotípico y el valor de cría. El intervalo de este parámetro es de 0 a 1, indicando cerca de cero un fuerte componente ambiental, mientras que valores cercanos a la unidad representan una elevada influencia genética y un bajo componente ambiental. La heredabilidad es una medida específica de la población y sólo es válida para el ambiente donde se ha determinado. (Falconer y Mackay,1996). Uno de los objetivos de un plan de selección puede ser obtener mayor beneficio con un carácter de elevada heredabilidad (Ibarra, 2000).

La heredabilidad de un carácter métrico es una de sus propiedades más importantes, expresa la proporción de la varianza total atribuible a las diferencias de los valores de cría, y es la que determina el grado de semejanza entre parientes, en sentido estrecho. La función más importante de la heredabilidad en los estudios genéticos de los caracteres métricos es su papel predictivo, expresa la relación del valor fenotípico como guía del valor de cría. Solo el valor fenotípico de los individuos puede ser directamente medido, pero es el valor de cría quien determina su influencia en la próxima generación (Falconer y Mackay,1996).

Pérez *et al.*, (2000) mencionan que la heredabilidad es un término que se ha usado para indicar el grado en que el fenotipo refleja al genotipo para un carácter particular en una población de plantas; pero lo más importante es la proporción de variación genotípica observada en la planta y que es reflejada en



la descendencia. La heredabilidad puede expresarse en dos formas: i) como el coeficiente de la varianza genotípica ( $\sigma_G^2$ ) entre la varianza fenotípica ( $\sigma_F^2$ ), que representa la parte proporcional de la varianza fenotípica u observada atribuible a los efectos totales de los genes de una población, ii) como el cociente de la varianza genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ) entre la varianza fenotípica atribuible a los efectos aditivos de los genes de la población.

La estimación de la heredabilidad es indispensable para predecir la respuesta a la selección en una población, dicha respuesta se define como un cambio en la media poblacional de la generación siguiente (Garbuglio *et al.*, 2009).

### **Modelo AMMI y su Gráfico “Biplot”**

Los modelos multivariados se propusieron como una herramienta de exploración que permite visualizar de una manera práctica los patrones de respuesta de las variables de clasificación y sus tendencias al agrupamiento. Por su parte los modelos aditivos permiten obtener información donde se puede medir la confiabilidad de la misma.

El modelo AMMI, es una herramienta útil para identificar genotipos de maíces de alto rendimiento con adaptabilidad específica y amplia, para entender la compleja interacción genotipo por ambiente existente en caracteres

cuantitativos como el rendimiento de grano, lo que permite ganar precisión en el proceso de selección e incrementa la eficacia experimental, además menciona que la utilidad de las gráficas “Biplot” genera una óptima interpretación de los efectos propios del modelo, ya que con ellas es posible establecer importantes relaciones entre los efectos (Alejos *et al.*, 2006).

El modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) es uno de los métodos de análisis de la estabilidad fenotípica más usados en la actualidad (Hongyu *et al.*, 2014), para su interpretación se apoya en la representación gráfica usando “Biplots” (representación gráfica mediante marcadores “vectores” para filas “genotipos” y columnas “ambientes” de una matriz X), ya que estos gráficos permiten observar de manera simultánea los genotipos “puntos” y los ambientes “vectores”, así como la exploración de patrones de comportamiento atribuidos a los efectos de interacción genotipo por ambiente (Kandus *et al.*, 2010; McDermott y Coe, 2012).

Los métodos multivariados, como el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (Modelo AMMI) y los análisis de componentes principales y de conglomerados han sido utilizados para estudiar las interrelaciones entre cultivos con ambientes (localidades, años o su interacción), con variables cuantitativas y con índices de estabilidad fenotípica; también se han empleado para hacer inferencias sobre el tipo de raza a la que pertenecen un

grupo de cultivares, para estudiar los fenómenos de interacción genotipo x ambiente, o para generar tecnología agropecuaria y forestal, entre otros (Pérez *et al.*, 2009; González *et al.*, 2010).

Yan *et al.*, (2001) indican que una herramienta útil para la interpretación y evaluación de los patrones de respuesta genética, ambiental y de la IGA de los ensayos evaluados en varios ambientes son los gráficos “Biplot”, que son una representación gráfica del comportamiento simultaneo de los factores de interés.

El modelo AMMI se basa en un modelo estadístico lineal-bilineal en el que los efectos principales de genotipos y de ambientes, son considerados términos lineales, se explica mediante un análisis de varianza convencional; el componente bilineal (no aditivo) se atribuye a la interacción genotipo por ambiente y se analiza mediante la técnica de componentes principales (Rodríguez *et al.*, 2005).

### **Índices de Selección**

Actualmente se requiere en el mejoramiento del maíz una metodología para determinar que caracteres deben incluirse en la selección simultánea a fin de mejorar la producción de grano (Rodríguez *et al.*, 2013).

En maíz, es importante utilizar una metodología para determinar que caracteres deben incluirse en la selección simultánea, a fin de mejorar la producción (Milligan *et al.*, 2003). Por lo general las características utilizadas en un índice de selección deben ser de mayor heredabilidad que el rendimiento *per se* y estar significativamente correlacionadas con este (Rodríguez *et al.*, 2013).

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 los aspectos genéticos, dada la importancia económica de cada una de las características involucradas en dicho Índice de Selección.

Costes y Núñez, (2001) estos autores mencionan que la utilización del índice de selección multivariado, tiene como objetivo primordial ayudar al investigador a cumplir sus intereses en la toma de decisiones sobre los genotipos con características superiores o de más interés para el fitomejorador, ganando así, un avance para el siguiente ciclo de selección.

El rendimiento es un carácter cuantitativo y la mejora de rendimiento de grano a través de selección directa es mucho tiempo, la selección indirecta que consiste en índice de selección es más comprometedor ya que realiza una selección simultánea de caracteres de mayor importancia. (Modarresi *et al.*,

2004) mencionan que los índices de selección han sido un criterio de selección efectiva, debido a que con esta metodología se ha aumentado el rendimiento de grano de maíz.

Mohammadi *et al.*, (2003) explican que el conocimiento entre las interrelaciones entre el rendimiento y los caracteres considerados como componentes de rendimiento podría mejorar la eficiencia de los programas de mejoramiento a través del uso apropiado de índices de selección.

La selección para el mejoramiento de las medidas de crecimiento es de suma importancia en la industria (Brumatti *et al.*, 2011). Al respecto, se ha demostrado que es económicamente benéfico incluir medidas reproductivas en las medidas de crecimiento (Brumatti *et al.*, 2011; Campos *et al.*, 2014). Por lo que, generar un índice de selección para incrementar la tasa de crecimiento y al mismo tiempo controlar las características de reproducción, puede dar una buena respuesta a la selección, en comparación con la selección indirecta para características de crecimiento (Grossi *et al.*, 2009).

Al seleccionar por una sola variable pueden modificarse otras en dirección favorable o desfavorable dependiendo de las correlaciones genéticas entre ellas. Al seleccionar simultáneamente por varias características el progreso en cada una de ellas es en general menor, pero el retorno económico acumulado es

mayor si se estima adecuadamente la ponderación óptima que debe otorgarse a cada una de ellas. Los índices de selección permiten la identificación de aquellos individuos que al ser usados como reproductores, logran el mejoramiento genético que maximiza el retorno económico (Mueller, 2000).

La respuesta a la selección podría ser más eficiente si se consideraran simultáneamente caracteres con alta heredabilidad, y positivamente correlacionados con el rendimiento de grano. Al respecto, se ha realizado con éxito la investigación para la selección simultánea de caracteres en especies animales y vegetales (Bujak *et al.*, 2007).

Rodríguez *et al.*, (2016) mencionan que los índices de selección son una herramienta de gran utilidad ya que permiten identificar genotipos que involucren varias características simultáneas y cuyo objetivo principal es maximizar el promedio del valor genético de una población.

## **Heterosis**

La heterosis es un fenómeno en el que el individuo resultante del cruzamiento entre dos genotipos, es superior en crecimiento, tamaño, rendimiento y vigor, fenómeno que puede presentarse en todos los individuos heterocigotos (Gutiérrez *et al.*, 2002).

La heterosis es un fenómeno que se presenta en la mayoría de especies alógamas como el maíz, donde los híbridos superan a sus progenitores en uno o más caracteres, entre los que sobresale el rendimiento de grano. Por lo tanto, los métodos de mejoramiento genético para la formación de híbridos tiene como objeto final capitalizar al máximo la heterosis en los progenitores seleccionados (Ramírez *et al.*, 2007).

La hibridación en cultivos tiene como objetivo incrementar los rendimientos, lo cual requiere conjuntar caracteres complementarios y obtener uniformidad y reproducibilidad en caracteres productivos importantes. Se han encontrado evidencias de sobredominancia causando heterosis en rendimiento (Semel *et al.*, 2006).

El maíz híbrido fue uno de los primeros ejemplos de la teoría genética aplicada con éxito en la producción de alimentos, la base genética de la heterosis sigue siendo desconocida (Duvick, 2001). La base de la formación de híbridos comerciales son las líneas endogámicas de buena aptitud combinatoria: sin embargo, el éxito de la obtención de líneas sobresalientes, depende del nivel de variabilidad genética presente en la población segregante y de la frecuencia génica de alelos de interés (Borel *et al.*, 2013).

La heterosis es el resultado de la adición e interacción de un gran número de factores genéticos, aportados por los progenitores y reunidos en el híbrido resultante, basándose en las hipótesis de dominancia y de sobredominancia, por lo que, en términos de acción génica, la heterosis se debe principalmente a efectos de interacción entre alelos y de dominancia. Así, para aprovechar los efectos positivos de la heterosis en la formación de híbridos de maíz, se busca identificar fuentes de germoplasma con potencial heterótico (Esquivel *et al.*, 2011).



### III. MATERIALES Y MÉTODOS

#### **Material Genético**

El material genético utilizado en esta investigación constó de 5 líneas élite de porte enano con avanzado grado de endogamia y sus cruzas directas y recíprocas, pertenecientes al programa de mejoramiento de Bajío del Instituto Mexicano del Maíz (IMM) Dr. Mario E. Castro Gil, de la “Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro”.

Los cruzamientos del dialélico entre las líneas enanas se realizaron en el campo directo del Instituto Mexicano del Maíz durante el ciclo P-V del 2014, obteniendo las cruzas simples posibles. Estas cruzas y sus parentales, se ensayaron para observar su comportamiento agronómico en dos ambientes de Buenavista, Saltillo, Coah. en el ciclo P-V del 2015 y dos más durante la P-V del 2016.

En el 2015, se incorporaron 2 líneas más al grupo, con el fin de tener una mayor cantidad de cruzas simples, para hacer los cruzamientos correspondientes del dialélico durante el ciclo P-V 2015, en el cual se esperarían un total de 42 cruzas entre directas y recíprocas más los parentales, sin embargo, por cuestiones no controlables solo se obtuvieron 32 cruzas y sus parentales, las cuales se evaluaron en dos ambientes de Buenavista, Saltillo, Coah. en el ciclo P-V del 2016.

**Cuadro 3.1.** Genealogía de las líneas utilizadas en este trabajo de investigación

Línea	Genealogía
0101	255-18-19
0102	PEEC1-24
0103	PEGC1-61
0104	PE-212-1-2
0105	[(M16*PE-115-3-13)*M16]-1-2
0106	115
0107	MZCA-LAR

### Ubicación del Sitio Experimental

Los ambientes de evaluación se ubican en la sede de la Universidad en la ex-hacienda de Buenavista, Municipio de Saltillo, a 7 km, al sur de esta ciudad, sobre la carretera 54 (Saltillo-Zacatecas). La descripción general de ubicación y las condiciones ambientales se presenta en el Cuadro 3.2.

**Cuadro 3.2.** Localización geográfica y condiciones agroecológicas de los ambientes de evaluación utilizados en este estudio.

Año	Ambientes	Coordenadas geográficas		
		Latitud (Norte)	Longitud (Oeste)	Altitud (msnm)
2015	UAAAN IMM 1	25° 20'	101° 01'	1,815
	UAAAN BAJIO 2	25° 21'	101° 02'	1,730
	UAAAN IMM 3	25° 20'	101° 01'	1,815
2016	UAAAN BAJIO 4	25° 21'	101° 02'	1,730

#### Descripción Climática:

Temperatura media anual	19.8 °C
Precipitación media anual	350 a 400 mm
Tipo de clima	BW hw (x") (e)

Fuente: Campos Experimentales UAAAN, 2011.

### **Diseño Experimental**

El establecimiento de los experimentos se realizó bajo un diseño de bloques al azar con arreglo alfa látice (0,1) con dos repeticiones por ambiente. La parcela experimental consistió en un surco de 3.84 m, donde se sembraron 33 semillas espaciadas a 11.6 cm. El espaciamiento entre surcos fue de 0.80 m dando una densidad de 110,000 plantas por hectárea.

### **Siembra**

Las fechas de siembra en cada ambiente fueron las siguientes:

Ambientes	Fechas	Temp. media anual
UAAAN IMM 1:	4 de abril del 2015	20 °C
UAAAN BAJÍO 2:	12 de mayo del 2015	20 °C
UAAAN IMM 3:	3 de marzo del 2016	18.3 °C
UAAAN BAJÍO 4:	8 de abril del 2016	18.3 °C

### **Fertilización**

La fórmula de la fertilización fue 240-100-100 aplicando la mitad de nitrógeno con todo el fosforo y el potasio a la siembra, la otra mitad del nitrógeno se aplicó al primer cultivo.

## **Riegos**

Los primeros tres ensayos se sembraron en seco y posteriormente se aplicó el riego de emergencia de plántula a través de cintillas. En el cuarto ambiente debido a las condiciones del suelo, tuvo que sembrarse en tierra venida, posterior a esto los riegos fueron aplicados por medio de la cintilla.

## **Labores Culturales**

Las labores culturales durante el ciclo del cultivo fueron realizadas de forma oportuna y de acuerdo a las necesidades en cada ambiente de estudio, buscando obtener los mejores resultados, haciendo énfasis en los momentos oportunos del cultivo.

## **Control de Malezas**

El control de malezas se realizó en forma química aplicando el ingrediente activo (atrazina) con el nombre comercial Gesaprim Calibre 90 cuando las malezas emergieron en el terreno para evitar una infestación.

## **Control de Plagas**

Para el control de plagas se aplicó el producto Proclaim 5GS, con ingrediente activo (benzoato de emamectina) para controlar el gusano cogollero durante el desarrollo vegetativo y para controlar daños foliares se aplicó el producto Topgard 75 WP con ingrediente activo (Cyromazina 75%).

## **Cosecha**

Se cosechó la parcela útil en forma manual, para posteriormente registrar el peso del campo. Se realizó el desgrane para hacer una muestra representativa y así poder determinar el porcentaje de humedad y el peso hectólitrico.

## **Variables Estudiadas**

Las características agronómicas que se tomaron en cuenta, fueron las que se consideran de mayor importancia en la selección de los materiales de interés, mismas que se mencionan a continuación:

### **Días a Floración Masculina (DFM)**

Son los días transcurridos desde la fecha de siembra hasta que el 50 % de las plantas de la parcela experimental se encuentren en anthesis.

### **Días a Floración Femenina (DFF)**

Son los días transcurridos desde la siembra hasta que el 50 % de las plantas de la parcela experimental presentan estigmas visibles de 2 cm de longitud en promedio.

### **Altura de Planta y de Mazorca (AP, AM)**

Longitud existente entre la base del tallo y la hoja bandera y de la base del tallo hasta la inserción de la mazorca principal, respectivamente. La medida se

realizó en 5 plantas representativas de la parcela para posteriormente sacar el promedio y expresarlo en centímetros.

### **Acame de Raíz (AR)**

Se considera al acame de raíz como aquellas plantas que presentan una inclinación igual o mayor a 30° con respecto a la vertical. Se contabilizó el número de plantas por parcela útil con acame de raíz, para posteriormente sacar el porcentaje entre plantas con acame y plantas sanas.

### **Acame de Tallo (AT)**

Se consideran como acamadas a aquellas plantas que presentan el tallo parcial o totalmente quebrado por debajo de la mazorca principal. Para esta variable se contaron las plantas de la parcela experimental con la presencia de este signo, para posteriormente obtener la relación entre plantas con acame de tallo y plantas sanas y poderlas expresar en porcentaje.

### **Plantas con *Fusarium* (FUS)**

Se contabilizó el número de plantas con daños causados por este hongo en cada parcela experimental, para posteriormente obtener la relación entre plantas sanas y plantas con (*fusarium spp.*) se expresó en porcentaje.

**Calificación de Planta (CP)**

Se refiere a un valor asignado a la planta en base a su apariencia visual por parcela útil, en la que se considera el porte, sanidad y uniformidad de la planta. La escala asignada es de 1 a 9; uno, muy malo y nueve, muy bueno.

**Calificación de Mazorca (CM)**

Calificación visual en base al total de mazorcas cosechadas por parcela útil que considera llenado de grano, sanidad, tamaño y calidad de semilla y uniformidad de las hileras tomando una escala de 1 a 9; donde: 1 corresponde a lo peor y más variable; y el 9 corresponde a lo mejor, más sano y uniforme.

**Peso de Campo (PC)**

Es el peso de las mazorcas cosechadas en cada parcela al momento de la cosecha y está expresado en kilogramos.

**Humedad de Grano (HUM)**

Es el porcentaje de humedad contenida en el grano al momento de la cosecha. La medida se obtuvo con el aparato Dickey John (mini GAC plus), a partir de una muestra aleatoria de grano de varias mazorcas de cada parcela.

**Peso Hectólitrico (PHL)**

Representa el peso del grano contenido en un recipiente de 100 litros, es muy importante para la comercialización de granos, ya que esta traduce la

cantidad del peso específico de grano que hay en un volumen determinado, se estimó con el aparato Dickey John (mini GAC plus).

### **Rendimiento de Mazorca en t ha<sup>-1</sup> al 15.5 % de Humedad (REND)**

Valor que se obtiene de multiplicar el valor de peso seco por un factor de conversión, las fórmulas para estimar cada uno se describen a continuación:

El peso seco (PS) fue estimado multiplicando el porcentaje de grano seco por el peso de campo (PC).

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

Donde:

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

PC= Peso de campo en Kg.

$$FC = \frac{10000}{APU \times 1000 \times .845}$$

Donde:

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

0.845= Constante para transformar el rendimiento de peso seco al 15.5 % de humedad.

1,000= Coeficiente para obtener el rendimiento en t ha<sup>-1</sup>.

10,000= Valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m<sup>2</sup>.



## **Análisis de los Datos Agronómicos**

### **Análisis Combinando**

En primer lugar los datos de las variables de los genotipos evaluados fueron analizados bajo un diseño de bloques al azar con el programa SAS versión 9.0, en forma combinada a través de los ambientes, todo esto para saber si dentro de las variables había diferencia entre híbridos, entre ambientes y la magnitud de la interacción.

El modelo lineal para el análisis combinado fue el siguiente:

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

Donde:

$Y_{ijk}$  = Variable aleatoria observable correspondiente al  $i$ -ésimo ambiente, a la  $j$ -ésima repetición dentro de cada ambiente, al  $k$ -ésimo genotipo;  $\mu$  = Media general;  $A_i$  = Efecto de la  $i$ -ésimo ambiente;  $R_{j(i)}$  = Efecto de la  $j$ -ésima repetición dentro del  $i$ -ésimo ambiente.  $G_k$  = Efecto del  $k$ -ésimo genotipo;  $AG_{ik}$  = Efecto conjunto del  $i$ -ésimo ambiente y el  $k$ -ésimo genotipo;  $\varepsilon_{ijk}$  = Error experimental.

$i = 1, 2, \dots, A$ , Ambientes.

$j = 1, 2, \dots, R$ , Repeticiones.

$k = 1, 2, \dots, G$ , Genotipos.

### **Análisis Dialélico Combinado**

El sistema de apareamiento empleado fue el método I de (Griffing, 1956), el cual permitió generar cruzas directas y recíprocas e incrementar los parentales a partir de  $p$  líneas progenitores, originando  $p(p-1)$  genotipos diferentes.

Si bien, el método I se utilizó por ser el más completo, sin embargo, para el estudio de los componentes genéticos se utilizó el método III modelo II de (Griffing, 1956).

El análisis de componentes genéticos y la estimación de heredabilidad se realizó a través de los cuatro ambientes mediante el método III modelo II de (Griffing, 1956) con la rutina computacional DIALLEL-SAS05, propuesto por Zhang *et al.*, (2005). Cuyo modelo genético se presenta a continuación:

$$Y_{ijklm} = \mu + A_i + R_{j(i)} + g_k + g_l + s_{kl} + m_m + Ag_{ik} + Ag_{il} + As_{ikl} + Am_{im} + \mathcal{E}_{ijklm}$$

Donde:

$Y_{ijklm}$  = Variable de respuesta;  $\mu$  = Efecto de la media general;  $A_i$  = Efecto del  $i$ -ésimo ambiente;  $R_{j(i)}$  = Efecto de la  $j$ -ésima repetición dentro del  $i$ -ésimo ambiente;  $g_k$  = Efecto de la aptitud combinatoria general del padre  $k$ ;  $g_l$  = Efecto de la aptitud combinatoria general del padre  $l$ ;  $s_{kl}$  = Efecto de la aptitud combinatoria específica de los padres  $k$  y  $l$ ;  $m_m$  = Efecto recíproco;  $Ag_{ik}$  = Efecto de la interacción entre el  $i$ -ésimo ambiente y la aptitud combinatoria general del padre  $k$ ;  $Ag_{il}$  = Efecto de la interacción entre el  $i$ -ésimo ambiente y la aptitud combinatoria general del padre  $l$ ;  $As_{ikl}$  = Efecto de la interacción entre el  $i$ -ésimo ambiente y la aptitud combinatoria específica de los padres  $k$  y  $l$ ;  $Am_{im}$  = Efecto de la interacción entre el  $i$ -ésimo ambiente y el efecto recíproco y;  $\mathcal{E}_{ijklm}$  = Error experimental.

La estructura de análisis de varianza y las esperanzas de cuadrados medios se presenta en el Cuadro 3.3

**Cuadro 3.3.** Estructura del análisis genético combinado a través de ambientes del modelo II, método III de Griffing.

Fuentes de variación	G.l.	CM	ECM
Ambientes (AMB)	a-1		
Repeticiones (REP)	a(r-1)		
Hibrido (HIB)	p(p-1)		
ACG	p-1	M1	$\sigma_e^2 + 2r((p^2-p+1)/p^2) \sigma_{sa}^2 + 2r((p^2-p+1)/p^2) \sigma_s^2 + 2rp\sigma_{ga}^2 + 2rp/\sigma_g^2$
ACE	p(p-3)/2	M2	$\sigma_e^2 + 2r((p^2-p+1)/p^2) \sigma_{sa}^2 + 2r((p^2-p+1)/p^2) \sigma_s^2$
ER	p(p-1)/2	M3	$\sigma_e^2 + 2r\sigma_{ra}^2 + 2r/\sigma_r^2$
EM	p-1	M4	$\sigma_e^2 + 2r\sigma_{ra}^2 + 2r/\sigma_r^2 + 2rp + 2rp\sigma_{ma}^2 + 2rp/\sigma_m^2$
ENM	(p-1)(p-2)/2	M5	$\sigma_e^2 + 2r\sigma_{ra}^2 + 2r/\sigma_r^2$
HIB*AMB	p(p-1)(a-1)	M6	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ha}^2$
ACG*AMB	(p-1)(a-1)	M7	$\sigma_e^2 + 2r((p^2-p+1)/p^2) \sigma_{sa}^2 + 2r\sigma_{ga}^2$
ACE*AMB	p(p-3)(a-1)/2	M8	$\sigma_e^2 + 2r((p^2-p+1)/p^2) \sigma_{sa}^2$
ER*AMB	p(p-1)(a-1)/2	M9	$\sigma_e^2 + 2r \sigma_{ra}^2$
EM*AMB	(p-1)(a-1)	M10	$\sigma_e^2 + 2r \sigma_{ra}^2 + 2rp\sigma_{ma}^2$
ENM*AMB	(p-1)(p-2)(a-1)/2	M11	$\sigma_e^2 + 2r\sigma_{ra}^2$
Error	{p(p-1)}{a(r-1)}	M12	$\sigma_e^2$

G.l.=Grados de libertad; ACG= Aptitud Combinatoria General; ACE=Aptitud Combinatoria Especifica; ER=Efectos Recíprocos; EM=Efectos Maternos; ENM=Efectos No Maternos; CM=Cuadrados Medios; ECM=Esperanza de Cuadrados Medios.

Con base al análisis de varianza combinado (Cuadro 3.3) y a partir de los cuadrados medios de este, se calculó  $\sigma_A^2$ ;  $\sigma_D^2$ ;  $\sigma_F^2$  y la heredabilidad en sentido estrecho:

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2}$$

También se realizó el cálculo del grado promedio de dominancia descrito por (Comstock y Robinson, 1952):

$$\bar{d} = \sqrt{\frac{2\sigma_D^2}{\sigma_A^2}}$$

Se calculó el porcentaje de los efectos de ACG, ACE, ER, EM y ENM con base en las sumas de cuadrados, con respecto a la proporción que ocupan cuando las cruzas se dividen en estos efectos.

Una vez estimados los componentes genéticos, el siguiente paso fue elección de las cruzas simples con comportamiento similar para formar el sintético, así como, la identificación de cruzas simples complementarias que sirvan como poblaciones para la derivación de líneas enanas superiores. Se utilizó un índice de selección propuesto por Barreto *et al.*, (1991).

El primer paso para elección confiable, fue tratar de construir el índice de selección óptimo con al menos 3 variables agronómicas de interés representativas de: i) componentes de rendimiento; ii) componentes fitosanitarios; iii) porte de plantas. Para ello fue necesario conocer el agrupamiento natural entre las 15 variables evaluadas por lo que primeramente se realizó un análisis para explorar las tendencias naturales de agrupamiento entre ellas, es decir, aquellas que se ubicaran en el mismo cuadrante tendrían una asociación natural.

### **Gráfico Biplot**

Dicho análisis se empleó en la visualización de la agrupación natural que existe entre las variables y con el fin de seleccionar la variable más representativa

de cada sector tomando en cuenta la heredabilidad del carácter se hace mención de todas las variables en estudio: días a floración masculina (DFM), días a floración femenina (DFF), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM), porcentaje de plantas con acame de raíz (AR), porcentaje de plantas con acame de tallo (AT), porcentaje de plantas con *Fusarium* spp. (FUS), porcentaje de mazorcas con mala cobertura (MC) calificación de planta (CP), total de plantas cosechadas (PC), total de mazorcas cosechadas (MZC) calificación de mazorca (CM), rendimiento de mazorca en t ha<sup>-1</sup> (REND), porcentaje de humedad (HUM), peso hectólitrico (PHL).

Para ello fue necesaria la estandarización de los datos que se encuentran en diferentes unidades (días, %, t ha<sup>-1</sup>, cm, etc.) es el requisito primordial para la utilización de este análisis (Crossa *et al.*, 2000). Para estandarizar estos valores se aplicó la fórmula de Z:

$$Z = \frac{Xi - \bar{X}}{S}$$

Dónde:

Z = Valor estandarizado; Xi = valor observado;  $\bar{X}$  = promedio; S= desviación estándar de la variable en cuestión.

Una vez realizada la estandarización de las 15 variables, se procedió con el acomodo en una tabla de contingencia, donde los genotipos conformaron las filas y las variables fueron las columnas, de esta forma se analizó el modelo AMMI para la generación de su gráfico Biplot cuya rutina fue propuesta por (Vargas y Crossa, 2000).

Modelo lineal AMMI:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + R_{ij}$$

Dónde:

$Y_{ij}$ = comportamiento del  $i$ -ésimo genotipo en la  $j$ -ésima variable;  $\mu$  = media general;  $g_i$  = efecto del  $i$ -ésimo genotipo;  $e_j$  = efecto del a  $j$ -ésima variable;  $\lambda_k$  = raíz cuadrada del vector característico del  $k$ -ésimo eje del ACP;  $\alpha_{ik}$ = calificación del ACP para el  $k$ -ésimo eje del  $i$ -ésimo genotipo;  $\gamma_{jk}$ = calificación del ACP para el  $k$ -ésimo eje de la  $j$ -ésima variable;  $R_{ij}$ = residual del modelo con  $\sim \text{DNI} \left( \frac{\sigma^2}{r} \right)$ .

### Índices de Selección

Una vez identificado el agrupamiento natural se llevó a cabo la identificación de los genotipos sobresalientes en el cual se consideraron 4 variables agronómicas en base a su representatividad y heredabilidad visualizadas en cada cuadrante, las cuales fueron: rendimiento (REND), altura de mazorca (AM), días a floración masculina (DFM), porcentaje de plantas con

*Fusarium* ssp. (FUS). Tomando en cuenta lo anterior se utilizó el método de índices de selección (IS) el cual se basa en la selección simultánea de varios caracteres desarrollada por Barreto *et al.*, (1991), cuya fórmula se describe a continuación:

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

Donde:

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

La meta de selección asignada a cada variable se refiere a las unidades de desviación estándar del promedio que se desea lograr en la selección. La meta toma valores de -3 a +3, con valor negativo la selección será para aquellos genotipos que se encuentren por debajo de la media de la población para la variable en evaluación; por el contrario, con valores positivos aquellos genotipos que se encuentren por arriba de la media de la población y para seleccionar genotipos que se encuentren cercanos al promedio se utilizan metas con valor de cero.

La intensidad de selección es el grado de importancia que se le asignan a cada una de las variables a ser utilizadas en la selección y toma valores de 1 a

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

### **Heterosis**

El cálculo de la heterosis se realizó solo para la variable de rendimiento para conocer la explotación de este fenómeno en esta variable, utilizando la fórmula del promedio de los progenitores que se describe a continuación:

$$H = F1 - \frac{\frac{P1+P2}{2}}{\frac{P1+P2}{2}} * 100$$

### **Criterios de Selección**

La selección de las cruzas simples para la formación de la variedad sintética; fue elegir aquellas que sean muy semejantes en altura, precocidad, sanidad y rendimiento para generar una variedad uniforme basados en lo propuesto por Barreto *et al.*, (1991) quienes mencionan que los genotipos con el menor valor del índice, se pueden considerar como superiores. De igual forma para la elección de cruzas simples, como poblaciones, se auxilió del análisis de varianza con los valores de índices de selección por repetición y de la prueba rango múltiple Tukey en atención a las cruzas simples con el mejor índice de selección de acuerdo a la clasificación realizada por la prueba de Tukey.



#### IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Para cumplir con los objetivos planteados en este trabajo, así como para comprobar las hipótesis, en la primera parte de este trabajo se presentan los resultados y discusión obtenidos del análisis de varianza (ANVA), los cuales se concentran en el Cuadro 4.1 y 4.2 correspondiente al primer y segundo ambiente de evaluación (cruzamiento del dialélico completo) y al tercero y cuarto ambiente de evaluación (cruzamiento del dialélico parcial) respectivamente. Además, se discutirá un análisis dialélico, modelo II método III combinado de los 4 ambientes, con la finalidad de conocer las diferencias en efectos de ACG, ACE, efectos recíprocos y heredabilidad.

La información procesada proviene del comportamiento agronómico de 20 cruza simples, en forma directa y recíproca (dialélico completo), que se formaron por apareamiento dirigido de 5 líneas del grupo germoplásmico de maíz denominado enano, evaluados en dos ambientes en el 2015, además de 32 cruza simples, formadas a partir de 7 líneas (dialélico parcial) evaluados en dos ambientes en el 2016.

##### **Análisis Combinado del 2015**

Para el Cuadro 4.1, en la fuente de variación de Ambientes, se observaron diferencias altamente significativas al ( $P \leq 0.01$ ) y significativas al ( $P \leq 0.05$ ),

**Cuadro 4.1.** Cuadrados medios del análisis de varianza de 20 híbridos formados a partir de 5 líneas, considerando cruzas directas y recíprocas. Evaluados en dos ambientes en Buenavista Saltillo Coahuila P-V del 2015.

F.v.		AMB	REP(AMB)	HIB	AMB*HIB	ERROR	TOTAL	C.v.	MEDIA
G.l.		1	2	19	19	38	79		
<b>DFM</b>	Días	938.45 **	9.42 *	10.17 **	3.89	2.66		2.28	71.45
<b>DFF</b>	Días	1132.51 **	5.41	11.27 **	7.091 **	2.78		2.26	73.51
<b>AP</b>	Cm	3087.61 **	412.71 **	376.05**	51.66	75.68		6.11	142.33
<b>AM</b>	Cm	1814.51 **	400.06 **	197.08**	30.80	43.16		9.65	68.03
<b>AR</b>	%	28.80	23.72	51.29 *	24.48	22.51		177.38	2.67
<b>AT</b>	%	82.01 *	23.56	36.54 *	24.74	17.82		250.19	1.68
<b>MC</b>	%	627.20 **	165.62	397.79**	79.80	80.01		64.23	13.92
<b>FUS</b>	%	594.05 *	1497.02**	346.85**	172.44	144.78		117.96	10.20
<b>CP</b>	1-9	0.80	0.50	2.80 **	0.69	0.52		22.54	5.82
<b>PC</b>	#	4898.45 **	104.45 **	13.88	14.82	20.05		16.21	27.62
<b>MZC</b>	#	4882.81 **	48.96 *	14.56	17.04	14.51		14.64	26.01
<b>CM</b>	1-9	1.012	0.21	0.84 *	0.27	0.42		10.70	6.90
<b>REND</b>	t ha <sup>-1</sup>	0.00013	37.78 *	35.29 **	12.68	348.35		16.95	17.85
<b>PHL</b>	Vol.	149.33 **	53.83 **	8.37 *	6.83 *	3.59		2.67	70.76
<b>HUM</b>	%	63.54 **	32.93 **	2.10	1.75	1.19		5.03	21.70

\*,\*\*; significancia a ( $P \leq 0.05$ ) y ( $P \leq 0.01$ ) respectivamente; F.v.= Fuente de variación; AMB=Ambientes; REP(AMB)=Repeticiones dentro de ambientes; HIB=Híbridos; C.v.= Coeficiente de variación; G.l.=Grados de libertad; DFM=Días a Floración Masculina; DFF=Días Floración Femenina; AP= Altura de Planta; AM= Altura de Mazorca; AR= Porcentaje de Plantas Acame de Raíz; AT= Porcentaje de Plantas con Acame de Tallo; MC= porcentaje de mazorcas con Mala Cobertura; FUS= porcentaje de plantas con *Fusarium* spp.; CP= Calificación de Planta; PC=Plantas Cosechadas; MZC= Mazorcas Cosechadas; CM= Calificación de Mazorca; REND=Rendimiento; PHL= Peso Hectólitrico; HUM= Porcentaje de Humedad.

para la mayoría de las variables, lo cual se atribuye principalmente a que los ambientes involucrados no presentan las mismas condiciones climáticas, edáficas y sobre todo al manejo agronómico en particular en cada ambiente de evaluación. (Pérez *et al.*, 2014) mencionan que los componentes principales de la variabilidad cuando se realizan ensayos a través de ambientes en el mismo año son; el clima, la precipitación pluvial, la altitud, ubicación geográfica y el tipo de suelo. Dichas diferencias resultan de gran importancia ya que permiten observar el comportamiento de los híbridos a través de diferentes condiciones ambientales, aumentando la efectividad de la selección y permitiendo detectar ambientes de excelente capacidad discriminatoria para la evaluación de una variable en particular.

Con lo anterior se comprueba que el ambiente juega un rol importante en la expresión del fenotipo cuando se trabaja sobre caracteres cuantitativos y cualitativos. Así como la importancia de involucrar más ambientes de evaluación para tener un conocimiento más preciso del potencial del material genético en estudio.

Por otro lado, para las variables de AR, CP, CM, REND, no hubo diferencias significativas. Lo anterior indica que los ambientes no modifican su expresión, es decir, los valores de los ambientes no cambian para estas variables.

La fuente de variación de repeticiones dentro de ambientes, presentaron diferencias altamente significativas al ( $P \leq 0.01$ ) para las variables de AP, AM, FUS, PC, PHL, HUM y diferencias significativas al ( $P \leq 0.05$ ) para las variables REND, DFM y MZC, dichas variables se comportaron de manera diferente en cada repetición dentro de cada uno de los ambientes de evaluación, por lo que se considera que el diseño fue eficaz, ya que permitió observar las diferencias que hubo entre las repeticiones y así minimizar el efecto del error experimental para tener una mejor apreciación de las diferencias entre los genotipos, y no significativas, para las variables restantes, las repeticiones no mostraron diferencias para estas variables.

Con respecto a la fuente variación de híbridos, la mayoría de las variables mostraron diferencias altamente significativas al ( $P \leq 0.01$ ) y significativas al ( $P \leq 0.05$ ), considerando la relación existente entre las líneas no era de esperarse la significancia que se presenta, sin embargo, de alguna u otra forma los materiales expresan caracteres cualitativos o cuantitativos diferentes al cruzarse. A excepción de las variables PC, MZC y HUM, que no mostraron significancia.

A pesar de que todas las cruzas simples se originaron dentro del mismo grupo heterótico las líneas involucradas presentan discrepancia en cuanto a su ciclo biológico, grado de parentesco, tipo de planta y sobre todo al tipo de selección realizada, entre otros. Por tales motivos se diferenciaron unos de otros. Lo cual es de suma importancia, ya que al menos uno es diferente al resto, esto permitirá hacer una selección más adecuada y que más convenga el programa.

Para la interacción de ambiente por híbrido, se mostraron diferencias altamente significativas al ( $P \leq 0.01$ ) sólo para la variable de DFF y significativas a ( $P \leq 0.05$ ) para la variable de PHL, lo que indica que las variables cambian de orden relativo a través de ambientes; para las demás variables no se detectaron niveles de significancia, indicativo de que las variables presentan un comportamiento estable a través de los ambientes. Por lo tanto, las cruzas simples presentan un buen grado de estabilidad, aun así, es necesario contar con un mayor número de ambientes para reiterar la afirmación anterior. Para las

variables que presentaron significancia, la selección aplicable en ellas tendrá que ser de lo más detallada y cuidadosa, ya que es necesario conocer el comportamiento de los materiales y además precisar cuáles son los mejores y peores en cada ambiente de interés.

Al respecto Abbott y Pistorale, (2011) mencionan que cuando la interacción genotipo x ambiente es significativa a través de cada ambiente, se ve reducida la utilidad de los promedios de los genotipos sobre todos los ambientes para la identificación de genotipos superiores. La detección de interacción G x A en ensayos de campo ha llevado al desarrollo de procedimientos que son llamados genéricamente análisis de estabilidad. Según Cruz *et al.*, (2004) los análisis de estabilidad y adaptabilidad, posibilitan la identificación de cultivares de comportamiento previsible y que respondan a las variaciones ambientales.

En esta evaluación los coeficientes de variación se mostraron bajos para las variables de DFM, DFF, AP, AM, PC, MZC, REND, PHL y HUM, mientras que, para AT, AR, MC y FUS presentaron coeficientes de variación altos, pero aceptables en este experimento, ya que estos valores fueron calculados en porcentaje.

## Análisis Combinado del 2016

**Cuadro 4.2.** Cuadrados medios del análisis de varianza de 32 híbridos formadas a partir de 7 líneas, considerando cruza directas y recíprocas. Evaluados en dos ambientes en Buenavista, Saltillo, Coahuila P-V del 2016.

F.V.		AMB	REP(AMB)	HÍB	AMB*HÍB	ERROR	TOTAL	C.v.	MEDIA
G.I.		1	2	31	31	62	127		
DFM	Días	0.07	132.53 **	6.27 **	5.21 **	2.21		1.48	82.86
DFF	Días	1.32	195.22 **	6.76	8.75 **	4.01		2.34	85.52
AP	Cm	1188.28 **	2458.40*	1495.08**	811.10	706.59		17.16	154.87
AM	Cm	2983.78 **	420.25 **	464.28 **	69.95	71.12		10.39	81.14
AR	%	2415.12 **	36.82	338.07 **	213.68**	73.15		139.99	6.10
AT	%	126.01	16.97	70.15 **	42.97	32.02		122.98	4.60
MC	%	2128.72 **	16.01	455.13 **	132.31	160.52		106.90	11.54
FUS	%	1992.38 **	565.60 **	256.03 **	160.17**	71.81		52.02	16.28
CP	1-9	13.78 **	0.56	5.06 **	2.40 **	0.93		15.42	4.89
PC	#	29.07 **	4.35	2.22	3.40	3.28		5.27	32.19
MZC	#	8.50	7.53	52.28 **	18.79 *	10.13		11.42	27.39
CM	1-9	6.12 *	0.26	6.32 **	1.46	0.95		17.95	5.45
REND	t ha <sup>-1</sup>	11.63	3.35	36.14 **	8.51	5.70		20.68	10.88
PHL	Vol.	908.97 **	19.37 *	13.14 **	6.33	5.52		3.44	68.21
HUM	%	113.06 **	50.58 **	4.02 **	3.22 *	1.78		5.61	23.78

\*, \*\*; significancia a ( $P \leq 0.05$ ) y ( $P \leq 0.01$ ) respectivamente; F.v.= Fuente de variación; AMB=Ambientes; REP(AMB)=Repeticiones dentro de ambientes; HÍB=Híbrido; C.v.= Coeficiente de variación; G.I.=Grados de Libertad; DFM=Días a Floración Masculina; DFF=Días Floración Femenina; AP= Altura de Planta; AM= Altura de Mazorca; AR= Porcentaje de Plantas Acame de Raíz; AT= Porcentaje de Plantas con Acame de Tallo; MC= porcentaje de mazorcas con Mala Cobertura; FUS= porcentaje de plantas con *Fusarium* spp.; CP= Calificación de Planta; PC=Plantas Cosechadas; MZC= Mazorcas Cosechadas; CM= Calificación de Mazorca; REND=Rendimiento; PHL= Peso Hectólitrico; HUM= Porcentaje de Humedad.

Al analizar el Cuadro 4.2 del tercer y cuarto ensayo de rendimiento del dialélico parcial en la Primavera-Verano del 2016, fue posible detectar diferencias significativas en la fuente de variación de ambientes al ( $P \leq 0.01$ ) para las variables de AP, AM, AR, MC, FUS, CP, PC, PHL y HUM y significativas al ( $P \leq 0.05$ ), solo para la variable de CM. Para el resto de las variables no se detectó significancia, por lo tanto, estas variables no son afectadas por el ambiente y se tiene un comportamiento promedio similar, es decir, el ambiente no afecta su expresión.

La fuente de variación repeticiones dentro de ambiente presentó diferencias altamente significativas al ( $P \leq 0.01$ ) para las variables de DFM, DFF, AM, FUS, HUM y significativas al ( $P \leq 0.05$ ) para las variables AP y PHL, estas variables tuvieron un comportamiento diferente en cada repetición dentro de cada una de los ambientes de evaluación, por lo que se deduce la eficacia del diseño, el cual permitió observar las diferencias que hubo entre las repeticiones.

La fuente de variación de híbridos en su mayoría se mostraron diferencias significativas al ( $P \leq 0.01$ ), a pesar de que las líneas involucradas pertenezcan al mismo grupo heterótico, cada línea con las que fueron formadas presentan discrepancia que puede tener alguna modificación en un carácter cualitativo y/o cuantitativo, aunado a esto las modificaciones o alteraciones que tiene el ambiente en cada genotipo, modificando su desempeño y expresión. Espinoza *et al.*, (2002) manifiestan que la generación de híbridos con características superiores y adaptación se basa bajo la complementación de líneas en la cual se permiten aprovechar combinaciones entre alelos que manifiesten la heterosis.

La interacción de ambiente por híbrido mostraron diferencias significativas a ( $P \leq 0.01$ ) para las variables DFM, DFF, AR, FUS y CP, dichas diferencias suelen deberse al comportamiento relativo diferencial que exhiben los genotipos cuando se les somete a diferentes ambientes, mientras que para MZC y HUM, muestra diferencias significativas al ( $P \leq 0.05$ ). Aun así, esto es solo para algunas

variables, dicha interacción no tiene un efecto significativo en las otras variables y si lo tiene es mínimo.

### **Análisis Dialélico Combinado de Cuatro Ambientes del Grupo de Maíz Enano**

Los resultados para el análisis de varianza efectuado con el modelo II método III del dialélico de Griffing, para 15 variables evaluadas, entre otras cosas indican que los ambientes tuvieron efecto significativo al ( $P \leq 0.01$ ) para cada una de las variables evaluadas, este comportamiento es atribuible al manejo agronómico de cada ambiente, ubicación geográfica, condiciones climáticas y edáficas. Lo que coincide con lo mencionado por (De la Cruz *et al.*, 2003) en sentido de que el ambiente modifica las características agronómicas, por lo que es conveniente establecer los ensayos en diferentes ambientes para estimar el valor de los componentes genéticos y separar el efecto del Genotipos y del Ambiente.

Para la fuente de variación de repeticiones dentro de ambientes, la significancia fue del ( $P \leq 0.01$ ) para las variables de DFM, DFF, AP, AM, FUS, PC, H, PHL y ( $P \leq 0.05$ ) para CP y REND, a excepción de AR, AT, MC, MZC y CM, mostrando que para estas últimas variables las repeticiones no tuvieron efecto y/o que su efecto tuvo un comportamiento promedio similar en cada ambiente.



**Cuadro 4.3.** Cuadrados medios del análisis dialélico de 20 híbridos formadas a partir de 5 líneas, considerando cruzas directas y recíprocas, evaluados en cuatro ambientes durante el 2015 y 2016.

F.v.	G. I.	DFM	DFF	AP	AM	AR	AT	MC	FUS	CP	PC	MZC	CM	REND	PHL	HUM
		Días	Días	Cm	Cm	%	%	%	%	1-9	#	#	1-9	t ha <sup>-1</sup>	Vol.	%
<b>AMB</b>	3	1968.57**	2179.25**	1841.04**	2459.85**	379.25 **	233.14**	665.95**	1806.07**	20.98**	1908.83**	1672.78**	36.90**	753.48**	306.14**	96.47**
<b>REP(AMB)</b>	4	39.99 **	63.13 **	446.98 **	316.21 **	49.98	29.73	144.46	909.16 **	3.01 *	52.7812**	29.19	0.09	23.61 *	29.95 **	27.81**
<b>HÍBRIDO</b>	19	12.62 **	10.49 **	476.94 **	418.88 **	220.91 **	50.36 *	469.74**	254.95 **	8.26 **	6.88	42.09 **	4.47 **	49.90 **	11.23 **	5.17 **
<b>ACG</b>	4	31.18 **	20.02 **	1581.77**	1439.82**	659.17 **	149.91**	859.91**	872.79 **	29.61**	13.23	142.95 **	15.26**	182.26**	20.57 **	16.81**
<b>ACE</b>	5	6.28 *	8.48 *	124.34	150.10 *	225.60 **	16.79	644.58**	104.22	2.57	4.58	32.27 *	1.08	11.88	22.37 **	1.13
<b>REC</b>	10	8.36 **	7.68 **	211.33 *	144.91	43.26	27.33	226.25	83.18	2.58 *	5.49	6.66	1.85 **	15.97 *	1.93	2.03 *
<b>MAT</b>	4	14.45 **	12.55 **	139.48	110.38	60.55	23.93	61.76	155.26	2.34	4.62	6.4	2.26 *	22.35 *	3.21	3.84 **
<b>NMAT</b>	6	4.31	4.43	259.23 *	167.93 *	31.73	29.6	335.91*	35.12	2.73 *	6.07	6.84	1.58 *	11.72	1.07	0.83
<b>HIB*AMB</b>	57	4.27 **	7.22 **	79.09	38.92	58.64	48.76 **	152.06	215.60 **	1.91 *	8.97	20.80 *	1.16 *	10.11	6.67	2.02 *
<b>ACG*AMB</b>	12	7.64 **	10.59 **	141.51	80.11	87.75	55.87 *	283.68*	382.33 **	2.68 *	7.23	28.84 *	2.53 **	15.07 *	9.75 *	3.43 **
<b>ACE*AMB</b>	15	3.54	4.56	83.45	38.72	34.43	21.29	103.04	117.79	2.45 *	13.34	29.03 **	0.83	9.37	7.1	0.75
<b>REC*AMB</b>	30	3.3	7.21 **	51.96	22.56	59.09	59.65 **	123.92	197.81 *	1.33	7.47	13.46	0.78	8.5	5.22	1.47
<b>MAT*AMB</b>	12	3.52	9.71 **	76.68	22.92	46.59	93.95 **	182.88	247.95 *	1.13	7.79	18.75	1.13	10.48	7.71	1.49
<b>NMAT*AMB</b>	18	3.15	5.54 *	35.48	22.32	67.43	36.78	84.61	164.39	1.46	7.26	9.94	0.55	7.17	3.56	1.46
<b>ERROR</b>	76	2.3	2.96	103.34	64.18	61.34	26.22	120.27	114.2	1.124	11.46	12.32	0.699	6.8711	4.47	1.19
<b>TOTAL</b>	159															
<b>C. v.</b>		1.9731	2.1691	7.043	11.065	193.38	146.83	89.938	71.8744	20.17	11.327	13.2762	13.748	18.593	3.044	4.8019
<b>MEDIA</b>		77.01	79.31	144.33	72.4	4.05	3.487	12.1937	14.8687	5.2562	29.8937	26.4437	6.0812	14.0982	69.456	22.737

\*,\*\*; significancia a ( $P \leq 0.05$ ) y ( $P \leq 0.01$ ) respectivamente; F.v.= Fuente de variación; AMB=Ambiente; REP(AMB)= Repetición dentro de Ambiente; HIB=Híbrido; ACG=Aptitud Combinatoria General; ACE= Aptitud Combinatoria Especifica; REC= Efectos Recíprocos; MAT= Efectos Maternos; NMAT=Efectos No Maternos; HIB\*AMB= Híbrido por Ambiente; ACG\*AMB= Aptitud Combinatoria General por Ambiente; ACE\*AMB= Aptitud Combinatoria Especifica por Ambiente; C.v.= Coeficiente de variación; G.I.=Grados de libertad; DFM= Días a Floración Masculina; DFF=Días Floración Femenina; AP= Altura de Planta; AM= Altura de Mazorca; AR= Porcentaje de Plantas con Acame de Raíz; AT= Porcentaje de Plantas con Acame de Tallo; MC= Porcentaje de Mazorcas con Mala Cobertura; FUS= Porcentaje de plantas con *Fusarium* spp.; CP= Calificación de Planta; PC=Plantas Cosechadas; MZC= Mazorcas Cosechadas; CM= Calificación de Mazorca; REND=Rendimiento; PHL= Peso Hectólitrico; HUM= Porcentaje de Humedad.

Con respecto a la fuente variación de híbridos, la mayoría de las variables mostraron diferencias altamente significativas a ( $P \leq 0.01$ ) y significativas al ( $P \leq 0.05$ ), este resultado se debe al germoplasma utilizado para la formación de los híbridos. También debe considerarse la variación genética dentro de las líneas. A pesar de que todas las cruza simples se originaron dentro del mismo grupo heterótico, se encontraron diferencias. Lo cual es de suma importancia, esto permitirá hacer una selección más adecuada y que más convenga a los objetivos del programa.

Al desglosar los cuadrados medios de los híbridos en los efectos de ACG y ACE. Se muestra que los efectos genéticos aditivos (ACG), fue significativo para las variables de AP, AM, AR, AT, MC, FUS, MZC y REND. Estas diferencias encontradas en ACG, se pueden atribuir a la base genética de donde se derivaron los progenitores los cuales ha pasado por varios ciclos de selección recurrente.

La Aptitud Combinatoria Específica (ACE) mostró efectos altamente significativos a ( $P \leq 0.01$ ) y significativos a ( $P \leq 0.05$ ) para las variables DFM, DFF, AM, AR, MC, MZC y PHL, es decir, la variabilidad genética no aditiva para estos caracteres fue importante. Antuna *et al.*, (2003) señalan que la proporción relativa de los efectos de ACG y ACE determinada por los cuadrados medios, indica el tipo de acción génica.

El aspecto práctico del mejoramiento genético del maíz por hibridación está basado en el desarrollo de líneas endogámicas y la evaluación de su aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) para la obtención de híbridos comerciales de alto de rendimiento. Al respecto Bernardo (2001), menciona que el comportamiento de las líneas *per se* no proveen una buena medida de su valor en combinaciones híbridas. Lobato *et al.*, (2010) indican que el desarrollo de metodologías simples, rápidas y adecuadas para evaluar nuevas líneas ha sido un problema en la generación de híbridos con alto potencial productivo.

### **Aptitud Combinatoria General y Específica**

Un resumen de los efectos de ACG y ACE los podemos encontrar en el Cuadro 4.3.1. donde se destaca lo siguiente: La línea 0101 puede ser buena donadora para los siguientes efectos AP, AM, FUS, CP, CM, REND y HUM para hacer cruzas complementarias entre líneas del mismo grupo heterótico.

La línea 0102 solo puede aportar efectos de AP, se asume que es la que menores aportaciones hace a nuestro grupo heterótico.

La línea 0103 tiene efectos que pueden ser explotados para DFM, DFF, AP, AR, AT, MC y HUM. A pesar de tener buenos efectos tiende a disminuir la CP, CM y REND, las cuales son de mayor importancia para todo programa de

mejoramiento, enfocado al aumento de rendimiento complementado con los atributos más sobresalientes.

Para la línea 0104, se considera buena en cuanto a su precocidad, reduciendo los DFM, DFF, al igual que AP, AM, MC, obteniendo las plantas más sanas en relación al FUS. Es una de las líneas que tiene aportaciones que no son favorables en cuanto a las variables de AT, CP, CM, REND.

La línea 0105 tiende a reducir la AM, AR, AT y FUS, así como también aportando buenos efectos para CP y CM, tiene un efecto positivo para el REND.

La elección de progenitores que darán paso a la generación de híbridos sobresalientes tiende a ser los de mejores efectos genéticos involucrados en cada uno de los grupos heteróticos, para así poder explotar el germoplasma de una manera más eficiente, para ello, la elección de estos deben de realizar de forma cuidadosa y así seleccionar los más prometedores.

Del total de los datos en el Cuadro 4.3.1 para ACE indican que sólo el 7% presenta efectos significativos. Los pocos efectos de ACE se deben a que las líneas pertenecen al mismo grupo heterótico, esto es de suma importancia para

el programa ya que la heterosis se puede explotar al cruzarlos con el grupo heterótico complementario de altura normal o grupos heteróticos con fondo tropical.

Si bien, estas líneas pertenecen al mismo grupo heterótico, no era de esperarse tal respuesta en los cruzamientos. Reyes *et al.*, (2004) mencionan que se espera que los cruzamientos con mayor ACE resulten al cruzar al menos dos líneas diferentes, sin importar sus efectos ACG. En el presente estudio se encontró que progenitores con efectos bajos o negativos de ACG produjeron buenos cruzamientos. Resultados similares fueron obtenidos por Guillen *et al.*, (2009) al cruzar progenitores con ACG negativa y obtener cruzas con valores positivos de ACE.

Las cruzas con los mayores valores de ACE pueden ser consideradas en programas de mejoramiento genético para formar híbridos. Al observar el comportamiento de los cruzamientos se muestra significancia en ACE sólo para las cruzas 0101\*0105 y 0102\*0103 en AM a ( $P \leq 0.05$ ), estas cruzas tuvieron una modificación fenotípica en cuanto a la altura esperada. Al respecto, se considera conveniente contar con materiales de porte bajo, los que tienen efectos negativos ya que son tolerantes a altas densidades de planta por hectárea, sin descuidar que existe la relación positiva de altura de planta con el potencial de rendimiento de grano (De la Cruz *et al.*, 2010).

Para la variable de mazorcas con MC las cruzas más susceptibles son: 01012\*0105 y 0103\*0104 las cuales muestran una significancia al ( $P \leq 0.01$ ) con valores de 6.38 y 8.78 respectivamente, la mejor craza para esta variable fue la 0104\*0105 con un valor de -6.24, siendo esta la progenie de las dos líneas que presentaron significancia en ACG tanto negativa como positiva respectivamente, dicho resultado produjo la craza menos susceptible ante esta característica fenotípica, es de importancia recalcar el efecto que tiene esta característica ante la problemática de sanidad de este cereal, ya que afecta directamente al rendimiento.

El mejor comportamiento en CP o porte de planta la obtuvo la craza 0101\*0103 es la que tiene un efecto significativo al ( $P \leq 0.05$ ) con un valor de 0.48, cuyas diferencias fueron fácilmente observadas en campo; obtuvo una calificación promedio de 7, valor más alto promediado en las cuatro localidades de evaluación.

Las cruzas más afectadas en relación al PHL fueron 0102\*0104 y 0103\*0105 con significancia al ( $P \leq 0.05$ ).

**Cuadro 4.3.1.** Estimación de efectos directos (ACG, ACE), obtenidos a través del diseño dialéctico de Griffing modelo II, método III de 15 variables agronómicas de 10 cruzas en F<sub>1</sub>.

<b>ACG</b>	<b>DFM</b> Días	<b>DFF</b> Días	<b>AP</b> Cm	<b>AM</b> Cm	<b>AR</b> %	<b>AT</b> %	<b>MC</b> %	<b>FUS</b> %	<b>CP</b> 1-9	<b>PC</b> #	<b>MZC</b> #	<b>CM</b> 1-9	<b>REND</b> t ha <sup>-1</sup>	<b>HUM</b> %	<b>PHL</b> Vol.
<b>0101</b>	0.27	0.62	8.65 **	5.84 **	4.51 **	0.06	3.05	-3.80 *	0.84 **	0.58	2.28 *	0.60 **	2.52 **	-0.62 *	0.64
<b>0102</b>	0.89	0.66	1.32	4.59 **	2.78 **	0.20	-1.82	2.30	-0.13	-0.59	0.89	0	0.36	0.51	-1.02 *
<b>0103</b>	-0.80	-0.43	-3.88 *	-0.03	-2.87 **	-1.07	-2.99	0.97	-0.77 **	0.12	-2.11 *	-0.73 **	-2.30 **	-0.40	0.23
<b>0104</b>	-0.90	-0.82	-6.32 **	-2.88 *	-0.13	2.74 **	-4.05 *	5.36 **	-0.71 **	-0.50	-1.20	-0.35 *	-1.55 *	-0.23	-0.23
<b>0105</b>	0.54	-0.03	0.24	-7.51 **	-4.29 **	-1.94 *	5.80 **	-4.80 *	0.78 **	0.39	0.14	0.49 **	0.98	0.73 **	0.39
<b>ACE</b>	<b>DFM</b> Días	<b>DFF</b> Días	<b>AP</b> Cm	<b>AM</b> Cm	<b>AR</b> %	<b>AT</b> %	<b>MC</b> %	<b>FUS</b> %	<b>CP</b> 1-9	<b>PC</b> #	<b>MZC</b> #	<b>CM</b> 1-9	<b>REND</b> t ha <sup>-1</sup>	<b>HUM</b> %	<b>PHL</b> Vol.
<b>0101*0102</b>	-0.48	-0.34	-0.81	2.42	5.58**	-0.44	-0.93	-2.30	0.09	-0.45	-1.36	0.14	0.29	-0.01	0.37
<b>0101*0103</b>	-0.61	-0.76	2.08	1.35	-2.63	-0.48	-3.89	-1.97	0.48 *	0.59	1.64	0.24	1.02	-0.12	0.76
<b>0101*0104</b>	0.73	0.95	0.27	0.02	-0.69	0.15	-1.57	2.14	-0.26	-0.41	0.09	-0.01	-0.23	0.29	-0.41
<b>0101*0105</b>	0.36	0.16	-1.54	-3.79 *	-2.27	0.77	6.38 **	2.14	-0.32	0.26	-0.36	-0.36	-1.08	-0.16	-0.72
<b>0102*0103</b>	0.57	0.45	-1.40	-3.95 *	-2.40	0	-1.45	3.11	-0.53 *	-0.30	-0.09	-0.16	-0.76	-0.14	0.21
<b>0102*0104</b>	-0.20	-0.47	-1.90	-0.67	-1.21	1.25	-0.95	0.34	0.22	0.39	1.49	-0.16	-0.18	0.13	-1.24 *
<b>0102*0105</b>	0.11	0.36	4.10	2.21	-1.98	-0.81	3.32	-1.16	0.22	0.36	-0.03	0.18	0.66	0.02	0.67
<b>0103*0104</b>	-0.01	0.18	1.75	0.83	1.33	-0.48	8.78 **	-1.32	-0.01	0.18	-1.76	-0.05	-0.13	-0.15	0.32
<b>0103*0105</b>	0.05	0.14	-2.44	1.77	3.68*	0.96	-3.45	0.18	0.05	-0.47	0.22	-0.03	-0.13	0.41	-1.28 *
<b>0104*0105</b>	-0.24	-0.66	-0.13	-0.19	0.56	-0.92	-6.26 **	-1.16	0.05	-0.16	0.18	0.22	0.54	-0.13	0

\*, \*\*, significancia a ( $P \leq 0.05$ ) y ( $P \leq 0.01$ ) respectivamente; 0101= 255-18-19; 0102= PEEC1-24; 0103= PEGC1-61; 0104= PE-212-1-2; 0105= [(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2; ACG= Aptitud Combinatoria General; ACE= Aptitud Combinatoria Especifica; DFM= Días a Floración Masculina; DFF= Días Floración Femenina; AP= Altura de Planta; AM= Altura de Mazorca; AR= Porcentaje de Plantas con Acame de Raíz; AT= Porcentaje de Plantas con Acame de Tallo; MC= Porcentaje de Mazorcas con Mala Cobertura; FUS= Porcentaje de plantas con *Fusarium* spp.; CP= Calificación de Planta; PC= Plantas Cosechadas; MZC= Mazorcas Cosechadas; CM= Calificación de Mazorca; REND= Rendimiento; PHL= Peso Hectólitrico; HUM= Porcentaje de Humedad.

En resumen (Cuadro 4.3.1), los resultados arrojados por los valores de los efectos de ACG y ACE indican la importancia de los tipos de acción génica que gobiernan cada carácter y que tanto los efectos aditivos y no aditivos contribuyen a los cuadrados medios de los genotipos. (Gutiérrez *et al.*, 2002; Guillen *et al.*, 2009) estos autores encontraron, que a medida que la diversidad genética de los progenitores se incrementa, aumenta también la diferencia entre los valores de ACG y ACE tanto en características agronómicas como fisiológicas; o bien para los dos tipos de acción génica.

Mientras que en los resultados del diseño dialélico de Griffing modelo II, método III (Cuadro 4.3), separó la variación de los cruzamientos en efectos directos y recíprocos, determinando así, la capacidad del cruzamiento para explotar las mejores características. La estimación de los efectos recíprocos es de importancia, para tomar decisiones más acertadas sobre la utilización de las líneas como progenitor macho o hembra. Por lo tanto, se deben hacer estudios que constituyan análisis detallados y que se profundice para determinar si factores maternos o extranucleares están involucrados en la expresión de un carácter.

### **Efectos Recíprocos (Efecto Materno y Efecto No Materno)**

En Cuadro 4.3, el efecto Recíproco muestra significancia al ( $P \leq 0.01$ ) sólo para tres de las quince variables evaluadas, las cuales son DFM, DFF, CM y significativo a ( $P \leq 0.05$ ) para las variables AP, CP, REND, HUM. Esto indica que,



para la magnitud de la expresión de un carácter en una cruce, es importante determinar si es con la directa o con la recíproca con la que se obtiene la expresión más deseable del carácter.

Los efectos maternos presentaron efectos altamente significativos a ( $P \leq 0.01$ ) para las variables; DFM, DFF, HUM, así como, efectos significativos a ( $P \leq 0.05$ ) en las variables; CP y REND, por lo cual, se deduce que las cruces tienen un comportamiento diferente en cuanto al arreglo de cada progenitor utilizado como hembra o como macho, es decir, la relación entre los caracteres evaluados está influenciado por genes localizados en el citoplasma.

En la fuente de variación de efectos no maternos sólo presentó significancia a ( $P \leq 0.05$ ) la variable de AP, AM, MC, CP, CM, se atribuye a que estos caracteres no están influenciados por el citoplasma. Esto ocurre como consecuencia de complejas maquinarias enzimáticas que son mitótica y meióticamente estables y pueden ser adquiridas o perdidas como consecuencia de factores ambientales externos (epigenética). Esto otorga mayor plasticidad a los organismos, que pueden adaptarse con mayor rapidez a su entorno, dicho fenómeno es denominado epigenética (Henderson y Jacobsen, 2007).

Dada la importancia que muestran los efectos recíprocos se desglosaron en efectos maternos y no maternos, mismos que se presentan en el Cuadro 4.3.2.

La cruce 0104\*0102 presenta significancia al ( $P \leq 0.05$ ) para efectos recíprocos en la variable de AM, esta cruce muestra una reducción en la altura de mazorca al cambiar la participación del orden de los progenitores, la cruce 0104\*0101 muestra la misma significancia pero para las variables de AT y MC, esta cruce tiene características que ayudan a los componentes de rendimientos, al tener plantas que no se acamen y que tengan una buena cobertura de mazorca, esto último evita la penetración de patógenos que de una u otra forma mantienen el potencial de rendimiento.

La cruce 0103\*0101 se destaca por ser la mejor en la CP y CM en relación a la cruce directa, obteniendo una significancia de ( $P \leq 0.01$ ) y ( $P \leq 0.05$ ) respectivamente, indicativo de que para estas variables es mejor utilizar la cruce de forma recíproca, para obtener las plantas más sanas y con buena mazorca.

Al tener el desglose de los efectos recíprocos en efectos maternos (EM) y efectos no maternos (ENM), podemos tener una apreciación más clara de la intervención y/o afectación del cambio de orden de los progenitores, esto implica que un carácter está influenciado por el genotipo nuclear de la madre.

**Cuadro 4.3.2.** Estimación de efectos recíprocos (EM Y ENM), obtenidos a través del diseño dialélico de Griffing modelo II, método III de 15 variables agronómicas de 10 cruzas en F<sub>1</sub>.

CR	DFM Días	DFF Días	AP Cm	AM Cm	AR %	AT %	MC %	FUS %	CP 1-9	PC #	MZC #	CM 1-9	REND t ha <sup>-1</sup>	HUM %	PHL Vol.
0102*0101	0.81	1.13	2.63	3.13	-3.31	0.94	4.00	-0.69	-0.19	-0.81	-0.13	0.06	0.04	0.10	-0.40
0103*0101	1.63	1.75	5.19	3.31	1.69	-0.75	0.75	-3.31	0.93 **	-0.19	0.50	0.81 *	1.90	0.49	0.08
0104*0101	-0.25	0.19	-5.19	-4.75	1.63	-3.31 *	-6.25 *	-0.31	-0.25	0.44	-0.13	-0.19	-1.50	-0.59	0.31
0105*0101	0.19	0.19	3.31	0.69	-0.88	-0.88	-3.81	-1.63	0.19	-0.25	0.38	0.06	0.77	0.09	-0.38
0103*0102	-0.44	0.25	1.50	0.63	0.56	0.13	0.19	2.88	-0.19	-0.38	0.38	0.06	0.26	-0.08	0.09
0104*0102	-0.44	0.06	-4.44	-5.95 *	2.88	0.81	0.75	4.13	-0.50	-0.56	-0.50	-0.44	-1.19	-0.05	-0.19
0105*0102	-0.19	0.19	-1.37	1.69	0.56	-0.56	5.63	2.44	-0.13	1.31	1.56	-0.25	-0.30	-0.07	-0.68
0104*0103	-0.81	-0.25	3.75	2.19	-0.75	0.44	5.94	2.13	0.13	0.31	-0.75	0.06	0	-0.69	0.04
0105*0103	0.44	0.38	-4.50	-1.88	0.56	-0.69	0.06	1.44	-0.19	0.44	0.19	-0.06	-0.35	-0.11	-0.24
0105*0104	0.75	0.31	-1.50	0.06	-0.19	-1.50	1.94	0.00	0.50	-0.13	-0.56	0.44	1.34	0.64	-0.48
EM	DFM Días	DFF Días	AP Cm	AM Cm	AR %	AT %	MC %	FUS %	CP 1-9	PC #	MZC #	CM 1-9	REND t ha <sup>-1</sup>	HUM %	PHL Vol.
101	0.48	0.65	1.19	0.48	-0.18	-0.80	-1.06	-1.19	0.14	-0.16	0.13	0.15	0.24	0.02	-0.08
102	-0.38	-0.13	-1.39	-1.35	1.46	-0.11	0.51	2.03	-0.13	0.24	0.31	-0.14	-0.26	-0.06	-0.08
103	-0.31	-0.38	-1.49	-0.73	-0.49	0.08	1.01	0.80	-0.16	0.26	-0.29	-0.18	-0.50	-0.24	-0.08
104	0.45	0.06	0.88	1.71	-0.79	0.11	0.30	-1.19	0.23	-0.06	0.16	0.20	0.81	0.39	-0.13
105	-0.24	-0.21	0.81	-0.11	-0.01	0.73	-0.76	-0.45	-0.08	-0.28	-0.31	-0.04	-0.29	-0.11	0.36
ENM	DFM Días	DFF Días	AP Cm	AM Cm	AR %	AT %	MC %	FUS %	CP 1-9	PC #	MZC #	CM 1-9	REND t ha <sup>-1</sup>	HUM %	PHL Vol.
0102*0101	-0.04	0.35	0.05	1.30	-1.68	1.63	5.57 *	2.53	-0.45	-0.41	0.06	-0.23	-0.46	0.02	-0.40
0103*0101	0.84	0.73	2.51	2.11	1.38	0.13	2.83	-1.33	0.63 *	0.24	0.09	0.49	1.16	0.24	0.08
0104*0101	-0.28	-0.40	-5.50 *	-3.51	1.01	-2.40	-4.88 *	-0.31	-0.16	0.54	-0.09	-0.14	-0.93	-0.22	0.26
0105*0101	-0.53	-0.68	2.94	0.10	-0.71	0.65	-3.51	-0.89	-0.03	-0.36	-0.06	-0.13	0.24	-0.04	0.06
0103*0102	-0.38	0.00	1.40	1.25	-1.39	0.31	0.69	1.65	-0.23	-0.35	-0.23	0.03	0.01	-0.26	0.09
0104*0102	0.39	0.25	-2.18	-2.88	0.63	1.04	0.54	0.91	-0.15	-0.86	-0.65	-0.10	-0.13	0.40	-0.25
0105*0102	-0.05	0.10	0.83	2.93	-0.91	0.28	4.35	-0.04	-0.08	0.80	0.94	-0.15	-0.34	-0.12	-0.25
0104*0103	-0.05	0.19	6.11 **	4.62 *	-1.05	0.48	5.22 *	0.14	0.51	-0.01	-0.30	0.44	1.31	-0.05	-0.01
0105*0103	0.51	0.54	-2.20	-1.26	1.04	-0.04	-1.71	0.19	-0.10	-0.10	0.22	0.08	-0.14	0.03	0.19
0105*0104	0.06	0.04	-1.56	-1.76	0.59	-0.89	0.88	0.74	0.20	-0.34	0.18	0.20	0.24	0.13	0.00

\*, \*\*, significancia a ( $P \leq 0.05$ ) y ( $P \leq 0.01$ ) respectivamente; CR= Cruza Recíproca; EM= Efectos Maternos; ENM=Efectos No Maternos; 0101= 255-18-19; 0102= PEEC1-24; 0103= PEGC1-61; 0104= PE-212-1-2; 0105= [(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2; DFM= Días a Floración Masculina; DFF=Días Floración Femenina; AP= Altura de Planta; AM= Altura de Mazorca; AR= Porcentaje de Plantas con Acame de Raíz; AT= Porcentaje de Plantas con Acame de Tallo; MC= Porcentaje de Mazorcas con Mala Cobertura; FUS= Porcentaje de plantas con Fusarium spp.; CP= Calificación de Planta; PC=Plantas Cosechadas; MZC= Mazorcas Cosechadas; CM= Calificación de Mazorca; REND=Rendimiento; PHL= Peso Hectólitrico; HUM= Porcentaje de Humedad.

Al observar el Cuadro 4.3.2, no se muestran diferencias significativas para el efecto materno en ninguna de las variables evaluadas, es decir, la influencia materna no tiene expresión significativa o si lo tiene es un efecto mínimo sobre el fenotipo.

Los efectos no maternos considerados efectos epigenéticos, según (Morange, 2002) es la interacción entre el organismo, los genes y el ambiente durante el desarrollo, de modo que el modelo permite representar las influencias ambientales en el desarrollo y la expresión génica.

De acuerdo a lo que menciona el autor en el párrafo anterior podemos deducir la importancia de este efecto para la cruce 0104\*0103 y 0104\*011 que mostraron efectos significativos a ( $P \leq 0.01$ ) y ( $P \leq 0.05$ ) respectivamente, las variables de AP y AM, como lo mencionan (King *et al.*, 2006) dichos efectos se presentan por estrés generado por sequía, bajas temperaturas, salinidad, etc.

Para la variable de MC, las cruces 0102\*0101, 0104\*0101 y 0104\*0103 mostraron significancia al ( $P \leq 0.05$ ), la cruce 0103\*0101 mostró significancia al ( $P \leq 0.05$ ) para la variable de CP, siendo estas cruces las que presentan una respuesta diferente y que tienden a presentar cambios fenotípicos al tener algún estrés biótico o abiótico.

Los efectos recíprocos, en general, no tuvieron una afectación considerable en el fenotipo de los materiales evaluados, aun así, se debe profundizar en un estudio más detallado para el aprovechamiento de este fenómeno.

Para esto se realizó el cálculo del porcentaje de los tipos de acción génica ya que es indispensable para conocer la relación que hay entre cada carácter y más aún conocer qué tipo de acción génica gobierna cada carácter mismo que se concentran en el Cuadro 4.3.3.

### **Tipos de Acción Génica en Porcentajes**

Al examinar el porcentaje de contribución de los efectos de acción génica Cuadro 4.3.3, se encontró una superioridad aportada por Aptitud Combinatoria General (ACG), en el cual se muestran valores desde 76.89% en el caso de REND que fue el valor más alto, a 38.54% para la variable de MC que se muestra como el valor más bajo.

Al comparar los efectos de ACG y ACE del cuadro de porcentajes se aprecia que sólo para la variable de PHL la acción génica de Aptitud Combinatoria Especifica (ACE) fue superior, esto implica que este carácter está controlado principalmente por efectos no aditivos o de dominancia. La acción sobre la variable de MC es de carácter tanto aditivo, como no aditivo, con preponderancia del primero.

**Cuadro 4.3.3.** Porcentaje de contribución de la acción génica para cada una de las variables evaluadas.

<b>VAR</b>		<b>ACG</b>	<b>ACE</b>	<b>ER</b>	<b>EM</b>	<b>ENM</b>
<b>DFM</b>	Días	52.01	13.10	34.90	24.11	10.78
<b>DFF</b>	Días	40.18	21.29	38.53	25.19	13.34
<b>AP</b>	Cm	69.82	6.86	23.32	6.16	17.16
<b>AM</b>	Cm	72.36	9.43	18.21	5.55	12.66
<b>AR</b>	%	62.82	26.88	10.31	5.77	4.54
<b>AT</b>	%	62.66	8.77	28.57	10.00	18.56
<b>MC</b>	%	38.54	36.11	25.35	2.77	22.58
<b>FUS</b>	%	72.07	10.76	17.17	12.82	4.35
<b>CP</b>	1-9	75.38	8.19	16.43	5.97	10.46
<b>PC</b>	#	40.46	17.54	42.00	14.14	27.85
<b>MZC</b>	#	71.49	20.17	8.34	3.20	5.14
<b>CM</b>	1-9	71.78	6.40	21.82	10.67	11.15
<b>REND</b>	t ha <sup>-1</sup>	76.89	6.27	16.84	9.43	7.42
<b>PHL</b>	Vol.	38.55	52.40	9.05	6.02	3.03
<b>HUM</b>	%	68.41	6.88	24.71	18.66	6.05

ACG= Aptitud Combinatoria General; ACE= Aptitud Combinatoria Especifica; ER= Efecto Recíproco; EM=Efecto Materno; ENM=Efecto No Materno; VAR= Variables; DFM= Días a Floración Masculina; DFF=Días Floración Femenina; AP= Altura de Planta; AM= Altura de Mazorca; AR= Porcentaje de Plantas con Acame de Raíz; AT= Porcentaje de Plantas con Acame de Tallo; MC= Porcentaje de Mazorcas con Mala Cobertura; FUS= Porcentaje de plantas con *Fusarium* spp.; CP= Calificación de Planta; PC=Plantas Cosechadas; MZC= Mazorcas Cosechadas; CM= Calificación de Mazorca; REND=Rendimiento; PHL= Peso Hectólitrico; HUM= Porcentaje de Humedad.

Es de importancia recalcar que, para los efectos no aditivos, los valores más altos van de (52.50%) para la variable de PHL y el valor más bajo (6.27%) para la variable de REND, esto es de suma importancia para darle una mejor utilización al germoplasma y darnos cuenta que la cantidad de efectos de ACE fue muy poca por que las líneas utilizadas están concentradas en el mismo grupo heterótico.

Generalmente el efecto Recíproco, tiene efectos relevantes y de cierta consistencia para la mayoría de las variables, con valores de (8.33%) a (42.00%) lo cual es indicativo de que hay cruza en la que los progenitores no se comportan

de igual manera en la cruce directa que en la cruce recíproca, aunque esto no se le puede atribuir a los efectos maternos de cada progenitor, sino a efectos de que interactúan entre genes que se encuentran en el núcleo y los del citoplasma. Lo anterior establece que la diversidad genética que existe entre los progenitores, tienen una influencia en el comportamiento de las cruces al considerarlos como progenitor macho o hembra.

Los efectos maternos (EM) se desglosaron de los efectos recíprocos, esto hace referencia a los efectos influenciados por genes localizados en el citoplasma (extracromosómicos) y sobre los efectos no maternos (ENM) los cuales indican cambios heredables en la estructura y organización del ADN, pero que no involucran cambios en la secuencia y que modulan la expresión génica. Estos cambios en la expresión génica implican entonces, cambios heredables en el fenotipo. Kang *et al.*, (1999) señalan que el componente no materno (recíproco específico) es la interacción entre factores extranucleares y nucleares en las cruces.

Al analizar los porcentajes de contribución que tienen estos efectos en el fenotipo de los materiales evaluados, se observó que para las variables de DFM, DFF y HUM están más influenciadas por efectos Maternos (EM), se resalta la importancia de este efecto para estas variables que tienen que ver con la

precocidad y que para éstas, la interacción entre genes citoplasmáticos es de suma importancia.

El efecto no materno (ENM) es de importancia para la variable de MC y AT. Los efectos recíprocos en algunos casos superan a los efectos de ACE, esto puede estar influenciado al cambio de orden que sufren los progenitores al ser utilizados de forma recíproca.

Para el conjunto de genotipos evaluados, la acumulación de genes de carácter aditivo se considera la estrategia más adecuada, desde el punto de vista de mejoramiento genético, para contribuir con alelos superiores, cuya finalidad sea la formación poblaciones de mejoramiento en programas de hibridación o en la conformación de una variedad sintética.

Volviendo al Cuadro 4.3. Para la interacción de ACG \* AMB, se presentó un efecto altamente significativo al ( $P \leq 0.01$ ) para las variables; DFM, DFF, FUS, CM, HUM y ( $P \leq 0.05$ ) para AT, MC, CM, MZC, REND y PHL, el resto de las variables no fueron afectados por el ambiente. La interacción de Efectos Maternos por Ambiente MAT\*AMB, presenta diferencias altamente significativas a ( $P \leq 0.01$ ) y significativas a ( $P \leq 0.05$ ) para MZC y CP, respectivamente.



Así mismo, el factor de efectos No Maternos por Ambiente, sólo presentó significancia a ( $P \leq 0.05$ ) para la variable de DFF, mientras que los efectos Recíprocos por Ambiente REC\*AMB muestra diferencias altamente significativas a ( $P \leq 0.01$ ) y significativas a ( $P \leq 0.05$ ) para DFF, AR, FUS.

A pesar de la significancia de algunas interacciones (ACG\*AMB, ACE\*AMB, REC\*AMB, MAT\*AMB, NMAT\*AMB), su contribución a la varianza fenotípica observada para las diferentes variables resultó pequeña en comparación con la contribución de los efectos de ACG y ACE. El desvío fenotípico refleja básicamente el grado de interacción entre el genotipo y el ambiente para expresar un dado fenotipo. Por su parte, la Interacción de ACG \* AMB, indica esta desviación genotípica de los valores esperada de los genotipos y esa desviación es causada por el ambiente, dicha interacción es de interés para el fitomejorador, ya que si esta interacción es alta (Mayor que la ACG) los estimadores de heredabilidad son sesgados. Lo ideal es que el valor de la ACG fuera el mismo para cada genotipo en los diferentes ambientes, es decir, la correlación entre ACG y genotipo debería de ser igual a 1. Sin embargo, esto nunca sucede, por lo que se debe de tener mucho cuidado con las estimaciones de heredabilidad.

Ahora se discutirá la aditividad genética detectada en las variables en estudio misma que se considera una ventaja para el presente trabajo de

investigación ya que entre otras cosas permitirá cumplir con dos objetivos: i) la formación poblaciones de mejoramiento, o recicléo de líneas, (a partir del cruzamiento de líneas complementarias y posterior a la  $F_1$ , iniciar el proceso de endogamia para generar líneas superiores a las originales); ii) la conformación de una variedad sintética de maíz enano.

### **Estimación de Heredabilidad en Sentido Estricto**

Para dar una mejor explicación más clara del efecto aditivo se calculó la heredabilidad en sentido estrecho de los caracteres, ya que con esto se puede medir el grado de diferencias entre los organismos debido al efecto aditivo de los genes.

Los estimados de heredabilidad para estos caracteres variaron de 0.002 hasta 0.26 (Cuadro 4.3.4), lo cual puede ser explicado por las diferencias en las varianzas genéticas aditivas y genotípicas entre los caracteres.

El resultado es que el incremento de los alelos favorables dentro de las poblaciones se hace a tasas lentas y por ende, el progreso genético es mucho menor.

**Cuadro 4.3.4** Componentes de varianza genética y heredabilidad de las 15 variables evaluadas en 4 ambientes.

	<b>DFM</b>	<b>DFF</b>	<b>AP</b>	<b>AM</b>	<b>AR</b>	<b>AT</b>	<b>MC</b>	<b>FUS</b>	<b>CP</b>	<b>PC</b>	<b>MZC</b>	<b>CM</b>	<b>REND</b>	<b>PHL</b>	<b>HUM</b>
	Días	Días	Cm	Cm	%	%	%	%	1-9	#	#	1-9	t ha <sup>-1</sup>	Vol.	%
$\sigma^2_A$	0.58	0.35	30.31	26.62	9.74	3.35	7.92	20.66	0.55	0.05	2.21	0.32	3.52	0.02	0.37
$\sigma^2_F$	5.06	6.55	173.46	127.88	74.94	53.15	231.38	237.88	2.07	13.56	16.35	1.58	13.50	6.77	11.07
$h^2$	0.11	0.05	0.17	0.21	0.13	0.06	0.03	0.09	0.26	0.03	0.13	0.20	0.26	0.002	0.03
$\sigma^2_D$	0.20	0.30	3.04	8.28	14.22	-0.33	40.29	-1.01	0.008	-0.65	0.24	0.02	0.18	1.13	0.03
$\bar{d}$	0.84	1.29	0.45	0.79	1.71	0	3.19	0	0.18	0	0.47	0.34	0.32	11.57	0.39

$\sigma^2_A$  = Varianza Aditiva;  $\sigma^2_F$  = Varianza Fenotípica;  $\sigma^2_D$  = Varianza de Dominancia;  $h^2$  = heredabilidad;  $\bar{d}$  = Grado Promedio de Dominancia; DFM= Días a Floración Masculina; DFF=Días Floración Femenina; AP= Altura de Planta; AM= Altura de Mazorca; AR= Porcentaje de Plantas con Acame de Raíz; AT= Porcentaje de Plantas con Acame de Tallo; MC= Porcentaje de Mazorcas con Mala Cobertura; FUS= Porcentaje de plantas con *Fusarium* spp.; CP= Calificación de Planta; PC=Plantas Cosechadas; MZC= Mazorcas Cosechadas; CM= Calificación de Mazorca; REND=Rendimiento; PHL= Peso Hectólitrico; HUM= Porcentaje de Humedad.

Los valores moderados o medios (0.21 AM; 0.26 CP; 0.20 CM; 0.26 REND) de heredabilidad en este trabajo sugieren que es posible la obtención de ganancia relativamente rápida para esos caracteres si la intensidad de selección es alta. Caracteres con heredabilidad cercana a cero regularmente están controlados por muchos genes. Para esto es recomendable la aplicación de un método de mejoramiento que implique líneas autofecundadas para el aseguramiento del carácter deseado.

La varianza genética aditiva resultó importante para las variables de AP, AM y FUS, en dichos caracteres la heredabilidad presenta valores de 0.17, 0.21 y 0.09 respectivamente, en este mismo sentido la varianza aditiva para los demás caracteres fue baja.

Así mismo, la varianza de dominancia presentó valores negativos AT, FUS y PC; esto es atribuible a una mayor proporción de la varianza genética no aditiva, pero se podrían explotar las varianzas tanto aditiva como de dominancia, al combinar metodologías de selección e hibridación.

El grado promedio de dominancia indicó sobredominancia en los caracteres DFM (0.84), DFF (1.29), CP (0.18), MZC (0.47), CM (0.34), REND (0.32), PHL (11.56) y HUM (0.39), esto proporciona información para explotar los efectos de dominancia en estos caracteres y de alguna manera contribuir al rendimiento.

#### **Análisis de Varianza de las Cruzas Simples Evaluadas en los 4 Ambientes**

En este trabajo de investigación, después del dialélico entre cinco líneas, se incorporaron dos líneas más, para elaborar el dialélico bajo el método 3 donde se esperaba un conjunto de 42 cruzas entre directas y recíprocas, por cuestiones no controlables solo se obtuvieron 32 cruzas. Al tener esta situación se realizó una modificación al diseño de Griffing.

La modificación consistió en estudiarlos solo como híbridos sin explorar los componentes genéticos con ellos se realizó: un análisis de varianza de las cruzas el cual se concentra en el Cuadro 4.4; posterior a esto se realizó un agrupamiento de las variables agronómicas para la construcción de un índice de selección óptimo bajo la estrategia propuesta por Barreto *et al.*, (1991), (figura

4.1) con la finalidad de elegir la variable más representativa de cada sector; además; se estimaron los índices de selección por repetición para posteriormente realizar un análisis de varianza de los índices (Cuadro 4.5) y elegir poblaciones de cruza simples para la derivación de líneas, así como, cruza simples para integrar un sintético. Por último se hizo una estimación convencional de la heterosis solo para la variable de rendimiento.

Para abordar el primero punto, se discute el análisis de varianza en el cual la fuente de variación ambientes mostró diferencias significativas a ( $P \leq 0.01$ ) para todas las variables, lo que demuestra considerable contraste entre los ambientes de evaluación, en donde influyen además de las características naturales de cada ambiente, el manejo del cultivo en cada una de ellas. Nzuve *et al.*, (2013) mencionan que las condiciones en las que los materiales híbridos se evalúan son afectados principalmente, por la radiación solar, temperatura, tipos de suelo y estado hídrico de cada ambiente.

Las repeticiones dentro de ambientes también mostraron diferencias significativas al ( $P \leq 0.01$ ) para la mayoría de las variables, entendiendo a esto como un cambio diferencial de las repeticiones en cada ambiente de evaluación. Para las variables de AR, AT, MC, CP, MZC, CM y REND, no se mostraron diferencias, es decir, las repeticiones tuvieron un efecto mínimo para estas variables.

**Cuadro 4.4.** Análisis de varianza combinado de las cruzas simples evaluadas en 4 ambientes de Buenavista Saltillo Coahuila P-V 2015 y 2016.

F. v.	G. I.	DFM Días	DFF Días	AP Cm	AM Cm	AR %	AT %	MC %	FUS %	CP 1-9	PC #	MZC #	CM 1-9	REND t ha <sup>-1</sup>	PHL Vol.	HUM %
<b>AMB</b>	3	1996.75**	2175.94**	2149.04**	2614.43**	915.47**	242.14**	1078.51**	2024.66**	21.84**	1917.02**	1640.35**	38.61**	877.32**	444.29**	114.39**
<b>REP(AMB)</b>	4	70.98 **	100.31 **	740.39 **	410.15 **	30.27	20.26	90.81	1031.31**	2.39	54.40 **	28.25	0.19	18.84	36.60 **	42.03 **
<b>HIB</b>	31	10.39 **	9.79 **	941.30 **	559.31 **	321.25**	55.26 **	552.94 **	296.87 **	7.08 **	5.22	43.21 **	6.21 **	40.90 **	13.21 **	3.13 *
<b>AMB*HIB</b>	69	4.36 **	7.62 **	132.52	51.49	124.39**	42.87 *	147.01	196.61 **	2.10 **	8.08	21.22 **	1.14	12.98	7.00 *	2.49 **
<b>ERROR</b>	100	2.38	3.54	128.65	60.49	53.90	26.62	124.88	99.54	1.23	9.65	11.58	0.80	9.85	4.79	1.68
<b>TOTAL</b>	207															
<b>C. v.</b>		1.96	2.32	7.6	10.22	153.33	148.25	89.67	71.53	21.16	10.21	12.67	14.90	20.78	3.16	3.16
<b>MEDIA</b>		78.47	80.90	149.09	76.10	4.78	3.48	12.46	13.94	5.25	30.43	26.86	6.00	13.77	69.19	69.19

\*, \*\*, significancia a ( $P \leq 0.05$ ) y ( $P \leq 0.01$ ) respectivamente; F.v.= Fuente de variación; AMB=Ambiente; REP(AMB)=Repeticiones dentro de ambiente; HIB=Híbrido; C.v.= Coeficiente de variación; G.I.=Grados de Libertad; DFM=Días a Floración Masculina; DFF= Días a Floración Femenina; AP= Altura de Planta; AM= Altura de Mazorca; AR= Porcentaje de Plantas con Acame de Raíz; AT= Porcentaje de Plantas con Acame de Tallo; MC= Porcentaje de Mazorcas con Mala Cobertura; FUS= Porcentaje de plantas con Fusarium spp.; CP= Calificación de Planta; PC=Plantas Cosechadas; MZC= Mazorcas Cosechadas; CM= Calificación de Mazorca; REND=Rendimiento; PHL= Peso Hectólitrico; HUM= Porcentaje de Humedad.

La fuente de variación híbridos mostró diferencias significativas al ( $P \leq 0.01$ ) para la mayoría de las variables, la incorporación de nuevas líneas al grupo heterótico inicial permitió una mayor variabilidad, diversificando las modificaciones cualitativas y cuantitativas en los híbridos. Por otra parte la variable de PC no mostró significancia. De la Cruz *et al.*, (2010) mencionan que los efectos significativos encontrados en las características agronómicas, se pueden deber a que las líneas pertenecen a poblaciones diferentes y a la suma de efectos aditivos de los genes de las líneas progenitoras.

La interacción entre los híbridos y el ambiente mostró diferencias significativas al ( $P \leq 0.01$ ) y al ( $P \leq 0.05$ ) para las variables DFM, DFF, AR, AT, FUS, CP, MZC, HUM y PHL, indicativo de los híbridos son afectados por el ambiente modificando la expresión de estas variables en cada ambiente en donde se evaluaron. Por otro lado las variables de AP, AM, MC, PC, CM y REND, no tuvieron significancia, lo que indica que el orden relativo de estos híbridos en los diferentes ambientes de evaluación fue muy similar. Por lo tanto, estos híbridos presentan buena estabilidad para estas variables. Ante esto Gordon *et al.*, (2006) mencionan que la evaluación de genotipos a través de distintos ambientes, principalmente en ambientes contrastantes, es una de las prácticas más usuales para la recomendación de nuevos materiales a los productores de una región o zona específica.

### **Visualización del Gráfico Biplot**

Para la elaboración del índice de selección, primeramente se exploró la agrupación natural que existe entre las variables en estudio, con la finalidad de observar la correlación existente, para ello se utilizó el modelo Efectos Principales Aditivos e Interacción Multiplicativas (AMMI) y su gráfico Biplot. De esta manera se tiene la certeza de que al seleccionar una variable de cada grupo correlacionado por consecuencia se mejoran las demás variables del mismo grupo, permitiendo así, utilizar el germoplasma de la manera más eficiente por medio de los índices de selección.

En el gráfico Biplot (Figura 4.1), se aprecian las variables correlacionadas aquellas que se encuentran en el mismo sector o cuadrante, en el grupo 1 se identifican las variables; DFF, DFM, HUM y AR en el segundo grupo; AM y AP, en el tercer grupo se concentraron las variables; MZC, MC, REND, PC, CM, CP y PHL, en el cuarto y último grupo se encuentran las variables; AT y FUS.

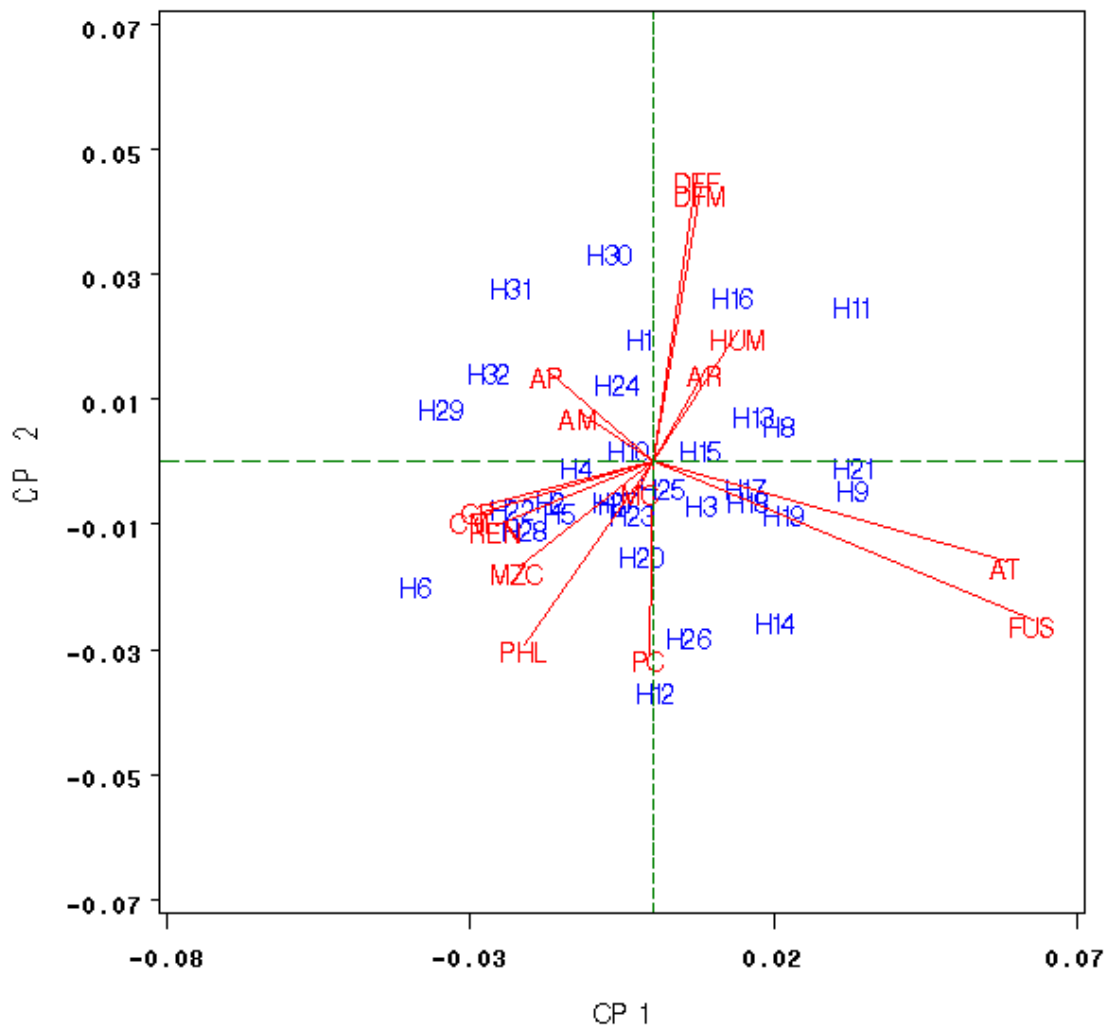
Dentro de cada grupo se eligió una variable, la elección se fundamentó en base a la heredabilidad de cada carácter, es decir, aquella que tenga una mayor facilidad de heredarse a la siguiente generación, mismas que se utilizaron para la construcción del índice de selección.

Para el grupo 1 se eligió la variable de DFM, al tener una heredabilidad de 0.11, mientras que para el grupo 2, la AM fue la de mayor heredabilidad 0.20, en el grupo 3 se concentraron la mayoría de la variables, seleccionando la variable de REND con una heredabilidad del 0.26, por último, en el grupo 4 la variable de FUS fue la de mayor aportación en base a la heredabilidad con 0.09.

Con esta elección se tratara de cumplir con el objetivo de observar las cruza simples de fenotipo parecido, en altura (AM), precocidad (FM), Sanidad (FUS) y Rendimiento (REND), para seleccionar al menos 10 que puedan recombinarse para generar una variedad sintética y también así, la conformación



de una población de fundación complementaria para la derivación de líneas de maíz enano, esto en base al IS.



**Figura 4.1.** Gráfico Biplot, para la observación de los patrones de correlación entre variables.

### Selección de Cruzas Simples en Base al Índice de Selección

Con los valores del IS estimados por repetición, bajo la rutina descrita por (Barreto *et al.*, 1991), se realizó un análisis de varianza, en donde la variable de respuesta fue el Índice de Selección (Cuadro 4.5).

La fuente de variación Ambientes, mostró diferencias significativas al ( $P \leq 0.01$ ), esto pudo deberse a las diferentes condiciones ambientales en las que los híbridos simples fueron evaluados, resultado interesante debido a que se refleja el comportamiento de los híbridos frente a las variaciones ambientales de cada ambiente en específico. Al respecto (Tonk *et al.*, 2011) mencionan que en un programa de mejoramiento genético, el desarrollo de genotipos estables y con rendimiento alto es de fundamental importancia en la producción comercial de semilla, por tal motivo, en las etapas finales del proceso de mejoramiento, los genotipos desarrollados deben ser evaluados en diferentes ambientes y durante varios ciclos, para identificar a aquellos con potencial sobresaliente antes de ser recomendados para cultivarse en alguna ambiente o región.

**Cuadro 4.5.** Análisis de varianza con base a los valores del índice de selección integrado por (Rendimiento, Altura de Mazorca, Floración Masculina y Porcentaje de Plantas con *Fusarium* ssp.) de 32 híbridos evaluados en 4 ambientes.

<b>F. v.</b>	<b>G. I</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	
<b>AMB</b>	3	213.28	71.09	**
<b>REP(AMB)</b>	4	86.07	21.51	**
<b>HIB</b>	31	373.49	12.04	**
<b>AMB*HIB</b>	69	634.42	9.19	**
<b>ERROR</b>	100	440.89	4.40	
<b>TOTAL</b>	207	1808.45		
<b>C. v.</b>		17.33		
<b>IS MEDIA</b>		12.10		

\*,\*\*; Significancia a ( $P \leq 0.05$ ) y ( $P \leq 0.01$ ) respectivamente; F. v.= Fuente de Variación; AMB=Ambiente; REP (AMB)=Repeticiones dentro de Ambientes; HIB=Híbridos; AMB\*HIB=Ambiente por Híbrido; G.I.=Grados de libertad; SC= Suma de Cuadrados; CM=Cuadrados Medios; C.v.= Coeficiente de variación; IS= Índice de Selección.

Para la fuente de variación de Repeticiones dentro de Ambientes, se detectaron diferencias significativas a ( $P \leq 0.01$ ) explicando que las repeticiones

se comportan diferentes dentro de cada ambiente, asumiendo dicho comportamiento a las características propias de los ambientes o al manejo agronómico de cada una de ellas.

Para la fuente de variación híbridos se observaron diferencias significativas a ( $P \leq 0.01$ ), indicando que entre los materiales de estudio existen diferencias de comportamiento. Dicha variación se atribuye a que en el análisis se consideró tanto a híbridos formados de forma directa como recíprocas, que de alguna u otra manera tienen efecto en el fenotipo del híbrido, dándole a esto la variación encontrada.

La fuente de variación Ambiente por Híbrido, muestra diferencias estadísticamente significativas al ( $P \leq 0.01$ ), indicando la existencia de interacción genotipo por ambiente y que los materiales evaluados dentro de cada localidad tienen mucha IGA. Lo que mencionan (Alejos *et al.*, 2006) es que debido a la fluctuación aleatoria del ambiente, la evaluación agronómica del germoplasma de maíz requiere se realice a través de diferentes ambientes, lo que permite estimar con mayor precisión el valor de los componentes genéticos y separar el efecto genético ambiental.

Para la identificación de germoplasma complementario con propósitos de formar nuevas poblaciones de mejoramiento (cruzas simples), que serán

empleadas para la derivación de líneas homocigotas con mejor comportamiento que las líneas parentales, en este caso para identificarlas se auxilió de la prueba de rango múltiple Tukey realizada con el análisis de varianza del índice de selección.

**Cuadro 4.5.1.** Agrupamiento estadístico de 32 híbridos en base a la media TUKEY para la variable de Índice de Selección.

HIB	IS	Agrupamiento TUKEY							
11	17.237	A							
16	14.802	A	B						
30	14.607		B	C					
8	13.967		B	C	D				
21	13.952		B	C	D				
13	13.476		B	C	D	E			
32	13.442		B	C	D	E			
29	13.361		B	C	D	E	F		
1	13.116		B	C	D	E	F		
18	12.902		B	C	D	E	F	G	
17	12.835		B	C	D	E	F	G	H
31	12.767		B	C	D	E	F	G	H
19	12.641		B	C	D	E	F	G	H
14	12.471		B	C	D	E	F	G	H
3	12.295		B	C	D	E	F	G	H
5	12.22		B	C	D	E	F	G	H
15	12.146		B	C	D	E	F	G	H
9	12.102		B	C	D	E	F	G	H
2	11.752			C	D	E	F	G	H
22	11.602				D	E	F	G	H
12	11.523				D	E	F	G	H
7	11.479				D	E	F	G	H
27	11.44				D	E	F	G	H
24	11.262				D	E	F	G	H
10	11.128				D	E	F	G	H
28	11.083				D	E	F	G	H
6	11.019				D	E	F	G	H
23	10.699					E	F	G	H
25	10.399						F	G	H
26	10.045							G	H
4	10.017							G	H
20	9.824								H

HIB= Híbridos; IS= Índice de selección.

Barreto *et al.*, (1991) mencionan que 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 lo tanto, se pueden considerar como superiores.

Bajo este criterio se encontró a los híbridos 20 (PE-212-1-2)\*([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2), 4 (255-18-19)\*([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2) y 25 ([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2)\*(PEGC1-61) como las mejores poblaciones por su complementariedad, es así, como se cumple uno de los objetivos planteados en este trabajo el cual es conformar poblaciones de mejoramiento con base genética bastante dirigida a la derivación de líneas élite de maíz enano.

En lo referente a la formación de una variedad sintética se requiere primeramente la identificación de las cruzas simples que la constituirán y se espera sea empleada por agricultores de áreas ubicadas entre 1000 y 1700 msnm. La idea central fue elegir cruzas simples que sean muy semejantes en altura, precocidad, sanidad y rendimiento para generar una variedad uniforme, mismas que se reportan en el Cuadro 4.5.2.

**Cuadro 4.5.2.** Concentración de cruzas simples que constituirán la variedad sintética, seleccionadas en base al índice de selección.

HIB	Genealogía	DFM Días	AM Cm	FUS %	REND t ha <sup>-1</sup>
20	(PE-212-1-2)*([(M16*PE-115-3-13)*M16]-1-2)	76.87	61.87	14.25	15.58
4	(255-18-19)*([(M16*PE-115-3-13)*M16]-1-2)	78.37	67.62	6.75	16.86
25	([(M16*PE-115-3-13)*M16]-1-2)*(PEGC1-61)	76.37	68.50	9.75	14.13
6	(255-18-19)*(MZCA-LAR)	82.25	98.25	2.58	21.32
28	([(M16*PE-115-3-13)*M16]-1-2)*(MZCA-LAR)	83.00	79.50	4.58	17.00
10	(PEEC1-24)*([(M16*PE-115-3-13)*M16]-1-2)	78.37	73.37	13.62	16.77
27	([(M16*PE-115-3-13)*M16]-1-2)*(115)	83.25	73.00	10.33	15.19
7	(PEEC1-24)*(255-18-19)	76.87	82.12	11.25	16.49
2	(255-18-19)*(PEGC1-61)	77.50	82.87	6.75	16.35
22	(PE-212-1-2)*(MZCA-LAR)	82.00	95.75	6.08	17.25
9	(PEEC1-24)*(PE-212-1-2)	76.37	67.50	8.37	14.37
5	(255-18-19)*(115)	75.95	91.63	5.08	15.28

HIB=Híbrido; REND= Rendimiento; FUS= porcentaje de Plantas con *Fusarium* ssp.; AM=Altura de Mazorca; FM=Floración masculina.

La contribución las líneas que participaron en este sintético no participaron de una manera proporcional ya que se prefirió que tuvieran una mayor proporción aquellas líneas que demostraron tener mayores efectos de ACG.

### Estimación de la Heterosis

Con base en los resultados obtenidos, se procedió al cálculo de la heterosis solo para la variable de rendimiento, con la intención de conocer la explotación de la heterosis de las cruzas, en relación a sus progenitores. Como lo indica (Escorcía *et al.*, 2010) quienes mencionan la importancia del mejoramiento genético de maíz por hibridación y enfatizan en que se deben generar cruzas que superen en rendimiento de grano a las variedades locales,

criollas y mejoradas. La heterosis o vigor híbrido es la base del mejoramiento genético por hibridación el cual es dirigido al desarrollo superior de la progenie híbrida en relación a sus padres.

Al observar los rendimientos promedio de las 32 cruzas, se identifican cruzas con rendimientos superiores a los progenitores en su mayoría, a excepción de la craza 0102\*0106 quien muestra un valor bajo en relación a sus progenitores, pudiendo deducir que estas líneas pueden tener algún ancestro en común.

**Cuadro 4.6.** Rendimiento promedio en t ha<sup>-1</sup> de cruzas directas, recíprocas y progenitores, evaluados en 4 ambientes de Buenavista Saltillo Coah. 2015 y 2016.

♂ \ ♀	0101	0102	0103	0104	0105	0106	0107
0101	<b>6.33</b>	18.2	16.35	12.94	16.86	14.82	21.32
0102	16.50	<b>9.59</b>	12.46	14.37	16.78	9.19	
0103	12.22	13.05	<b>8.41</b>	12.95	11.57	10.59	
0104	15.77	14.50	10.83	<b>7.62</b>	15.58	11.15	17.25
0105	13.66	15.22	14.13	13.43	<b>6.76</b>	15.19	17.00
0106						<b>9.98</b>	
0107	20.48	14.89			14.93	17.30	<b>9.97</b>

0101= 255-18-19; 0102= PEEC1-24; 0103= PEGC1-61; 0104= PE-212-1-2; 0105= [(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2; 0106= 115; 0107= MZCA-LAR.

Las líneas 0102, 0106 y 0107 se mostraron como las más rendidoras con 9.59, 9.98, 9.97 t ha<sup>-1</sup> respectivamente, las cuales son las líneas más prometedoras del programa para la explotación de este fenómeno en cruzamientos dirigidos, se puede deducir así, la alta frecuencia de alelos aditivos

favorables que pueden ser aprovechados de manera que más beneficien al programa de mejoramiento involucrado, siempre y cuando se manejen de una manera correcta en sus cruzamientos.

No obstante, la que mejores combinaciones obtiene en sus cruzamientos es la línea 0101, con rendimiento que van desde 21.32 t ha<sup>-1</sup> hasta 12.94 t ha<sup>-1</sup>. Este último promedio de rendimiento obtenido con la línea 0104, reiterando la aportación de la línea 0101 con genes favorables que reflejan un dominio en la recombinación de alelos.

En relación a rendimientos en cruzamientos directos y recíprocos la mejor combinación fue la cruce 0101\*0107 con un rendimiento de 21.32 t ha<sup>-1</sup>, al observar su cruzamiento recíproco, también fue la más rendidora con el valor de 20.48 t ha<sup>-1</sup>, por lo que se deduce que es mejor utilizar este cruzamiento de forma directa y explotarla de manera comercial por su alta ACE. Por otra parte, las líneas que participan en este cruzamiento mostraron los mejores valores favorables en cuanto a su ACG. Al respecto (Wong *et al.*, 2007) mencionan que los híbridos altamente rendidores obtienen su rendimiento no solo de la heterosis, sino también de factores hereditarios como la interacción múltiple de genes de tipo aditivo, por esto se debe conocer la ACG y ACE, además de la importancia relativa de cada contribución genética en la producción de híbridos.



Algo que se debe resaltar aquí, es el cruzamiento de la líneas 0101\*0103, ya que la primera línea tuvo el mejor valor positivo para ACG y la otra línea el mejor valor negativo para el mismo efecto. Lo que concuerda con (Cervantes *et al.*, 2002) quienes encontraron cruzas con altos efectos de ACE donde al menos interviene una línea con alto ACG tanto positivo como negativo.

La heterosis promedio de las cruzas, enfatiza la importancia del cruzamiento dirigido para la formación de nuevos y mejores híbridos. (De la cruz *et al.*, 2003) mencionan que en el mejoramiento genético de maíz el nivel deseable para el aprovechamiento de la heterosis en una crusa es cuando menos del 20%.

Como lo señala el autor citado en texto anterior, la mayoría de las cruzas son muy prometedoras, si se toma en cuenta dicho porcentaje como base. Con excepción de la línea 0106 que mostró heterosis promedio negativa en la crusa de 0102\*0106, con un valor de (-6.04). Para esta misma línea la crusa 0103\*0106 mostró la heterosis más baja con un valor de (15.20), siendo la línea que menos aporta a la heterosis y la que más afecta en los cruzamientos. Al respecto (Gaytán y Mayek, 2010) mencionan que cuando se ve una disminución en el rendimiento de grano esto se debe a que el germoplasma a llegado al límite de su rendimiento, de modo que es necesario adicionar nuevos genes favorables

contrastantes entre progenitores que al conjugarse en la cruce, promueven la heterosis en la cruce.

**Cuadro 4.6.1.** Heterosis promedio de rendimiento en t ha<sup>-1</sup> de cruces directas (arriba de la diagonal) y recíprocas (debajo de la diagonal), estimado en porcentaje (%).

♂ \ ♀	0101	0102	0103	0104	0105	0106	0107
0101	0101	128.64	121.85	85.52	157.60	81.73	161.60
0102	107.26	0102	38.49	67.04	105.21	-6.04	
0103	65.79	45.05	0103	61.63	52.60	15.20	
0104	126.11	68.49	35.07	0104	116.64	26.69	96.09
0105	108.78	86.19	86.29	86.76	0105	81.49	103.22
0106						0106	
0107	151.34	52.29			78.46	73.48	0107

0101= 255-18-19; 0102= PEEC1-24; 0103= PEGC1-61; 0104= PE-212-1-2; 0105= [(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2; 0106= 115; 0107= MZCA-LAR.

La mejor heterosis promedio en cuanto a los cruzamientos directos fueron; 0101\*0107, 0101\*0105, 0101\*0102, 0101\*0103, 0104\*0105, 0102\*0105 y 0105\*0107 con valores arriba del 100%, esta variación heterótica se debe al origen genético contrastante de los progenitores. Ante esto (Vallejo y Estrada, 2002) mencionan que si el valor de la heterosis es superior al 100% se dice que los progenitores que se cruzaron son diversos genéticamente.

Para el efecto recíproco las cruces con heterosis mayor del 100% fueron; 0107\*0101, 0105\*0101 y 0102\*101, siendo el primer cruzamiento con el mayor

valor heterótico de 151.34% y por consecuente el valor más alto de todos los cruzamientos recíprocos. No obstante, la línea que mejores resultados muestra tanto en efectos directos como recíprocos es la 0101, seguida de la 0107.

Lo anterior lo describen (De la cruz *et al.*, 2009) como la utilización de los cruzamientos para la estimación de efectos genéticos de las poblaciones en mejoramiento y la información que se genere debe ser analizada de manera minuciosa ya que es valiosa para definir patrones y/o grupos heteróticos, los cuales constituyen una fuente de germoplasma para la generación de líneas élite de suma utilidad en un programa de mejoramiento dinámico.

De acuerdo a lo señalado por el autor anterior podemos reiterar la información encontrada en el índice de selección ya que la mejor cruza en cuestión de heterosis es la 0101\*0107, y que esta se encuentra dentro de las cruza simples para la formación de la variedad sintética. De acuerdo a esto, se infiere que esta cruza podría ser utilizada de manera comercial, por el buen potencial de rendimiento encontrado y aún más por la heterosis que presenta en el cruzamiento. Aun así, la falta de un estudio de estabilidad multi-ambiental podría tener una respuesta diferente a lo que se está afirmando.

Algo importante que se debe describir, es que las líneas pertenecen al mismo grupo heterótico, aun así, la discrepancia genética de cada línea es

diferente por lo tanto, los efectos genéticos de cada línea tendrán una respuesta heterótica diferente en cada cruzamiento. Por su parte (Ramírez *et al.*, 2007) mencionan que las acciones genéticas aditivas, de dominancia, sobredominancia y epistasis; así como la interacción genético-ambientales, contribuyen a la existencia de heterosis, que a su vez se basa en el cruzamiento de germoplasma con acervos genéticos y orígenes geográficos distintos y que de igual forma se deben de tener estudios detallados de qué tipo de acción génica gobierna cada carácter.

## V. CONCLUSIÓN

Los resultados obtenidos en el presente trabajo de investigación fueron derivados de una serie de cruzamientos realizados entre líneas con grado avanzado de endogamia derivadas del grupo germoplásmico denominado enano.

El comportamiento de las cruzas entre las líneas del grupo enano permitió detectar variabilidad genética dentro de este grupo, para la mayoría de las variables evaluadas, a pesar de que las cruzas simples se originaron dentro del mismo grupo heterótico. Esto permitió hacer una selección adecuada de parentales y cruzas simples; Además, se detectó que los efectos del tipo aditivo son de mayor contribución para el conjunto de variables evaluadas, por lo que se recomienda utilizar para mejorar esta población un programa de selección recurrente de hermanos completos.

La aditividad genética detectada se considera una ventaja ya que entre otras cosas permitió cumplir con los objetivos de i) la formación poblaciones de mejoramiento, o recicle de líneas, (a partir del cruzamiento de líneas complementarias y posterior a la  $F_1$  iniciar el proceso de endogamia para generar líneas superiores a las originales) y ii) la conformación de una variedad sintética de maíz enano.

Para la identificación de germoplasma complementario con propósitos de formar una nuevas poblaciones de mejoramiento (cruzas simples), que serán empleadas para la derivación de líneas homocigotas con mejor comportamiento que las líneas parentales, en el cual se encontró al híbrido 20 (PE-212-1-2)\*([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2); 4 (255-18-19)\*([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2) y 25 ([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2)\*(PEGC1-61).

En lo referente a la formación de la variedad sintética se eligieron cruzas simples semejantes en altura, precocidad, sanidad y rendimiento para generar una variedad uniforme y estable, en ellos participaron las siguientes cruzas simples: 20 (PE-212-1-2)\*([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2); 4 (255-18-19)\*([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2); 25 ([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2)\*(PEGC1-61); 6 (255-18-19)\*(MZCA-LAR); 28 ([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2)\*(MZCA-LAR); 10 (PEEC1-24)\*([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2); 27 ([(M16\*PE-115-3-13)\*M16]-1-2)\*(115); 7 (PEEC1-24)\*(255-18-19); 2 (255-18-19)\*(PEGC1-61); 22 (PE-212-1-2)\*(MZCA-LAR); 9 (PEEC1-24)\*(PE-212-1-2); 5 (255-18-19)\*(115). La participación de los cruzamientos no fue de manera proporcional, ya que se prefirió que tuvieran una mayor proporción aquellas líneas que demostraron tener mayores efectos de ACG.

## VI. BIBLIOGRAFÍA CITADA

- Abbott, L. y Pistorale, S. (2011).** Análisis de la estabilidad y adaptabilidad de caracteres de interés agronómico en genotipos selectos de cebadilla criolla (*Bromus catharticus*). *Agriscientia* 28(2):109-117. Disponible en línea: <http://www.scielo.org.ar/pdf/agrisc/v28n2/v28n2a02.pdf>
- Alejos, G.; Monastero, P. y Rea, R. (2006).** Análisis de la interacción genotipo - ambiente para rendimiento de maíz en la región maicera del estado Yaracuy, Venezuela. *Agronomía Trop.* 56(3): 369-384. Disponible en línea: [https://www.researchgate.net/profile/ramon\\_rea/publication/262784262\\_evaluation\\_of\\_the\\_genotype-environment\\_interaction\\_for\\_maize\\_yield\\_in\\_yaracuy\\_state\\_venezuela/links/53da40f50cf2a19eee883341/evaluation-of-the-genotype-environment-interaction-for-maize-yield-in-yaracuy-state-venezuela.pdf](https://www.researchgate.net/profile/ramon_rea/publication/262784262_evaluation_of_the_genotype-environment_interaction_for_maize_yield_in_yaracuy_state_venezuela/links/53da40f50cf2a19eee883341/evaluation-of-the-genotype-environment-interaction-for-maize-yield-in-yaracuy-state-venezuela.pdf)
- Antuna G, O.; Rincón, S. F.; Gutiérrez, del R. E.; Ruíz T. N. A. y Bustamante G. L. A. (2003).** Componentes genéticos de caracteres agronómicos y de calidad fisiológica de semillas en líneas de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 26(1):11-17. Disponible en línea: <http://www.redalyc.org/pdf/610/61026102.pdf>
- Badu, A. B.; Oyekunle, M.; Akinwale, R. O.; Fakorede, M. A. B.; Vroh, I. y Aderounmu, M. (2013).** Aptitud combinatoria, patrones heteróticos y diversidad genética de líneas precoces de maíz amarillo en ambientes contrastantes. *Euphytica* 192:413-433. Disponible en línea: [http://old.ibpdev.net/sites/default/files/combining\\_ability\\_heterotic\\_patterns\\_and\\_genetic\\_diversity\\_of\\_early\\_yellow\\_inbreds\\_under\\_contrasting\\_environments.pdf](http://old.ibpdev.net/sites/default/files/combining_ability_heterotic_patterns_and_genetic_diversity_of_early_yellow_inbreds_under_contrasting_environments.pdf)
- Barreto H. J; Bolaños, J. A. y Córdova, H. S. (1991).** Programa índices de selección, Guía para la operación de software. Manual de Capacitación Regional. México. CIMMYT. p. 20.
- Bernardo, R. (2001).** Breeding potential of intra-and interheterotic group crosses in maize. *Crop Sci.* 41(1):68-71. Disponible en línea: <https://www.highbeam.com/doc/1G1-71190469.html>
- Bernardo, R. (2002).** Mejoramiento para características cuantitativas en plantas. Stemmapress, Woodbury, MN (2<sup>da</sup>. Edición). Disponible en línea: [http://stemmapress.com/BQTP\\_sample\\_pages.pdf](http://stemmapress.com/BQTP_sample_pages.pdf)
- Borel, J. C.; Patto, R. M. A.; Rezende, F. de C. V. and Barbosa, A. A. de F. (2013).** Genetic and phenotypic parameters in common bean segregant populations from intra and inter-gene pool crosses of elite lines. *Euphytica.* 193:39-47. Disponible

en línea:  
[http://old.ibpdev.net/sites/default/files/genetic and phenotypic parameters in common bean segregant populations from intra and inter-gene pool crosses of elite lines.pdf](http://old.ibpdev.net/sites/default/files/genetic_and_phenotypic_parameters_in_common_bean_segregant_populations_from_intra_and_inter-gene_pool_crosses_of_elite_lines.pdf)

- Borghini, M. L.; Ibañez, M. A.; Bonamico, N. C.; Kandus, M. V.; Gomar, D. A.; Guillin, E. A. y Di-Renzo, M. A. (2012).** Aptitud combinatoria para tolerancia a Mal de Río Cuarto y rendimiento de grano en líneas Flint de maíz. *Phyton, Int. J. Exp. Bot.* 81:123-131. Disponible en línea: [https://www.researchgate.net/publication/288821929 Combining ability of flint corn inbred lines Mal de Rio Cuarto disease tolerance and grain yield](https://www.researchgate.net/publication/288821929_Combining_ability_of_flint_corn_inbred_lines_Mal_de_Rio_Cuarto_disease_tolerance_and_grain_yield)
- Brumatti, C. R.; Ferraz, J. B. S.; Eler, J. P. y Formigoni, I. B. (2011).** Development of selection index in beef cattle under the focus of a bio-economic model. *Archivos de Zootecnia.* 60(230):205-213. Disponible en línea: <https://dialnet.unirioja.es/descarga/articulo/3899377.pdf>
- Bujak, H.; Kaczmarek, J.; Jedynski, S.; Dmochowska, H. K.; Akamczyk J; Kurczyk, Z. (2007).** Index Selection in Maize Breeding. *Plant Genetic and Breeding.* 24(94):58-65.
- Campos, G. S.; Braccini, N. J.; Oaigen, R. P.; Cardoso, F. F.; Cobusi, J. A.; Kerm, E. L.; Campos, L. T.; Bertoli, C. D. y McManus, C. M. (2014).** Bioeconomic model and selection índices in Aberdeen Angus cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 131: 337-348. Disponible en línea: [http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jbg.12069/epdf?r3\\_referer=wol&tracking\\_action=preview\\_click&show\\_checkout=1&purchase\\_referrer=www.google.com&purchase\\_site\\_license=LICENSE\\_DENIED\\_NO\\_CUSTOMER](http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jbg.12069/epdf?r3_referer=wol&tracking_action=preview_click&show_checkout=1&purchase_referrer=www.google.com&purchase_site_license=LICENSE_DENIED_NO_CUSTOMER)
- Castañón, N. G.; Latournerie, M. L. y Mendoza, E. M. (2005).** Macro de SAS-IML para analizar los diseños II y IV de Griffing. *Universidad y Ciencia* 21(41): 27-35. Disponible en línea: <http://www.redalyc.org/html/3586/358636308004/>
- Cervantes, S. T.; Oropeza, R. M. A. y Reyes, L. D. (2002).** Selección para rendimiento y heterosis de líneas endogámicas de maíz irradiado. *Agrociencia* 34: 421-431. Disponible en línea: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=30236403>
- Cotes, T. J. M y Núñez L. C. E. (2001).** Propuesta para el análisis de diseños aumentados en fitomejoramiento: Un caso en papa. *Revista Latinoamericana de la Papa.* 12:15-34. Disponible en línea: <http://www.papaslatinas.org/ojs/index.php/rev-alap/article/view/106/109>
- Coutiño, E. B.; Vidal, M. V. A.; Cruz, G. B. y Cruz, V. C. (2010).** Aptitud combinatoria general y específica del contenido de azúcares en maíces criollos eloteros. *Rev.*



- Fitotec. Mex. 33(4):57-61. Disponible en línea:  
<http://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v33nspe4/v33nspe4a12.pdf>
- Crossa, J.; Cornelius, L. P. y Vargas, M. (2000).** Modelos estadísticos multiplicativos para el análisis de interacción genotipo x ambiente. Centro internacional de mejoramiento de maíz y trigo. p. 30. Disponible en línea:  
<http://repository.cimmyt.org/xmlui/bitstream/handle/10883/3487/68592.pdf>
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. D. y Carneiro, P. C. S. (2004).** Modelos biométricos aplicados al mejoramiento genético. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Brasil, p. 480.
- De la Cruz, L. E.; Gutiérrez, R. E.; Palomo, G. A. y Rodríguez, H. S. A. (2003).** Aptitud combinatoria y heterosis de líneas de maíz en la Comarca Lagunera. Rev. Fitotec. Mex. 26:279-284. Disponible en línea:  
<https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/26-4/9a.pdf>
- De la Cruz, L. E.; Córdova, O. H.; Estrada B. M. A.; Mendoza, P. J. D.; Gómez, V. A. y Brito, M. N.P. (2009).** Rendimiento de grano de genotipos de maíz sembrados bajo tres densidades de población. Universidad y Ciencia 25(1):93-98. Disponible en línea: <http://www.scielo.org.mx/pdf/uc/v25n1/v25n1a7.pdf>
- De la Cruz, E.; Castañón, N. G.; Brito, M. N. P.; Gómez, V. A.; Robledo, T. V.; Lozano, del Río A. J. 2010.** Heterosis y aptitud combinatoria de poblaciones de maíz tropical. Phytion, Int. J. Exp. Bot. 79(1):11-17. Disponible en línea: <http://www.scielo.org.ar/pdf/phyton/v79n1/v79n1a03.pdf>
- De León, C. H. (2005).** Estudio y clasificación de grupos germoplásmicos para la constitución de patrones heteróticos en maíz. Tesis Doctorado en Ciencias en Fitomejoramiento. Programa de Graduados "UAAAN".
- De León, C. H.; Rincón, S. F.; Reyes, V. M. H.; Sámano, G. D.; Martínez, Z. G.; Cavazos, C. R. y Figueroa, C. J de D. (2005).** Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. Rev. Fitotec. Mex. 28(2):135 -143. Disponible en línea:  
<http://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/28-2/7a.pdf>
- Dhillon, B. S. y Prasanna, B. M. (2001).** Maize in V. L. Chopra (ed.). Breeding Field Crops: Theory and Practice. Oxford and IBH, New Delhi. Disponible en línea: [https://www.researchgate.net/publication/262492418\\_Maize](https://www.researchgate.net/publication/262492418_Maize)
- Duvick, D. N. (2001).** Biotechnology in the 1930s: the development of hybrid maize. Nature Reviews Genetics. 2:69-74. Disponible en línea: [https://www.nature.com/nrg/journal/v2/n1/full/nrg0101\\_069a.html](https://www.nature.com/nrg/journal/v2/n1/full/nrg0101_069a.html)
- Elizondo, B. J. (2000).** Aptitud combinatoria de 13 genotipos de soya en siembra de invernadero en el sur de Tamaulipas. In. Memoria del XVIII Congreso Nacional

de Fitogenética. Zavala, G. F.; Ortega, P.R.; Contreras, J. A.; Benítez, R. I. y Guillén, A. (eds). Irapuato, Guanajuato. P. 84.

- Escorcía, G. N.; Molina, G. J. D.; Castillo, G. F. y Mejía, C. J. A. (2010).** Rendimiento, heterosis y depresión endogámica de cruces simples de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 33(3):271-279. Disponible en línea: <http://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v33n3/v33n3a12.pdf>
- Espinosa, A.; Sierra, M. y Gómez, N. (2002).** Producción y tecnología de semillas mejoradas de maíz por el INIFAP en el escenario sin la PRONASE. *Agron. Mesoam.* 14(1):117-121. Disponible en línea: <http://www.redalyc.org/pdf/437/43714116.pdf>
- Esquivel, E. G.; Castillo, G. F.; Hernández, C. J. M.; Santacruz, V. A.; García, de los S. G.; Acosta, G. J. A. y Ramírez, H. A. (2011).** Heterosis en maíz del Altiplano de México con diferente grado de divergencia genética. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 2(3):331-344. Disponible en línea: <http://www.scielo.org.mx/pdf/remexca/v2n3/v2n3a3.pdf>
- Falconer, D. S. y Mackay, T. F. C. (1996).** Introduction to quantitative genetics. Logman, England. 464 pp.
- Flajoulot, S.; Ronfort, J.; Baudouin, P.; Barre, P.; Huguet, T.; Huyghe C. y Julier, B. (2005).** Genetic diversity among alfalfa (*Medicago sativa* L.) cultivars coming from a breeding program, using SSR markers. *Theoretical Applied Genetics* 111: 1420-1429. Disponible en línea: [https://www.researchgate.net/publication/7610476\\_Genetic\\_diversity\\_among\\_alfalfa\\_Medicago\\_sativa\\_cultivars\\_coming\\_from\\_a\\_breeding\\_program\\_using\\_SSR\\_markers](https://www.researchgate.net/publication/7610476_Genetic_diversity_among_alfalfa_Medicago_sativa_cultivars_coming_from_a_breeding_program_using_SSR_markers)
- Garbuglio, D. D.; De Miranda F. J. B. y Cella, M. (2009).** Variabilidad de genética em famílias S1 de diferentes populações de milho. *Acta Sci. Agron. Maringá.* 31(2):209-213. Disponible en línea: <http://www.scielo.br/pdf/asagr/v31n2/v31n2a04.pdf>
- Gaytan, B. R. y Mayek, P. N. (2010).** Heterosis en híbridos de maíz producidos de cruzamientos entre progenitores de Valles Altos x Tropicales. *Investigación y Ciencia de la Universidad Autónoma de Aguascalientes.* 18(48):4-8. Disponible en línea: <http://www.redalyc.org/pdf/674/67413203002.pdf>
- González, A.; Pérez, J. D.; Sahagún, J.; Franco, O.; Morales, J. E.; Martín, R.; Gutiérrez, F. y Balbuena, A. (2010).** Aplicación y comparación de métodos univariados para evaluar la estabilidad en maíces del Valle Toluca-Atzacomulco, México. *Agronomía Costarricense.* 34(2):129-143. Disponible en línea: <http://www.scielo.sa.cr/pdf/ac/v34n2/a02v34n2.pdf>

- Gordón, M. R.; Camargo, B. I.; Franco, B. J. y González, S. A. (2006).** Evaluación de la adaptabilidad y estabilidad de 14 híbridos de maíz, Azuero, Panamá. *Agronomía Mesoamericana* 17(2):189-199. Disponible en línea: [http://www.mag.go.cr/rev\\_meso/v17n02\\_189.pdf](http://www.mag.go.cr/rev_meso/v17n02_189.pdf)
- Griffing, B. (1956).** Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Division of Plant Industry, C.S.I.R.O., Canberra, A.C.T. 463-493. Disponible en línea: <http://www.publish.csiro.au/bi/pdf/bi9560463>
- Grossi, D. A.; Venturini, G. C.; Paz, C. C. P.; Bezerra, L. A. F.; Lôbo, R. B.; Oliveira, J. A. y Murari, D. P. (2009).** Genetic association between age at first calving and heifer body weight and scrotal circumference in Nelore cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 126: 387-393. Disponible en línea: [http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1439-0388.2008.00791.x/epdf?r3\\_referer=wol&tracking\\_action=preview\\_click&show\\_checkout=1&purchase\\_referrer=www.google.com&purchase\\_site\\_license=LICENSE\\_DENIED\\_NO\\_CUSTOMER](http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1439-0388.2008.00791.x/epdf?r3_referer=wol&tracking_action=preview_click&show_checkout=1&purchase_referrer=www.google.com&purchase_site_license=LICENSE_DENIED_NO_CUSTOMER)
- Guillen, de la C. P.; De la Cruz, L. E.; Castañón, N. G.; Osorio, O. R.; Brito, M. N. P.; Lozano, del R. A. J. y López, N. U. (2009).** Aptitud combinatoria general y específica de germoplasma tropical de maíz. *Trop. Subtrop. Agroecosyst.* 10:101-107. Disponible en línea: <http://www.redalyc.org/html/939/93911243010/>
- Gutiérrez, del R. E.; Palomo, G. A.; Espinoza, B. A. y De la Cruz, L. E. (2002).** Aptitud combinatoria y heterosis para rendimiento de líneas de maíz en la comarca lagunera, México. *Rev. Fitot. Mex.* 24(3):271-277. Disponible en línea: <http://www.redalyc.org/html/610/61025307/>
- Gutiérrez, del R. E.; Espinoza A. B.; Palomo A. G.; Lozano, J. G. y Antuna, O. G. (2004).** Aptitud combinatoria de híbridos de maíz para la comarca Lagunera. *Rev. Fitotec. Mex.* 27(1):7-11. Disponible en línea: <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/27-1%20Especial%201/2a.pdf>
- Hallauer, A. R. and Miranda, J. B. (1988).** Quantitative genetics in maize breeding. 2th Ed. Iowa State University Press. Ames, Iowa. 468 p. Disponible en línea: [http://majidi.iut.ac.ir/sites/majidi.iut.ac.ir/files/files\\_course/quantitative\\_genetics\\_in\\_maize\\_breeding.pdf](http://majidi.iut.ac.ir/sites/majidi.iut.ac.ir/files/files_course/quantitative_genetics_in_maize_breeding.pdf)
- Henderson, R. I. and Jacobsen, E. S. (2007).** Epigenetic inheritance in plants. *Nature* 447:418-424. Disponible en línea: <http://202.120.224.199/picture/article/133/e42e357a-1154-44bc-9466-750f7e34edda/8f51ab6f-7cac-42ea-a08b-6e4ef84b595d.pdf>

- Hongyu, K.; García P. M.; Borges A. L. y Dos Santos D. C. T. (2014).** Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype environment interaction. *Biometrical Letters* 51(2):89102. Disponible en línea: <https://www.degruyter.com/view/j/bile.2014.51.issue-2/bile-2014-0007/bile-2014-0007.pdf>
- Ibarra, H. A. (2000).** Domesticación, mejoramiento genético y OGM's en acuicultura. A que nos lleva cada uno y la realidad en la acuicultura. Memorias del III Simposium Internacional de acuicultura Aqua México 2000 5-7 octubre. Culiacán Sinaloa, México. Terramar. 293-303.
- Inram, M. S.; Nawaz, H. M.; Mahmood, H. M. y Munir, M. (2004).** General and specific combining ability studies in maize diallel crosses. *Int. J. Agric. Biol.* 6: 856-859. Disponible en línea: [http://www.fspublishers.org/published\\_papers/22090\\_.pdf](http://www.fspublishers.org/published_papers/22090_.pdf)
- Kandus M.; Almorza, D.; Boggio R. R. and Salerno, J. C. (2010).** Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.). *Phyton. International Journal of Experimental Botany* 79:39-46. Disponible en línea: <http://www.scielo.org.ar/pdf/phyton/v79n1/v79n1a07.pdf>
- Kang, M. S.; Kushairi, D. A.; Zhang, Y. and Magari, R. (1999).** Combining ability for rind puncture resistance in maize. *Crop Sci.* 39(2):368–371. Disponible en línea: <http://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=US201302914053>
- Katepa, M. F.M.; Christie, B.R. y Michaels T. E. (2002).** An improved breeding strategy for autotetraploid alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Euphytica* 123:139-146. Disponible en línea: <https://eurekamag.com/research/003/641/003641219.php#close>
- King, R. C.; Stansfield, W. D. y Mulligan, P. K. (2006).** A dictionary of genetics. Oxford University Press. New York. p. 608. Disponible en línea: [https://books.google.com/books?id=NJ9qGNlptM0C&printsec=frontcover&source=gbs\\_ge\\_summary\\_r&cad=0#v=onepage&q&f=false](https://books.google.com/books?id=NJ9qGNlptM0C&printsec=frontcover&source=gbs_ge_summary_r&cad=0#v=onepage&q&f=false)
- Kutka, F. J.; Smith, M. E. (2007).** ¿Cuántos padres dan el mayor rendimiento en las poblaciones sintéticas y compuestas del maíz? *Crop Sci* 47: 1905-1913. Disponible en línea: [10.2135/cropsci2006.12.0802sc](https://doi.org/10.2135/cropsci2006.12.0802sc)
- Lobato, O. R.; Molina, G. J. D.; López, R. J. J.; Mejía, C. J. A. y Reyes, L. D. (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. Disponible en línea: <http://www.scielo.org.mx/pdf/agro/v44n1/v44n1a2.pdf>
- Mandal, B. C. (2014).** Maize Breeding and Seed Production Manual Food. Agriculture Organization of the United Nations Office of the Food and Agriculture Organization in DPR Korea. p. 99. Disponible en línea:

<https://pdfs.semanticscholar.org/fbd1/401739e6bfdbc2a976d971781880406fa0ea.pdf>

**Márquez, S. F. (2008).** Endogamia y predicción de sintéticos de maíz de cruza dobles. Rev. Fit. Mex. 31(03):1-4. Disponible en línea: <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/31-1%20Especial%203/1a.pdf>

**Márquez, S. F. (2010).** Epístasis en variedades sintéticas de maíz. Rev. Fitotec. Mex. 33(4):101–105. Disponible en línea: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=61014255018>

**Mastache, L. A. A. y Martínez, G. A. (2003).** Un algoritmo para el análisis, estimación y predicción en experimentos dialélicos balanceados. Rev. Fitotec. Mex. 26(3):191-200. Disponible en línea: <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/26-3/9a.pdf>

**McDermott, B. and Coe, R. (2012).** An Easy Introduction to Biplots for Multienvironment Trials. Statistical Services Center, University of Reading, UK and World Agroforestry Centre, Kenya. 62 p. Disponible en línea: [https://www.reading.ac.uk/ssc/resources/MET\\_BiplotIntro\\_7apr12.pdf](https://www.reading.ac.uk/ssc/resources/MET_BiplotIntro_7apr12.pdf)

**Milligan, S. B.; Balzarini M. and White, W. H. (2003).** Broad sense heritabilities, genetic correlations and selection indices for sugarcane borer resistance and their relation to yield loss. Crop Sci. 43:1729-1735. Disponible en línea: <https://pubag.nal.usda.gov/pubag/downloadPDF.xhtml?id=48369&content=PDF>

**Modarresi, M.; Assad, M. T. y Kheradnam. M. (2004).** Determining selection indices in corn hybrids (*Zea mays* L.) to increase grain yield. J. Sci. & Tech. of Agric. and Natural Resources. 7(4):71-82. Disponible en línea: [http://jstnar.iut.ac.ir/browse.php?a\\_code=A-10-2-486&slc\\_lang=en&sid=1](http://jstnar.iut.ac.ir/browse.php?a_code=A-10-2-486&slc_lang=en&sid=1)

**Mohammandi, A. S.; Prasanna, M. B. y Singh, N. N. (2003).** Sequential path model for determining interrelationships among grain yield and related characters in maize. Crop Sci. 43(5):1690-1697. Disponible en línea: <https://dl.sciencesocieties.org/publications/cs/abstracts/43/5/1690>

**Morange, M. (2002).** The relations between genetics and epigenetics. A historical point of view. Annals of the New York Academy of Sciences 981: 50-60. Disponible en: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1749-6632.2002.tb04911.x/abstract>

**Morata, M. M.; Presello, D. A.; González, M. P. y Frutos E. (2006).** Aptitud combinatoria para rendimiento entre líneas de maíz derivadas de nuevas fuentes de resistencia al Mal de Río Cuarto. Rev. Facultad de Agronomía, 106(1)69:83. Disponible en línea: [http://www2.agro.unlp.edu.ar/uploads/R/106\\_69\\_83.pdf](http://www2.agro.unlp.edu.ar/uploads/R/106_69_83.pdf)

- Mueller J. 2000.** Mejoramiento genético de lana. “Conferencia presentada en el III Congreso Lanero Argentino”, Trelew, 9 y 10 de febrero. Comunicación Técnica INTA Bariloche Nro PA 374, p. 7. Disponible en línea: <http://slideflix.net/doc/434887/mejoramiento-gen%C3%A9tico-de-la-lana>
- Nzuve, F.; Githiri, S.; Mukunya, D. M. and Gethi, J. (2013).** Analysis of genotype x environment interaction for grain yield in maize hybrids. *Journal of Agricultural Science* 5(11):75-85. Disponible en línea: <http://www.ccsenet.org/journal/index.php/jas/article/view/29044/18294>
- Parvez, S. y Rather, A. G. (2006).** Genetic Analysis of Yield Traits in Local and Cimmyt Inbred Line Crosses Using Line x Tester Analysis in Maize (*Zea mays* L.). *Asian Journal of Plant Sciences*, 5:1039-1042. Disponible en línea: <http://scialert.net/fulltext/?doi=ajps.2006.1039.1042&org=11>
- Pavan, R.; Lohithaswa H. C.; Wali M. C.; Prakash G y Shekara B. G. (2011).** Genetic analysis of yield and its component traits in Maize (*Zea mays* L.). *Plant Archives* 11(2):831-835. Disponible en línea: [https://www.researchgate.net/publication/224862539\\_Genetic\\_analysis\\_of\\_yield\\_and\\_its\\_component\\_traits\\_in\\_maize\\_Zea\\_mays\\_L](https://www.researchgate.net/publication/224862539_Genetic_analysis_of_yield_and_its_component_traits_in_maize_Zea_mays_L)
- Pech, M. A. M.; Castaño, N. G.; Tun, S. J. M.; Mendoza, E. M.; Mijangos, C. J. O.; Pérez, G. A. y Latournerie, M. L. (2010).** Efectos heteróticos y aptitud combinatoria en poblaciones de chile dulce (*Capsicum annuum* L.) *Rev. Fitotec. Mex.* 33(4):353-360. Disponible en línea: <http://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v33n4/v33n4a13.pdf>
- Pérez, D. J.; González, A.; Sahagún, J.; Vázquez, L. M.; Rivera, A.; Franco, O. and Domínguez, A. (2009).** The identification of outstanding potato cultivars using multivariate methods. *Ciencia e Investigación Agraria. J. Agric. Natural Res.* 36(3):391-400. Disponible en línea: <http://www.scielo.cl/pdf/ciagr/v36n3/art06.pdf>
- Pérez, G. M.; Sahagún, C. J.; Peña, L. A.; Alvarado, N. F. y Aguilar, G. A. (2000).** Estimación de varianza aditiva y heredabilidad en dos poblaciones de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot). *Rev. Fitotec. Mex.* 23:49-58. Disponible en línea: <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/23-1/5a.pdf>
- Pérez, L. D. J.; González, H. A.; Franco, M. O.; Rubí, A. M.; Ramírez, D. J. F.; Castañeda, V. A. y Aquino, M. J. G. (2014).** Aplicación de métodos multivariados para identificar cultivares sobresalientes de haba para el estado de México, México. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 5(2):265-278. Disponible en línea: [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S2007-09342014000200008&script=sci\\_abstract](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S2007-09342014000200008&script=sci_abstract)



- Peyman, S.; Hamid, D.; Ali, M. y Mohammad, M. (2009).** Genetic and genotype x environment interaction effects for appearance quality of rice. *Agric. Sci. China*. 8(8):891-901. Disponible en línea: [https://doi.org/10.1016/S1671-2927\(08\)60293-X](https://doi.org/10.1016/S1671-2927(08)60293-X)
- Poehlman, J. M. y Allen, D. (2003).** Mejoramiento genético de las cosechas. Guzmán, O. M.; Hernández, C. M. A., Serrano, C. L. M. (Trad.). Editorial Limusa. México. 506 p.
- Ramírez, D. J. L.; Chuela, B. M.; Vida, M. V. A.; Ron, P. J. y Caballero, H. F. (2007).** Propuesta para formar híbridos de maíz combinando patrones heteróticos. *Rev. Fitotec. Mex.* 30(4):453-461. Disponible en línea: <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/30-4/13a.pdf>
- 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(1):49-56. Disponible en línea: <http://www.redalyc.org/html/610/61027107/>
- Rodríguez, P. G.; Zavala, G. F.; Gutiérrez, D. A.; Treviño, R. J. E.; Ojeda, Z. C. y De la Rosa, L. A. (2013).** Comparación de dos tipos de selección en poblaciones de maíces criollos. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 4(4):569-583. Disponible en: <http://www.scielo.org.mx/pdf/remexca/v4n4/v4n4a7.pdf>
- Rodríguez, P. G.; Zavala, G. F.; Gutiérrez, D. A.; Treviño, R. J. E.; Ojeda, Z. C. M. y Mendoza, E. M. (2016).** Estrategias de selección en familias de hermanos completos en dos poblaciones de maíces criollos. *Phyton* 85(2):194-202. Disponible en línea: [http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1851-56572016000200004](http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1851-56572016000200004)
- Rodríguez, P. J. E.; Sahagún, C. J.; Villaseñor, M. H. E.; Molina, G. J. D. y Martínez, G. A. (2005).** La interacción genotipo x ambiente en la caracterización de áreas temporales de producción de trigo. *Agrociencia*, 39(1):51-64. Disponible en línea: <http://www.redalyc.org/pdf/302/30239106.pdf>
- Rovarís, S. R. S.; Araújo, P. M.; Garbuglio, D. D.; Prete, C. E. C.; Zago, V. S. and da Silva, L. J. F. (2011).** Estimates of genetic parameter in maize commercial variety IPR 114 at Paraná State, Brazil. *Acta Scientiarum. Agron. Maringá*. 33(4):621-625. Disponible en línea: <http://www.scielo.br/pdf/asagr/v33n4/09.pdf>
- Ruales, F. R.; Manrique, C. y Cerón, M. F. (2007).** Fundamentos en mejoramiento animal. 1 ed. Medellín: L. Vieco e Hijas Ltda.

- Sahagún, C. J.; Rodríguez P. J. E.; Peña L. A. (2005).** Desarrollo y predicción de sintéticos de cruzas dobles de maíz. *Agronomía mesoamericana* 16(1):19-28. Disponible en línea: [http://www.mag.go.cr/rev\\_meso/v16n01\\_019.pdf](http://www.mag.go.cr/rev_meso/v16n01_019.pdf)
- Sahagún, C. J. y Rodríguez, P. J. E. (2011).** Endogamia de sintéticos formados con líneas y cruzas simples. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 17(3): 107-115. Disponible en línea: <http://www.scielo.org.mx/pdf/rcsh/v17n3/v17n3a3.pdf>
- Semel, Y.; Nissenbaum, J.; Menda, N.; Zinder, M.; Krieger, U.; Issman, N.; Pleban, T.; Lippman, Z.; Gur, A. and Zamir, D. (2006).** Overdominant quantitative trait loci for yield and fitness in tomato. *PNAS* 103: 12981–12986. Disponible en línea: <http://www.pnas.org/content/103/35/12981.full>
- Sierra M. M.; Palafox C. A.; Vázquez C. G.; Rodríguez M. F. y Espinoza C. A. (2010).** Caracterización agronómica, calidad industrial y nutricional de maíz para el trópico mexicano. *Agronomía mesoamericana* 21(1):21-29. Disponible en línea: [http://www.mag.go.cr/rev\\_meso/v21n01\\_021.pdf](http://www.mag.go.cr/rev_meso/v21n01_021.pdf)
- Soares, de L. 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 línea: [http://www.hereford.org.uy/sites/hereford/files/ObjetivoDeSeleccionAnuarioHE\\_2011.pdf](http://www.hereford.org.uy/sites/hereford/files/ObjetivoDeSeleccionAnuarioHE_2011.pdf)
- Soengas, F. M. P.; Ordás, L. B.; Malvar, P. R. A.; Revilla, T. P. y Ordás P. A. (2003).** Performance of flint maize in crosses with testers from different heterotic groups. *Maydica* 48:85-91. Disponible en línea: <http://digital.csic.es/bitstream/10261/32963/1/Performance%20of%20flint%20maize%20in%20crosses%20with%20testers...pdf>
- Sprague, G. F. and Tatum, L. A. (1942).** General vs specific combining ability in single crosses of corn. *J. Amer. Soc. Agron.* 34:923-932. Disponible en línea: <https://dl.sciencesocieties.org/publications/aj/abstracts/34/10/AJ0340100923?access=0&view=pdf>
- Tonk A. F.; Ilker E. and Tosun, M. (2011).** Evaluation of genotype environment interactions in maize hybrids using GGE biplot analysis. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 11:1-9. Disponible en línea: <http://www.scielo.br/pdf/cbab/v11n1/v11n1a01.pdf>
- Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (2011).** Campos experimentales de Buenavista, Saltillo, Coahuila. p. 20. Disponible en línea: [http://www.uaaan.mx/investigacion/comeaa/Campos\\_Experimentales\\_2011.pdf](http://www.uaaan.mx/investigacion/comeaa/Campos_Experimentales_2011.pdf)



- Vallejo, D. H. L.; Ramírez, D. J. L.; Ron, P. J.; Sánchez, J.; Chuela, B. N.; Venegas, S. H.; Delgado, M. H.; Aguilar, S. M. y García, A. (2000).** Aptitud combinatoria de dos poblaciones subtropicales adaptadas In: Memoria de XVIII Congreso Nacional de Fitogenética. Zavala, G. F.; Ortega, P. R.; Contreras, J. A.; Benítez, R. I. y Guillen, A. (eds). Irapuato, Guanajuato. Pp. 393.
- Vallejo, F. A. y Estrada, E. I. (2002).** Mejoramiento Genético de Plantas. Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira, Cali, COL. p. 402. Disponible en línea: <http://www.uneditorial.net/uflip/Mejoramiento-genetico-de-plantas/pubData/source/Mejoramiento-genetico-de-plantas.PDF>
- Vargas, M. and Crossa, J. (2000).** The AMMI analysis and graphing the biplot. Biometrics and Statistics Unit. CIMMYT, México. p. 39. Disponible en línea: <http://repository.cimmyt.org/xmlui/bitstream/handle/10883/585/73247.pdf?sequence=1>
- Wong, R. R.; Gutiérrez, R. E.; Palomo, E. G. A.; Rodríguez, S. H.; Córdoba, H.O.; Espinoza, B. A. y Lozano, J. J. G. (2007).** Aptitud combinatoria de componentes del rendimiento el líneas de maíz para grano en la comarca lagunera. México. Rev. Fitotec. Mex. 30(2):181-189. Disponible en: <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/30-2/10a.pdf>
- Yan W. (2001).** GGE Biplot - A windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. Agron. J. 93(5): 1111-1118. Disponible en línea: <http://www.ggebiplot.com/Yan2001.pdf>
- Yan, W. and Hunt L. A. (2002).** Biplot analysis of multi-environment trial data in. Quantitative Genetics, Genomics and Plant breeding edited by M. S. Kang. pp. 289-303. Disponible en línea: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4241075/>
- Yao, W. H.; Zhang, D. Y.; Kang, M. S.; Chen, H. M.; Liu, L.; Yu, L. J. and Fan, M. X. (2013).** Diallel analysis models: a comparison of certain genetic statistics. Crop Sci. 5(4):1481-1490. Disponible en línea: <http://eprints.icrisat.ac.in/10718/>
- Zhang, Y.; Kang, M. S. y Lamkey, K. L. (2005).** DIALLEL-SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner-Eberhart analyses. Agron. Journal. 97:1097-1106. Disponible en línea: [https://www.academia.edu/7548322/DIALLEL-SAS05\\_A\\_Comprehensive\\_Program\\_for\\_Griffing\\_s\\_and\\_Gardner\\_Eberhart\\_Analyses](https://www.academia.edu/7548322/DIALLEL-SAS05_A_Comprehensive_Program_for_Griffing_s_and_Gardner_Eberhart_Analyses)