

# **UNIVERSIDAD DE GUADALAJARA**

**CENTRO UNIVERSITARIO DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y AGROPECUARIAS  
DIVISIÓN DE CIENCIAS AGRONÓMICAS  
COORDINACIÓN DE POSGRADO**



**APTITUD COMBINATORIA Y COMPORTAMIENTO HÍBRIDO DE  
LÍNEAS DE MAÍZ TROPICALES "QPM" SELECCIONADAS POR  
MÉTODOS CONVENCIONALES Y MARCADORES MOLECULARES**

**FLORENCIO RECENDIZ HURTADO**

**TESIS**

**PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL**

**PARA OBTENER EL GRADO DE:  
DOCTOR EN CIENCIAS AGRÍCOLAS Y FORESTALES**

**ZAPOPAN, JALISCO. DICIEMBRE 2005**

# UNIVERSIDAD DE GUADALAJARA

CENTRO UNIVERSITARIO DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y AGROPECUARIAS  
DIVISIÓN DE CIENCIAS AGRONÓMICAS  
COORDINACIÓN DE POSGRADO



Esta tesis titulada "Aptitud combinatoria y comportamiento híbrido de líneas de maíz tropicales "QPM" seleccionadas por métodos convencionales y marcadores moleculares", fue realizada bajo la dirección y el consejo particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para la obtención de grado de:

DOCTORADO EN CIENCIAS AGRÍCOLAS Y FORESTALES

## CONSEJO PARTICULAR

Director:

Dr. Mario Abel Garza Vázquez †

Co-director:

Dr. José de Jesús Sánchez González

Asesor:

Dr. Hugo Córdova Orellana

Asesor:

Dr. José Kon Parra

Asesor:

Dr. Fidel Márquez Sánchez

Asesor:

Dr. Rogelio Lépiz Idefonso

Las Agujas, Mpio. de Zapopan, Jal., diciembre de 2005

**“Adonde yo voy, se encuentra lleno de libros y maíces para seguir trabajando, allá  
los espero”**

**M. Abel García Vázquez†  
Fitomejorador**

**“El que da cree que da mucho, el que recibe cree que le dan poco”  
F.R.H.**

## **DEDICATORIAS**

**A mi madre Angelina† y a mi padre Florencio esperando complacer su esperanza.**

**A mi esposa Aurelia Luz, amor y soporte de mi vida.**

**A mis hijos: Asís, Marco y Luís con la esperanza de verlos realizados  
en esta fantástica vida.**

**A mi nieta Luna “la más hermosa de todas”**

## AGRADECIMIENTOS

A mi Alma Mater: La Universidad de Guadalajara por ser la fuente de mi formación académica y al Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias por brindar la oportunidad de superarme así como a su actual Rector Dr. Juan de J. Taylor P.

Al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), por el gran apoyo brindado para la realización de este trabajo.

Al Dr. M. Abel García V., entrañable amigo, hermano, compadre, por su interés en mi formación y por la parte de su vida que me dedicó.

Con gran respeto y amistad al Dr. Salvador Mena M., por el apoyo recibido durante su gestión como Rector del CUCBA y como compañero durante nuestro doctorado.

Al Dr. J. Jesús Sánchez G., científico humilde y gran persona a quién después de terminar el trabajo puedo darle las gracias por su entrega en este trabajo: Gracias maestro.

Al Dr. Fidel Márquez Sánchez, amigo y gran científico, por el sacrificio hecho en la revisión del trabajo y sus sugerencias al mismo.

Por la completa y detallada revisión del documento, las respectivas sugerencias y observaciones, al Dr. José Ron Parra mis más sinceros agradecimientos, hombre de trabajo y reflexión.

Al Dr. Rogelio Lépiz, Coordinador del Posgrado en Ciencias Agrícolas y Forestales del CUCBA, por las facilidades administrativas y su participación para adquirir el respectivo grado.

A Norberto Carrizales, compañero de batallas y discusiones así como de "acalambramientos" por su lealtad y sinceridad.

Hombre sencillo y trabajador: Ing. Isaac Hernández V., ya que sin su ayuda no hubiese podido dedicar el tiempo a formarme.

Al M en C Javier Vásquez N., inteligente amigo, por la ayuda prestada y desinteresada durante todo el proceso para la obtención de este grado académico.

Por las sugerencias y experiencias que me ayudaron a entender el proceso para la obtención del grado, al Dr. Juan Casas S.

A todos mis maestros y amigos del Posgrado por sus conocimientos y apoyo incondicional.

A los que no recuerdo, por que fueron valiosos para mí.

# Índice

<i>Índice</i>	<i>I</i>
<b>LISTA DE CUADROS</b>	<b>III</b>
<b>LISTA DE FIGURAS</b>	<b>V</b>
<b>LISTA DE DE CUADROS APÉNDICE</b>	<b>VI</b>
<b>RESUMEN</b>	<b>VIII</b>
<b>1. INTRODUCCIÓN</b>	<b>1</b>
<b>2. REVISIÓN DE LITERATURA</b>	<b>3</b>
2.1 El maíz opaco-2 ( $o_2/o_2$ ) como fuente de alta calidad de proteína	3
2.2 Los genes modificadores de $o_2/o_2$	5
2.3 Aptitud combinatoria	7
2.4 Interacción genético-ambiental	10
2.5 Marcadores moleculares	13
<b>3. MATERIALES Y MÉTODOS</b>	<b>15</b>
3.1 Materiales genéticos	15
3.1.1 Características de los genotipos	15
3.2 Método de mejoramiento genético	15
3.3 Métodos físicos, químicos y moleculares	20
3.3.1 Métodos físicos	21
3.3.2 Métodos químicos	22
3.3.3 Métodos moleculares	23
3.4 Variables estudiadas	24
3.5 Diseño experimental para la evaluación de los mestizos y modelo estadístico	25
3.6 Modelo estadístico para el cálculo de la Aptitud Combinatoria (AC)	27
3.7 Modelos para la estabilidad	31
3.7.1 Modelo de Eberhart y Russell (1966)	31
3.7.2 Modelo Multiplicativo propuesto por Cruz (1990)	33
3.7.3 Modelo aditivo multiplicativo (AMMI)	35
3.7.4 Índice de Langer (L), (1979)	36
3.7.5 Índice o ecovalencias de Wricke ( $W^2$ ), (1964)	37
3.8 Modelo de correlación (r)	38
<b>4. RESULTADOS Y DISCUSIONES</b>	<b>39</b>
4.1 Prueba de identificación y selección de las líneas de dos poblaciones por marcadores moleculares en $F_2$	39
4.2 Selección de las líneas $S_3$ por contenido de triptofano en grano	40
4.3 Identificación y selección de las líneas de todas las poblaciones por marcadores moleculares (microsatélites) en $S_2$	40

4.4 Evaluación de mestizos del grupo heterótico (Ax $\times$ B) con probadores A y B.	42
4.5 Aptitud Combinatoria	43
4.6 Estabilidad del rendimiento	51
4.7 Coeficientes de correlación (r) entre los diferentes parámetros de estabilidad del rendimiento	56
4.8 Análisis de estabilidad del contenido de lisina.	57
4.9 Coeficientes de correlación (r) entre los diferentes parámetros de la variable contenido de lisina	63
4.10 Análisis de estabilidad del contenido de triptofano en grano	64
4.11 Coeficientes de correlación (r) de diferentes parámetros de la variable contenido de triptofano	70
4.12 Análisis de la estabilidad de la dureza de grano	71
4.13 Coeficientes de correlación (r) entre los diferentes parámetros y la variable dureza de grano	76
4.14 Análisis de estabilidad de la proteína total en grano	77
4.15 Coeficientes de correlación de los diferentes procedimientos para contenido total de proteína en grano.	82
5. CONCLUSIONES	85
6. BIBLIOGRAFIA	87
APÉNDICE	93

## LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Materiales usados como donadores de "QPM", normales y probadores.....	16
Cuadro 2. Características de los materiales usados para la generación de líneas de alta calidad de proteína. ....	17
Cuadro 3. Localidades de evaluación de las cruzas de los diferentes grupos heteróticos y algunas características geográficas.....	21
Cuadro 4. Análisis de varianza del diseño II de carolina del Norte repetido para ambientes, adaptado de Hallauer y Miranda (1981).....	29
Cuadro 5. Efectos estimables de Aptitud Combinatoria para líneas y cruzas.....	30
Cuadro 6. Análisis de varianza para estabilidad. Eberhart y Russell (1966). ....	32
Cuadro 7. Análisis de varianza y prueba del modelo multiplicativo propuesto según Cruz (1990). ....	34
Cuadro 8. Identificación de líneas con genes modificadores para calidad de proteína por microsatélites. O-I 2001 .....	40
Cuadro 9. Identificación de las líneas de todas las poblaciones por marcadores moleculares (microsatélites) en plantas S <sub>2</sub> .....	41
Cuadro 10. Análisis combinado del rendimiento de líneas del grupo heterótico (AxB) por probadores A y B. O-I 2001.....	42
Cuadro 11. Medias de rendimiento del análisis combinado de cinco localidades del grupo heterótico (A x B) por probadores A y B. O-I 2001. ....	43
Cuadro 12. Análisis de varianza combinado para AC de las líneas del grupo heterótico (A x B) por probadores A y B. O-I 2001.....	44
Cuadro 13. Medias de rendimiento promedio con dos probadores, efectos de ACG y ACE de las líneas del grupo heterótico AxB por probadores A y B. O-I 2001 .....	45
Cuadro 14. Separación de medias del análisis combinado para cinco localidades. P-V 2003..	49
Cuadro 15. Medias de rendimiento, parámetros e índices de estabilidad de los diferentes procedimientos. P-V 2003.....	51



Cuadro 16. Coeficientes de correlación de Pearson ( $r$ ) y su probabilidad entre los diferentes parámetros e índices para la clasificación de estabilidad de rendimiento de genotipos. ....	55
Cuadro 17. Separación de medias de contenido de lisina del análisis combinado de cinco localidades. P-V 2003. ....	57
Cuadro 18. Porcentajes medios de contenido de lisina, diferentes parámetros e índices para la clasificación de la estabilidad del contenido de lisina y su significancia. P-V 2003. ....	58
Cuadro 19. Medias de porcentajes de lisina en grano completo por localidad. ....	61
Cuadro 20. Coeficientes de correlación y su probabilidad entre diferentes metodologías para clasificar la estabilidad del contenido de lisina. ....	62
Cuadro 21. Separación de medias del porcentaje de triptofano en grano del análisis combinado de cinco localidades. P-V 2003. ....	63
Cuadro 22. Diferentes parámetros e índices para la clasificación de la estabilidad del contenido de triptofano y su significancia. P-V 2003. ....	65
Cuadro 23. Medias de porcentajes de triptofano en grano completo por localidad. ....	68
Cuadro 24. Coeficientes de correlación y su probabilidad entre diferentes metodologías para clasificar la estabilidad del contenido de triptofano. P-V 2003. ....	69
Cuadro 25. Separación de medias de dureza de grano del análisis conjunto. P-V 2003. ....	70
Cuadro 26. Diferentes parámetros e índices para la clasificación de la estabilidad de la dureza de grano. P-V 2003. ....	72
Cuadro 27. Coeficientes de correlación y su probabilidad entre diferentes metodologías para clasificar la estabilidad de la dureza de grano. ....	75
Cuadro 28. Separación de medias para contenido total de proteína en grano del análisis conjunto. P-V 2003. ....	76
Cuadro 29. Diferentes parámetros e índices para la clasificación de la estabilidad del contenido de proteína total en grano. P-V 2003. ....	77
Cuadro 30. Coeficientes de correlación y su probabilidad entre diferentes metodologías para clasificar la estabilidad del contenido de proteína total de grano. P-V 2003. ....	80

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Primera etapa de mejoramiento: a) Conversión de líneas normales a modificadas. b) Obtención de líneas S3 y selección asistida por marcadores moleculares.....	18
Figura 2. Segunda etapa: a) Selección de líneas por contenido de triptofano y por marcadores moleculares. b) Formación de mestizos. c) Evaluación e incremento de mejores líneas y cruzas.....	19
Figura 3. Tercera etapa: Evaluación de los híbridos por estabilidad del rendimiento, contenido de triptofano, proteína total en grano y dureza del endospermo.....	19
Figura 4. Distribución de frecuencias de ACG de las líneas.....	46
Figura 5. Distribución de frecuencias de las líneas con el probador CML 159.....	46
Figura 6. Distribución de frecuencias de las líneas con el probador CML 144. ....	47
Figura 7. Biplot AMMI para estabilidad del rendimiento de grano.....	52
Figura 8. Biplot AMMI para estabilidad del contenido de lisina. ....	58
Figura 9. Biplot AMMI para estabilidad del contenido de triptofano.....	65
Figura 10. Biplot AMMI para estabilidad de la dureza de endospermo.....	71
Figura 11. Biplot AMMI para estabilidad del contenido de proteína total en grano.....	76

## LISTA DE DE CUADROS APÉNDICE

Cuadro 1A . Líneas seleccionadas por marcadores moleculares, contenido de triptofano y otras características del grupo heterótico "A". O.I 2001.....	93
Cuadro 2A. Líneas seleccionadas por marcadores moleculares, contenido de triptofano y otras características del grupo heterótico "AB". O.I 2001.....	94
Cuadro 3A. Análisis de varianza para la estabilidad del rendimiento. Eberhart y Russell (1966). P-V 2003.....	96
Cuadro 4A. Análisis de varianza conjunto para rendimiento. Cruz (1990). P-V 2003.....	96
Cuadro 5A. Análisis de varianza conjunto AMMI con las medias de rendimiento ajustadas para 5 localidades. P-V2003.....	97
Cuadro 6A. Prueba de no aditividad del modelo Multiplicativo para rendimiento. Cruz (1990). P-V 2003.....	97
Cuadro 7A. Análisis de varianza y estabilidad para contenido de lisina, cinco localidades. Eberhart y Russell (1966). P-V 2003.....	98
Cuadro 8A. Análisis de varianza del modelo multiplicativo conjunto de cinco localidades para contenido de lisina según Cruz (1990). P-V 2003.....	98
Cuadro 9A. Análisis de varianza conjunto AMMI con las medias ajustadas para 5 localidades de contenido de lisina. P-V 2003.....	99
Cuadro 10A. Análisis y prueba de no aditividad del modelo multiplicativo para el contenido de lisina. P-V 2003.....	99
Cuadro 11A. Análisis de varianza de los datos transformados para contenido de triptofano según Eberhart y Russell (1966). P-V 2003.....	100
Cuadro 12A. Análisis de varianza para contenido de triptofano según Cruz (1990). P-V 2003.....	101
Cuadro 13A. Análisis de varianza conjunto AMMI con las medias ajustadas para 5 localidades de contenido de triptofano. P-V 2003.....	101
Cuadro 14A. Prueba de no aditividad para contenido de triptofano. Cruz (1989). P-V 2003.....	102

Cuadro 15A. Análisis de varianza para estabilidad de dureza de grano según Eberhart y Russell (1966). P-V 2003. ....	102
Cuadro 16A .Análisis de varianza para dureza de grano con el modelo multiplicativo según Cruz Medina (1986). P-V 2003. ....	103

## RESUMEN

Se realizó un estudio de la Aptitud Combinatoria General (ACG) de líneas S<sub>3</sub> y de la Aptitud Combinatoria Específica (ACE) de sus cruzas de genotipos tropicales de alta calidad de proteína (QPM), en cinco localidades usando el Modelo II de Carolina del Norte sugerido por Comstock y Robinson (1952). Para la selección de las líneas se determinaron los contenidos de lisina y triptofano; y la identificación de genotipos se realizó primeramente con el método tradicional de la pantalla y posteriormente fue asistida con marcadores moleculares (microsatélites), mediante el protocolo SSR utilizado en el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). Los mejores cruzamientos simples producto de la selección de las mejores líneas por su Aptitud Combinatoria (AC) fueron evaluados en 5 localidades por las metodologías de Eberhart y Russell (1966), Cruz (1990), el AMMI propuesto por Burgeño *et al* (2000), Langer (1979) y Wricke (1966) para determinar la estabilidad del rendimiento de grano, contenidos totales de lisina, triptofano y proteína así como de la dureza del grano. Los resultados encontrados presentaron diferencias importantes en la identificación de las líneas seleccionadas por la pantalla y por los marcadores moleculares, siendo favorables para este último método, ya que fue más exacto en la identificación de los genotipos. En lo que respecta a la AC, se encontraron diferencias significativas para ACG y para ACE al 5% de probabilidad. Resultó de mayor importancia el tipo de acción génica aditiva ya que esta fue mayor que la no aditiva (dominancia y la de sobredominancia). Se logró seleccionar de manera jerarquizada con respecto al rendimiento, contenido de lisina, triptofano y proteína total en grano así como por su estabilidad y consistencia, híbridos que reunieron las diferentes características de rendimiento y calidad así como estabilidad. Las entradas y genealogías de dichos híbridos fueron las siguientes: 1 (CLQ 6203 x CL -04321)-B-21-1-1-1 x CML 144 ; 6 (CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-3-1 x CML 144; 8 (CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-42-4-B x CML 144;10 (CML173 x CLQ6203) x (CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-B; 11 (CML173 x CLQ6203) x (CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-B. Así se cumplió el objetivo de obtener híbridos con las características antes descritas que en un futuro cercano puedan ser utilizados por los agricultores de las regiones en que fueron evaluados, teniendo con esto la ventaja adicional de que los materiales son de alta calidad de

proteína. Las metodologías que más coincidieron en la clasificación de los genotipos por su estabilidad fueron las sugeridas por Eberhart y Russell (1966) con las de Cruz (1997) y el AMMI. Se detectó también que las variables cualitativas (contenidos de lisina, triptofano, de proteína y dureza de grano) fueron las que menos ajustes tuvieron a los diferentes modelos. Se realizó un análisis de correlación múltiple entre los diferentes parámetros estudiados y se encontró que las más altas correlaciones para rendimiento de grano fue entre los coeficientes de correlación de Eberhart y Russell (1966) ( $S^2 d_i$ ) y Wricke (1964) y entre  $(b_i)$  y Langer (1979); para lisina entre  $(b_i)$  y  $S^2 d_i$  con Langer (1979); para triptofano entre  $(b_i)$  y Wricke (1966) y Langer (1979); para dureza entre  $(b_i)$  y Wricke (1966); y finalmente para proteína entre  $(b_i)$  y  $S^2 d_i$  con Langer (1979).

# 1. INTRODUCCIÓN

La falta de un programa coherente, de promoción, transferencia de tecnología y aprovisionamiento de semilla de calidad de variedades de maíz de alta calidad de proteína (QPM), que sean estables tanto en su rendimiento como en dureza del endospermo, así como la falta de estudios sobre la estabilidad de los aminoácidos lisina y triptofano, han limitado de cierta manera que variedades de alta calidad de proteína sean sembradas en grandes superficies, esto sin mencionar la falta de apoyo de programas gubernamentales en diferentes países. En México, aún no se han realizado los esfuerzos suficientes, ni se han tenido los apoyos necesarios para implementar un programa de abastecimiento de maíces de alta calidad de proteína.

Por más de 30 años se han acumulado datos que prueban que los maíces de endospermo suaves y duros conteniendo el gen *opaque-2* son nutricionalmente superiores a los maíces normales. Con este valor nutricional del 50 % más alto que el valor de los maíces normales no hay razón del por que este tipo de maíz, no reemplace al maíz normal como alimento para humanos y animales (Mertz, 1994). En la actualidad 22 países han liberado híbridos y variedades sintéticas de maíz QPM, entre estos se encuentra Brasil, China, Ghana, Viet Nam, Bolivia, Ecuador, Venezuela, India y Sud-Africa. Se han realizado esfuerzos fuertes por contar con estos tipos de maíces en Perú, Bolivia, Ecuador y Senegal (Córdova, 2005).

Por otra parte, a partir de la década de 1970, se han generado herramientas que han superado, en la identificación de genotipos, a las metodologías tradicionales que utilizan la genética mendeliana, este es el caso de los marcadores moleculares. Con la aplicación de tales herramientas se cree poder tener un avance más significativo en cuanto a tiempo en la identificación de genotipos con características deseables desde el punto de vista de interés para el mejorador de plantas. Las metodologías con marcadores moleculares se han estado utilizando poco a poco en nuestro país. Así por ejemplo, Quintero (2005) realizó un trabajo para determinar la diversidad genética en soya, en este caso, el auxilio de los marcadores moleculares fue usado para la identificación de de genotipos para seleccionar materiales con alta calidad de proteína.

Los marcadores moleculares pueden ser usados para medir diferentes aspectos a nivel de los genes, como indicadores de la diversidad genética, para hacer mapas genéticos y ayuda a localizar loci que tengan efectos cuantitativos o cualitativos así como a estimar los efectos de tales loci (Charcosset y Gallais, 2003).

Si se considera que el maíz por si mismo es importante en la dieta de los humanos y que si se le da valor agregado como estabilidad del rendimiento, calidad de proteína, y dureza del endospermo, entonces es importante contar con variedades que tengan dichas características, de ahí que los objetivos de este proyecto fueran los siguientes:

1. Identificar líneas de maíz de alta calidad de proteína por el método físico de la pantalla y asistir la selección por marcadores moleculares.
2. Estimar los efectos de la Aptitud Combinatoria General de las líneas y la Aptitud Combinatoria Específica de las cruzas formadas.
3. Obtener híbridos estables en rendimiento, calidad de proteína y textura del endospermo

Las hipótesis que se probaron fueron las siguientes:

- La aptitud combinatoria general y específica de las líneas obtenidas será diferente entre ellas dada su composición genética.
- Los híbridos, línea por probador, que se generen serán estables para las variables: rendimiento, porcentaje de lisina y triptofano, contenido de proteína, y dureza del endospermo.



## 2. REVISIÓN DE LITERATURA

### 2.1 El maíz opaco-2 (o<sub>2</sub>/o<sub>2</sub>) como fuente de alta calidad de proteína

El endospermo de maíz normal contiene aproximadamente el 90 % de proteína del grano y consecuentemente las proteínas en este tejido dictan la calidad nutricional del mismo. En la mayoría de los de maíces normales las zeínas constituyen del 60 al 70% de la proteína del endospermo. Las zeínas son deficientes en los aminoácidos esenciales lisina y triptofano. Por lo que es de gran importancia desarrollar variedades que contengan altos contenidos de lisina y triptofano.

Mertz (1994) cita que hace 80 años en la Universidad de Yale en USA se descubrió por L.B. Mendel la importancia nutritiva de la lisina y el triptofano en la dieta de ratas. Cincuenta años después en la Universidad de Purdue, se descubrió que el maíz opaco-2 contenía bajos niveles de zeína y altos niveles de otras proteínas ricas en lisina y triptofano. Debido a este descubrimiento se abre un abanico en la investigación del efecto de los aminoácidos lisina y triptofano así como en la generación de genotipos con alto contenido de proteína. Algunos de los principales trabajos de esa época se mencionan a continuación.

Mertz (1966) reportó que para ratas jóvenes las proteínas del maíz opaco-2 estuvieron bien balanceadas con solo deficiencias menores en lisina y triptofano. Pickett (1966) encontró que el maíz opaco-2 suplementado apropiadamente con vitaminas y minerales fue adecuado para mantener el crecimiento final de marranos. En humanos Bressani (1966) (citado por Alexander y Creech, 1977) concluyó que para niños el valor nutritivo de la proteína del maíz opaco-2 fue cerca del 90% del valor biológico de la leche desnatada. Este estudio tuvo una relevancia enorme dado que dio las pautas para el desarrollo de programas en los que se generaran genotipos con alta calidad de proteína, que de alguna manera, al consumirlos, sobre todo la población desnutrida, ayudaría a resolver el problema de la desnutrición.

Larkins *et al.* (1994) mencionan que tales descubrimientos dieron origen a un gran optimismo sobre la oportunidad que se tenía para incrementar el valor nutricional del grano. Sin embargo, la

euforia sobre el opaco-2 disminuyó rápidamente debido a los efectos pleiotrópicos de esta mutación que produce un endospermo suave, y gran susceptibilidad a insectos y hongos y generalmente rendimientos bajos. Estos mismos efectos y otros más como el fenotipo del grano y la reducida acumulación de materia seca fueron reportados también por Villegas (1994). Hari *et al.* (1979) y Graham *et al.* (1989) citan que aún con los inconvenientes señalados anteriormente, en trabajos efectuados por diferentes autores se ha demostrado el valor nutricional del maíz de endospermo duro o<sub>2</sub>/o<sub>2</sub>, es decir, que tales inconvenientes no fueron obstáculo para continuar con las investigaciones.

Así Maffia *et al.* (1989), en una nueva generación de investigación, demostraron los beneficios nutricionales de los maíces de alta calidad de proteína (QPM) en ratas, humanos y animales. Zeng *et al.* (1995), Ahenkora *et al.* (1995) y Martínez *et al.* (1996) realizaron trabajos donde demuestran los beneficios del aminoácido lisina contenido en los maíces modificados o QPM.

Borlaug (1994) menciona que los problemas presentados por este mutante además de los sugeridos por varios nutriólogos que estaban a favor de suplir con más calorías los alimentos, ya que consideraban que la cantidad y la calidad de las proteínas no era importante, y no terminaron con las iniciativas de varias instituciones como el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) y varias instituciones de investigación agrícola en Estados Unidos, Sudáfrica, China y Latinoamérica, de continuar con investigaciones sobre la alta calidad nutricional del maíz para mejorar el rendimiento y los problemas agronómicos de la suavidad del grano del maíz opaco-2.

Villegas (1994) explica que algunos de los obstáculos que se tuvieron que vencer para continuar haciendo esfuerzos en encontrar variedades de maíz de alta calidad de proteína fueron el de encontrar apoyos económicos para las investigaciones así como el de emplear métodos menos costosos para analizar las muestras que los mejoradores tenían necesidad de realizar y la de encontrar químicamente aquellos maíces modificados que contuvieran la alta calidad de proteína, pero con características agronómicas aceptables. Tales maíces debido a la acción de genes modificadores son conocidos en la actualidad como de alta calidad de proteína o "QPM" (por sus siglas en inglés Quality Protein Maize).

## 2.2 Los genes modificadores de $o_2/o_2$

Lopes y Larkins (1991) mencionan que el opaco-2 ( $o_2/o_2$ ) es una mutación en uno de los loci reguladores del gen de la transcripción que controla el almacenamiento de la proteína en los granos del maíz (*Zea mays*). Produce una reducción significativa en la prolamina del endospermo que se pone blanquecino y suave. Los genotipos QPM son modificados con endospermo-duro, con mutantes del  $o_2$  que llevan los factores genéticos responsable para incrementar la síntesis de la proteína gamma-zeína con un peso molecular de 27 kDa. Los genes que codifican el almacenamiento de la proteína no están bajo el mando regulador del locus  $o_2$ . Se usaron los análisis genéticos y bioquímicos para investigar la relación entre la modificación del endospermo y el contenido de gamma-zeína en QPM. El uso de genotipos no modificados y modificados demostró, por las cruces recíprocas y las progenies segregantes  $F_2$ , que el grado de vitrosidad aumentó así como la síntesis de gamma-zeína en el endospermo modificado, y que ambas dosificaciones son dependientes y están directamente correlacionadas. Estos mismos factores genéticos son activos en otros mutantes de endospermo-suave como harinoso-2 ( $fl_2$ ) y harinoso-2 opaco-2 ( $fl_2;o_2$ ). La modificación del endospermo parece ser el resultado de un sistema genéticamente complejo, con su efecto primario en la síntesis de la proteína gamma-zeína. Se sugiere que pueda haber una relación alta entre el volumen de esta proteína y el aumento de la vitrosidad de grano en QPM.

Larkins *et al.* (1995) reportó que no mucho después del descubrimiento del opaco-2 ( $o_2/o_2$ ), los mejoradores de plantas comenzaron a reconocer genes que alteran el fenotipo de mutantes  $o_2$  dándoles una apariencia normal. Estos genes designados como “modificadores  $o_2$ ” probaron ser genéticamente complejos pero no efectivos en mejorar las características negativas del fenotipo opaco. Por introgresiones sistemáticas de genes modificadores de  $o_2$  dentro de los antecedentes genéticos de  $o_2$  y monitoreando simultáneamente el contenido de lisina del grano, los mejoradores de plantas fueron capaces de desarrollar un tipo de mutante  $o_2$ : maíz de alta calidad de proteína o QPM.

Lopes *et al.* (1995) mencionan que los genes modificadores de opaco-2 ( $o_2/o_2$ ) convierten lo suave y lo harinoso del endospermo de maíz  $o_2$  a fenotipos duros y vítreos, mientras se mantiene el alto contenido de lisina del grano. Los análisis genéticos realizados en semillas de cruza segregantes de  $o_2$  con fenotipos modificados indicaron que los genes modificadores son genes complejos que actúan codominantemente. Estos investigadores desarrollaron dos poblaciones segregantes diferentes y mapearon loci modificadores vía RFLP. Encontraron una relación entre la formación de endospermo vítreo y el locus que codifica el almacenamiento de la proteína gamma-zeína cuyo mapeo se encontró cerca del centrómero del cromosoma 7. La modificación del endospermo estuvo consistentemente asociada a la presencia de dos genes gamma-zeína.

En las investigaciones realizadas para encontrar las explicaciones relativas a las alteraciones físico-químicas que sufre el maíz opaco-2, los investigadores han coincidido en que no es un solo gene el modificador, sino que son varios y que los genes modificadores son los responsables de incrementar la dureza del grano con factores genéticos responsables de incrementar la síntesis de proteína gamma-zeína. Así se puede concluir que los genes modificadores cambian la dureza del grano así y el balance de la calidad de la proteína y éstos se encuentran altamente relacionados.

Vasal (2001) menciona que se han detectado varios mutantes en los últimos 30 años que pueden modificar favorablemente las características de la proteína del endospermo del maíz elevando los niveles de dos aminoácidos deficientes en el maíz: la lisina y el triptofano. El valor, uso, y herencia de las características de tales genes varían tremendamente. A la fecha se sabe que varios mutantes adicionales además del opaco-2 y el harinoso-2 pueden mejorar la calidad de proteína del endospermo del maíz. Algunos de estos mutantes son los siguientes: opaco-7 ( $o_7$ ), opaco 6 ( $o_6$ ), harinoso-3 ( $fl_3$ ), mucronato (Mc) y de endospermo deficiente (De-B30). Se han hecho esfuerzos para buscar genes con alta lisina pero se continúa teniendo un alto nivel de la fracción de zeína. Dos de tales mutantes, opaco 7749 y opaco 7455, fueron identificados por Nelson en 1981.

### 2.3 Aptitud combinatoria

Sprague y Tattum (1942) designaron que el término “Aptitud Combinatoria General” (ACG) es el promedio de comportamiento de una línea en combinaciones híbridas, mientras que el término de “Aptitud Combinatoria Específica” (ACE), se usa para designar aquellos casos en los cuales ciertas combinaciones hacen relativamente mejores o peores a lo que se esperaría del comportamiento promedio de las líneas involucradas. Estos autores estimaron la varianza para aptitud combinatoria general ( $\sigma_G^2$ ) y la varianza para aptitud combinatoria específica ( $\sigma_S^2$ ) en base en un sistema de cruzas dialélicas para comparar la importancia relativa de la ACG contra la ACE. Indican que la varianza de la ACG da información sobre la importancia de los genes con efectos principalmente aditivos, mientras que los valores de varianza de la ACE dependen de genes con efectos de dominancia, o epistáticos del tipo aditivo x dominancia y dominancia por dominancia.

Mucho antes de que el concepto de aptitud combinatoria fuera introducido por Sprague y Tatum (1942), existieron otros métodos que de alguna manera evaluaron el desarrollo de un genotipo mediante algunos sistemas de cruzamientos. Así, Hallauer y Miranda (1981) mencionan la prueba de progenie definida por Allard (1960) como “una prueba del valor de un genotipo basado sobre el desarrollo de sus cruzas producidas en algún sistema definido de cruzamientos”. Ésta fue usada en tiempos anteriores por Vilmorin (1850) en Francia. Estos mismos autores citan que la prueba de progenes en maíz fue primeramente usada por Hopkins (1896) para la selección de aceite y contenido de proteína; el procedimiento fue conocido como mazorca por surco.

Davis (1927), citado por Allard (1967), propuso la utilización de los *top crosses* (mestizos) línea pura por variedad para probar la aptitud combinatoria general de las líneas puras. Su procedimiento consistió en comparar la calidad de las líneas puras por su comportamiento en los cruzamientos línea pura por variedad con el comportamiento medio de las líneas puras en un número de cruzamientos simples.

El cálculo de la ACG y la ACE se aplica para conseguir diferentes objetivos usando diferentes tipos de familias; así, existe una serie de trabajos de importancia que han demostrado la utilidad del uso de esta herramienta en aspectos diferentes. A continuación se presentan algunos.

Green (1948) realizó un estudio en maíz sobre la herencia de la aptitud combinatoria y en sus resultados encontró que la más alta frecuencia de líneas segregantes  $F_2$  de alta aptitud combinatoria se encontró en las líneas de la progenie de las cruzas alta x alta aptitud combinatoria, comparada con alta x baja y baja x baja aptitud combinatoria por lo que concluyen que la AC es un carácter heredable.

Hallauer y Miranda (1981) mencionan que la ACG y la ACE son usadas ampliamente en programas de mejoramiento genético. Así mismo diversidad de trabajos se han realizado para calcular la ACG y la ACE mediante diferentes metodologías. Así se pueden mencionar los elaborados por Comstock *et al.* (1949), Rojas y Sprague (1951), Pixley y Bjarnason (1993) y Gomes *et al.* (1995), entre otros.

Usando como modelo de apareamiento el diseño II de Carolina del Norte, Avila *et al.* (2004) identificaron una crusa simple como la mejor hembra y dos machos para formar híbridos trilineales en un trabajo sobre aptitud combinatoria de líneas y cruzas simples y estabilidad de rendimiento de híbridos trilineales de maíz (*Zea mays* L.).

Córdova *et al.* (2003), en un estudio sobre aptitud de híbridos y estabilidad de rendimiento de líneas tropicales blancas QPM que fueron obtenidos bajo el sistema de apareamiento del Diseño II de Carolina del Norte (Comstock y Robinson, 1952), obtuvieron 48 híbridos para su evaluación con cuatro híbridos de referencia y dos testigos locales en seis localidades. Encontraron diferencias altamente significativas en los efectos de ACG para rendimiento, dureza de endospermo y acame de raíz dentro de las líneas del grupo heterótico "B" QPM, mientras el grupo "A" presentó diferencias altamente significativas de ACG para acame de raíz y dureza de grano solamente.

Por su parte, Cruz *et al.* (2003) estimaron la AC de maíces QPM para ensilar, evaluando 28 cruzas. Los análisis para efectos de la ACE fueron altamente significativos, mientras que para la ACG no existió diferencia. Encontraron también diferencias entre cruzas y ACE pero no para ACG, sugiriendo que los efectos genéticos no aditivos fueron importantes. Así mismo mencionan que los efectos de no aditividad incrementan su importancia ya que estos se incrementan por el efecto de mejoramiento por que existen más loci.

Comstock y Robinson (1952), con respecto al Modelo II de Carolina del Norte mencionan que este diseño contempla los cruzamientos posibles entre un grupo de individuos como machos (m) y otro grupo de individuos como hembras (f) obteniéndose así mf cruzamientos. Cada apareamiento produce una familia de hermanos completos y el grupo de cruzas que tengan un progenitor común (macho o hembra) constituye una familia de medios hermanos.

Márquez (1985), sobre este método, observa que en el maíz se pueden usar como progenitores líneas endogámicas y entonces los cruzamientos necesarios de cada progenitor se hacen usando los individuos de cada línea (cada individuo juega el papel de una flor), pero si se hace esto hay que considerar el coeficiente de endogamia de las líneas progenitoras para la estimación de las varianzas genéticas.

Como lo indican Hallauer y Miranda (1981), las esperanzas de machos y hembras para el diseño II son equivalentes a la ACG y la fuente macho x hembra es equivalente a la ACE del análisis dialélico. Dado que en el diseño II se tienen dos grupos de progenitores, se tienen dos estimaciones independientes de ACG. Se pueden realizar las pruebas de F apropiadamente para probar las diferencias entre machos y entre hembras y para la interacción de machos y hembras. Estos mismos autores enumeran las ventajas del diseño II sobre los dialélicos si se está interesado en el cálculo de los componentes de varianzas de una población de referencia: 1) se pueden incluir más progenitores para un dado nivel de fuentes, 2) se calculan dos estimaciones independientes de  $\sigma_A^2$ , 3) la determinación de la  $\sigma_D^2$  se hace directamente con los cuadrados medios y 4) se pueden incluir un número mayor de progenitores y éstos subdividirlos en grupos.

## 2.4 Interacción genético-ambiental

Sobre la interacción genético-ambiental Márquez (1985) señala que en cualquier fenómeno biológico natural que implique el crecimiento y desarrollo de genotipos, éstos se llevan a cabo en una serie de ambientes. Salvo los experimentos controlados en que a los genotipos se les proporcionan ambientes dados, los genotipos van encontrando en tiempo y espacio una serie de condiciones ambientales a las que tienen que hacer frente para sobrevivir. Aún cuando aparentemente el medio no cambiara por influencia exterior, en sí el mismo genotipo tiende a cambiarlo, pues al crecer y desarrollarse actúa sobre aquél modificándolo; esta modificación actúa de otra forma sobre el genotipo y lo hace cambiar también, generándose así una interacción entre el genotipo y el ambiente en que se desarrolla, conocida como interacción genotipo-ambiente o interacción genético ambiental.

Se han utilizado diferentes metodologías para seleccionar genotipos que sean estables a través de ambientes. De todos es conocida la preocupación de seleccionar la mejor metodología para la selección de genotipos que permita tener el mejor material a través de ambientes diferentes.

A continuación se presentan los métodos utilizados en este trabajo así como sus diferencias para estudiar la estabilidad de genotipos.

Eberhart y Russell (1966) presentaron un modelo que propone la clasificación de los genotipos tomando en consideración los parámetros siguientes: el coeficiente de regresión ( $\beta_i$ ), y las desviaciones de regresión ( $\delta_{ij}$ ) para la variedad  $i$  en el ambiente  $j$ , y consideran que un genotipo es estable cuando el coeficiente es igual a la unidad y la desviación de regresión es igual que cero. Por su parte, Cruz (1990) presenta el modelo multiplicativo utilizado por vez primera por Mooers (1921), que de alguna manera corrige las anomalías detectadas en el trabajo de Eberhart y Russell (1966), presentando la prueba exacta de los parámetros de estabilidad de dichos autores derivada por Mandel y presentada por Shukla (1972), ya que como se sabe el análisis de los parámetros de Eberhart y Russell (1966) viola las suposiciones del análisis de regresión. Este autor considera la reparametrización de los coeficientes utilizados por Eberhart y Russell (1966)



que son equivalentes a  $B_K$  de su propuesta y cuya ventaja es que al probar  $H_0: B_K = 0$  si la decisión es aceptarla, se concluirá que no existe relación entre los residuales  $u_{ik}$  y los estimadores de los efectos ambientales, lo cual está acorde con el análisis clásico de regresión donde al aceptar la nulidad del coeficiente de regresión, se acepta la no existencia de una relación lineal entre las variables en estudio. Este autor no considera el término estabilidad y de alguna manera lo sustituye por sensibilidad.

En cuanto a los análisis aditivos multiplicativos (AMMI), Burgeño *et al.* (2000) mencionan que son modelos lineales-bilineales que toman en consideración los efectos aditivos principales y la interacción multiplicativa de los mismos. Además de los efectos considerados en los anteriores modelos, éste toma en consideración valores singulares que ayudan a realizar el contraste de ortonormalidad sobre los vectores singulares para los cultivares. Calcula también los efectos primarios, secundarios, terciarios, etc., de los genotipos y sitios o localidades. En este modelo a diferencia de los ya citados, los genotipos y localidades se presentan gráficamente en vectores a partir de un origen (0,0) hacia el final de los puntos determinados por su respuesta. Los genotipos ideales deberán tener los efectos primarios grandes (media de rendimiento alta) y los efectos secundarios cercanos a cero (más estables), mientras que las localidades deberán tener efectos primarios grandes (alto poder para discriminar los genotipos) y efectos secundarios pequeños.

Wricke (1964) propuso un método no paramétrico para la clasificación de los genotipos basado en la descomposición de la interacción del genotipo por el ambiente en sus componentes, sugiriendo que la contribución del genotipo a la interacción genotipo-ambiente se use como medida de estabilidad. El cálculo está basado en un índice para cada genotipo para medir la inestabilidad por la contribución de la suma de cuadrados de la interacción genotipo-ambiente en un análisis de varianza de dos entradas (variedades y ambientes). Así este autor, a diferencia de los dos primeros no utiliza parámetros además de basar sus cálculos principalmente en las diferencias de los rendimientos de los genotipos en cada ambiente sobre todos los ambientes y el rendimiento promedio de todos los genotipos en un ambiente de una suma total del rendimiento de los genotipos en todos los ambientes elevados al cuadrado. Los genotipos se clasifican de acuerdo a intervalos de confianza con una prueba de  $t$ ; el genotipo más estable será aquel que

resulte con el menor valor. Así, los valores mayores que el límite superior del intervalo se considera que son inestables y los de menor valor que el límite inferior son estables.

Otra manera de calificar los genotipos por su estabilidad fue dada por Langer (1979), la cual a diferencia de los primeros dos modelos citados, no está basado en parámetros sino que se basa en la diferencia entre el rendimiento en el mejor y el peor ambiente. Así los ambientes se clasifican de acuerdo al nivel de su promedio por ambiente y los genotipos de acuerdo al promedio y mediante un intervalo de confianza mediante una prueba de t. El genotipo más estable será aquel que resulte con el menor valor siempre y cuando, al igual que el método anterior, resulte menor que el valor del límite inferior del intervalo de confianza.

Los dos métodos anteriores generan índices que pueden ser apareados para la clasificación de la estabilidad y consistencia de genotipos. Carrizales (2000) propone un método de selección jerarquizada en base a rendimiento y estabilidad ya que el índice de Langer, a pesar de ser de los más sencillos, fue el más efectivo y de mayor confianza en la detección de cruzas estables, esto debido a una alta correlación ( $r=0.93$ ) con el coeficiente de regresión ( $b_i$ ), y los índices de Wricke ( $W^2$ ) por su regresión alta con las desviaciones de regresión ( $S^2d_i$ ) pueden sustituir a estos en la detección de cruzas consistentes. Estos dos índices de manera conjunta fueron utilizados como un método jerarquizado para la clasificación de la estabilidad de los genotipos en este trabajo.

Otros por su parte, como Lin *et al.* (1986) para clarificar la aparente confusión creciente en la diversidad de estadísticos de estabilidad publicados y la relación de estos con el genotipo para la similaridad de respuesta a los ambientes, estudió la interrelación de nueve estadísticos de estabilidad y nueve medidas de similaridad. Los estadísticos estudiados fueron: 1) la varianza ( $S^2$ ) de genotipos a través de ambientes; 2) componentes de varianza ( $\bar{\theta}_i$ ) para la interacción genotipo ambiente propuestos por Plaisted y Peterson (1959); 3) componentes de varianza ( $\bar{\theta}_{(i)}$ ) para la interacción genotipo ambiente por Plaisted (1960); 4) la ecovalencia de Wricke ( $W_i^2$ ) propuesto en (1962); 5) el coeficiente de regresión ( $b_i$ ) de Finlay y Wilkinson en (1963); 6) el de desviación de parámetros ( $\delta_i^2$ ) de Eberhart y Russell (1966); 7) el coeficiente de regresión ( $b_i$ ) de

Perkins y Jinks (1968); 8) la varianza de estabilidad de Shukla ( $\sigma_e^2$ ) (1972); y 9) el coeficiente de variación (CV) propuesto por Francis y Kannenberg en (1978).

Márquez (1985) por su parte menciona que, el fenómeno biológico natural que implica el crecimiento y desarrollo de genotipos, se encuentran en tiempo y espacio una serie de condiciones ambientales que aún cuando aparentemente el medio no cambiara por influencia exterior, en si mismo el genotipo tiende a cambiarlo, pues al crecer y desarrollarse actúa sobre aquel modificándolo, esta modificación actúa de otra forma sobre el genotipo y lo hace cambiar también, generándose así una interacción entre el genotipo y el ambiente.

## 2.5 Marcadores moleculares

Actualmente las técnicas utilizadas para la identificación de genotipos, no solo se basan en identificar las características morfológicas o en la utilización de proteínas o de isoenzimas, sino que se han desarrollado herramientas y protocolos mediante los cuales la identificación de los genotipos es más precisa y confiable, tal es el caso de los marcadores moleculares. Valadez y Kahl (2000) mencionan que los marcadores moleculares de ADN son secuencias genómicas localizadas en un mismo *locus* pero que difieren en su secuencia de bases nitrogenadas. Las variaciones son consecuencia de varios eventos de mutaciones que se manifiestan en los genomas que se comparan. Estos autores agrupan las diferentes metodologías para obtener marcadores de ADN en tres categorías: a) hibridación tipo “Southern” cuyo propósito es el de explorar las variaciones en la longitud de los fragmentos del ADN ocasionados por la restricción del genoma con alguna endonucleasa particular, b) reacción de polimerización en cadena o PCR, ésta utiliza la secuencia de oligonucleótidos que inician la síntesis *in vitro* de fragmentos de ADN de longitudes variables no mayores de 6 kb en promedio y, c) metodologías que combinan PCR o sus productos de ADN más la hibridación tipo Southern. En el último caso se cuenta el protocolo de los microsatélites o SSR (simple sequence repeat) que fue utilizado en este estudio para la identificación de genotipos con alta calidad de proteína.

De Vienne y Falque (2003) explican que los microsatélites o SSR son repeticiones en “tandem” de mono, di-, tri-, o tetra unidades de nucleótidos siendo los más frecuentes  $(A)_n$ ,  $(TC)_n$ ,  $(TAT)_n$ ,  $(GATA)_n$  donde el valor de n cambia desde varias unidades hasta varias decenas de unidades.

Así mismo mencionan que en las plantas superiores se puede estimar que existe un dinucleótido SSR para cada 30 a 100 kb, con una densidad similar para los tri y tetranucleótidos. Estas pequeñas repeticiones comienzan a ser más propensas a expandirse por mecanismos específicos hacia “tándems” repetidos, entre los cuales el desplazamiento de la polimeraza es probablemente el más importante. Este fenómeno genera frecuentes modificaciones en el número de “tándems” repetidos de microsatélites, así que por su distribución sobre el genoma entero lo hace muy útil a los SSR<sub>s</sub> por su alto grado de polimorfismo.

Estos autores mencionan que la reacción de polimerización en cadena (PCR) puede ser muy útil en revelar individualmente a los SSR proporcionando marcadores específicos de locus altamente polimórficos. Citan también que los SSR han sido utilizados para la elaboración de mapas genéticos en maíz, arroz, cebada, soya y para análisis de diversidad genética.

Por su parte Charcosset y Gallais (2003) explican que cualquier contribución a la selección basada en el uso de marcadores moleculares es llamada “Selección asistida por marcadores moleculares” y esta se usa para el manejo de recombinaciones y para acumular genes favorables o segmentos de cromosomas en un genotipo simple y leer el valor genotípico, al menos parcialmente a través del genotipo en diferentes loci marcadores.

En lo que respecta a los marcadores moleculares para la detección de genotipos con alta calidad de proteína o QPM, en el CIMMYT se han venido utilizando los marcadores codominantes UMC 1066 y el pHi 057. Estos fueron seleccionados previamente de bibliotecas de marcadores realizando una gran cantidad de pruebas. Estos marcadores pueden diferenciar los genotipos homocigotos y heterocigotos; estos últimos presentan las dos bandas mientras que los primeros solo una.

## **3. MATERIALES Y MÉTODOS**

### **3.1 Materiales genéticos**

Para el desarrollo de este trabajo, se utilizaron cinco líneas de maíz de alta calidad de proteína (QPM) del grupo heterótico "A" y cuatro del grupo heterótico "B" así como dos líneas normales del grupo "A" y dos del grupo "B". La base genética del grupo heterótico "A" está compuesta de la raza Tuxpeño (Mezcla Blanca Cristalina) y el grupo "B" basado en maíces de consistencia cristalina ETO. Como probadores se utilizaron dos líneas del grupo heterótico "B" y una del "A", y como testigos para identificar los genotipos de alta calidad de proteína a nivel molecular se usaron dos híbridos de cruce simple (QPM) x (QPM). Los materiales fueron generados por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). En el Cuadro 1 se enlistan dichos materiales.

#### **3.1.1 Características de los genotipos**

Algunas de las características de cada uno de los materiales anteriores se presentan en el Cuadro 2.

#### **3.2 Método de mejoramiento genético**

La metodología utilizada para la generación de líneas, mestizos, y la selección de estos últimos en cuanto a rendimiento y otras características agronómicas se presenta en las figuras 1, 2, y 3.

Las actividades de los ciclos de P-V 1999, 2000, 2001 se realizaron en la localidad de Poza Rica Ver. Mex., y las de el ciclo P-V 2002 se realizaron en Cotaxtla, Ver. Mex. En lo que respecta a los ciclos de O-I, los trabajos se efectuaron en Agua Fria Puebla, Mex.. en los años 1999, 2000 y 2002.

Cuadro 1. Materiales usados como donadores de "QPM", normales y probadores.

Líneas QPM	Gpo. H	Líneas Normales	Gpo. H	Testigos QPM X QPM	
CML 146	A	CML 403	A	CML146 X CML150	
				CML146 X CML159	
CML 147	A	CL 04374	A	<b>Probadores</b>	<b>Gpo. H</b>
				<b>"QPM"</b>	
CML 150	A	CL 04321	B	CML 144	B
CML 176	A	RCW 01	B	CLQ 6203	B
CML 159	A			CML 159	A
CML 144	B				
CLQ 6203	B				
CML 173	B				
CML 186	B				

Gpo. H = grupo heterótico CML = Línea de maíz

Simultáneamente a la formación de las cruzas de genotipos normales por QPM, se realizaron las cruzas CML146 x CML 150 y CML 146 x CML 159 (QPM x QPM) que se usaron como testigos para detectar las diferencias genóticas con marcadores moleculares. La clasificación de la semilla por la modificación del endospermo se llevó a cabo en una escala cualitativa, se calificaron con 1 los granos completamente translucidos y con cinco los completamente opacos.

En P-V del 2000 se realizó una prueba de identificación asistida, en 600 plantas F<sub>2</sub> de dos poblaciones con marcadores moleculares. Las plantas identificadas provenían de dos cruzas de materiales normales por QPM, se analizaron también por microsatelites plantas de las cruzas testigo QPM x QPM generadas en el primer ciclo.

Cuadro 2. Características de los materiales usados para la generación de líneas de alta calidad de proteína.

CML No.	Fuente	Color de grano	% de proteína en grano	% de triptofano en grano completo
CML 146	Población 63	Blanco	9.1	0.108
CML 147	Población 63	Blanco	10.8	0.101
CML 150	P24QPM	Blanco	8.4	0.099
CML 176	Población 63/67	Blanco	7.4	0.150
CML 159	Población 63	Blanco	8.4	0.100
CML 144	Población 62	Blanco	10.5	0.120
CLQ 6203	Población 62	Blanco	10.23	0.104
CML 173	Población 68	Blanco	8.30	0.080
CML 186	Población 67	Blanco	8.2	0.100
CML 403	Población 22	Blanco	EN	EN
CL 04374	Población 43	Blanco	EN	EN
	Cameroon			
CL 04321	Población 43 y 21	Blanco	EN	EN
RCW 01		Blanco	EN	EN

Fuente: CIMMYT (2001) EN = Endospermo normal CML = Línea de maíz

En el tercer ciclo, a todas las líneas  $S_2$  obtenidas se les aplicó la selección asistida por marcadores moleculares, y en  $S_3$  a la cosecha una muestra de semillas de cada una de las líneas se analizaron para contenido de triptofano, tomando como líneas seleccionadas solo aquellas con contenido igual o mayor de 0.08 % de triptofano. Se eliminaron mediante este proceso 3 líneas del grupo heterótico A y 2 del grupo heterótico A x B siendo éstas las siguientes: (CML146 x CML 150)-B-5-2, (CML150 x CL-04321)-B-19-1, (CML150 x CL04321)-B-43-1 y (CLQ6203 x CL04321)-B-18-1 y (CLQ6203 x CL04321)-B-46-2, respectivamente.

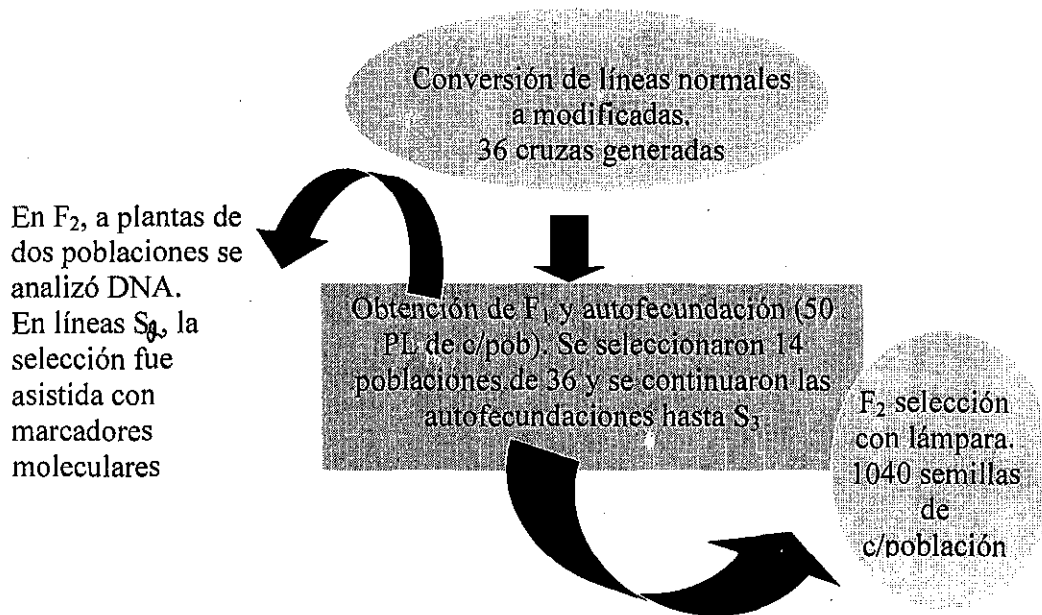


Figura 1. Primera etapa de mejoramiento: a) Conversión de líneas normales a modificadas, b) obtención de líneas S<sub>3</sub> y selección asistida por marcadores moleculares.



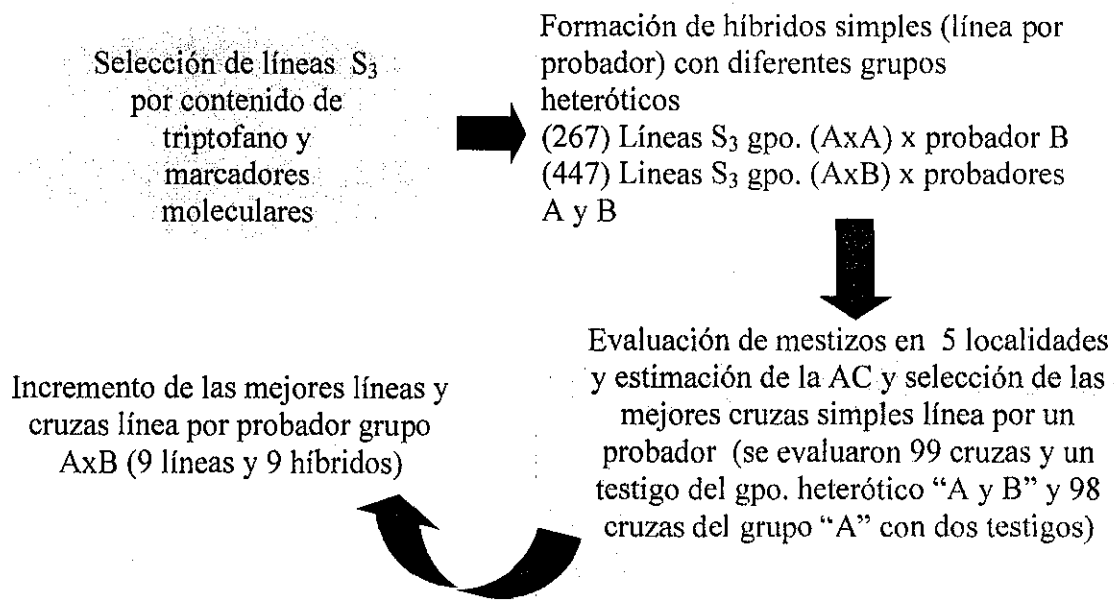


Figura 2. Segunda etapa: a) Selección de líneas por contenido de triptofano y por marcadores moleculares. b) formación de mestizos. c) evaluación e incremento de las mejores líneas y cruza.

Evaluación de los mejores híbridos para evaluar estabilidad de rendimiento, contenido lisina, contenido de triptofano, proteína total en grano y modificación del endospermo (5 localidades)

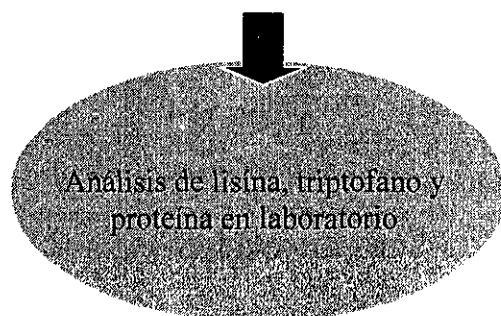


Figura 3. Tercera etapa: Evaluación de los híbridos por estabilidad de rendimiento, contenido de triptofano, lisina, proteína total y modificación del endospermo.

Los probadores para el grupo heterótico AxA fueron las líneas CML144 y CLQ6203 (grupo heterótico B), mientras que los probadores para el grupo heterótico A x B fueron las líneas CML159 y CML144. Se formó así un grupo de líneas que cruza bien con probadores del grupo heterótico A y B usando éste para los cálculos de la AC de las líneas.

Las localidades de evaluación para el primer grupo de mestizos fueron las siguientes: Cotaxtla, Ver. México, Agua Fría, Pueb. México, Uxmal, Yuc. México, Las Vegas, Guatemala., Sn. Andrés, El Salvador, C.A., para el primer grupo heterótico. En el Cuadro 3 se presentan datos de la localización geográfica y altitud de las localidades en que se llevó a cabo la evaluación de los mestizos y de las cruza simples sobresalientes.

Con los resultados de las evaluaciones de mestizos se estimó la aptitud combinatoria general y específica de las líneas y cruza respectivamente utilizando el diseño II de Carolina del Norte propuesto por Comstock y Robinson (1952).

En base en los análisis de aptitud combinatoria se decidió trabajar únicamente con las líneas del grupo heterótico AxB por los probadores A y B. Se incrementaron tanto las líneas como los mejores híbridos con el fin de evaluar la estabilidad de rendimiento, triptofano, lisina, proteína total y dureza del endospermo en las localidades de Cotaxtla, Agua Fría, Campeche, Las Agujas, Municipio de Zapopan, Jal. y La Huerta, Jal.

### **3.3 Métodos físicos, químicos y moleculares**

Los diferentes tipos de análisis utilizados en este trabajo con los marcadores moleculares son los usados por el CIMMYT cuya propuesta fue hecha por Hoisington *et al* (1994). Para los análisis químicos en cada apartado se indican los autores de los protocolos. Los análisis anteriormente mencionados se realizaron en los laboratorios de CIMMYT en el ciclo correspondiente. Las principales características de estos se mencionan a continuación.

Cuadro 3. . Localidades de evaluación de las cruzas de los diferentes grupos heteróticos y algunas características geográficas.

Localidades	asnm	Latitud Norte	Longitud Oeste
*Cotaxtla, Ver., México	15	18 <sup>0</sup> 50'	96 <sup>0</sup> 24'
*Agua Fria, Pue., México	780	19 <sup>0</sup> 58' 48''	97 <sup>0</sup> 49' 36''
Uxmal, Yuc. Mexico.	28	21 <sup>0</sup> 06' 30''	87 <sup>0</sup> 54' 15''
Sn. Andrés, El Salvador, .C.A		35 <sup>0</sup> 50'	88 <sup>0</sup> 55' 00''
La Máquina Guatemala	40	14 <sup>o</sup> 18'	91 <sup>o</sup> 34'
Las Vegas, Guatemala	15	14 <sup>o</sup> 16'	91 <sup>o</sup> 21'
*La Huerta, Jal. México	500	19 <sup>0</sup> 20' 30''	105 <sup>0</sup> 13' 20''
*Las Agujas Mpio. de Zapopan, Jal., México	1610	20 <sup>0</sup> 43'	103 <sup>0</sup> 26'
*Campeche, Camp., México	150	19 <sup>0</sup> 14'	20 <sup>0</sup> 00'

\* Localidades para evaluar la estabilidad asnm = altura sobre el nivel del mar

### 3.3.1 Métodos físicos

La selección física de los granos de alta calidad de proteína, se realizó con base en el uso de una lámpara. La luz blanca de la lámpara permitió separar los granos con genes modificadores de endospermo duro de los granos opacos, los que se asociaron con alta calidad de proteína. Los que fueron completamente translúcidos se consideraron sin alta calidad de proteína, mientras que los intermedios se consideraron de alta calidad de proteína con genes modificadores de su dureza.

Para efecto de seleccionar para alta calidad de proteína, se consideró la escala del uno al cinco, siendo 1 los granos completamente translúcidos y 5 los completamente opacos. Los granos en escala 2 y 3 fueron seleccionados, mientras que en escala 1, 4 y 5 se eliminaron.

### 3.3.2 Métodos químicos

Para cuantificar los contenidos de lisina se utilizaron los procedimientos sugeridos por Villegas y Mertz (1970), y Tsai y Nelson (1972), y consisten en los pasos siguientes:

- Para la preparación de la muestra se tomaron 30 semillas representativas de cada mazorca.
- Se pusieron en agua destilada durante 30 minutos y se removió el pericarpio y el germen. Se secó durante la noche el endospermo remanente.
- Se molió cada muestra de endospermo y se colocó en papel comercial de envoltura,
- Posteriormente se pusieron las muestras en hexano y se secaron con aire seco.
- Se inició el procedimiento de la determinación con una muestra de 100 mg la cual se incubó a una temperatura de  $63 \pm 2^{\circ} \text{C}$  durante 16 horas.
- Después de realizar todo el procedimiento que se indica en el protocolo mediante el uso de cuatro reactivos diferentes para la determinación de un factor, el contenido de lisina se obtuvo multiplicando dicho factor por la lectura de la densidad óptica de la muestra. El factor se obtiene mediante la fórmula siguiente

$$F = \frac{(base\ por\ altura\ D.O / \mu g\ lis / ml) \times proporción\ de\ la\ escala \times dilución \times 100\%}{peso\ de\ la\ muestra}$$

Con respecto a la determinación de triptofano el protocolo utilizado fue el sugerido por Villegas *et al.* (1984), que consiste en los siguientes pasos principales:

- Para la preparación de la muestra los pasos son los mismos que para lisina
- Así mismo, después de realizar el protocolo se tiene que obtener un factor mediante la misma fórmula que para la lisina, sólo que en este procedimiento se

utilizan siete reactivos diferentes; así el factor obtenido se multiplica por la lectura de densidad óptica para obtener el % de triptofano.

Finalmente, para contenido de nitrógeno se determinó con los protocolos descritos por Ferrary y Russo-Alesi (1965) y Hofstader (1966). Este procedimiento consiste en pesar una muestra de 45 mg, y poner en un tubo de digestión para 75 ml, agregar un catalizador (1 k  $K_2SO_4$  + 5g Se Black) y 2.5 ml de ácido sulfúrico concentrado. Posteriormente digerir a  $380^{\circ}$  durante un período de 90 min enfriar y agregar 20 ml de agua destilada (libre de N) a cada muestra. Se agitó vigorosamente para evitar la formación de sólidos de sal. Posteriormente se tomó un volumen de 75 ml con agua destilada para homogeneizar. Se tomó una alícuota de solución en un tubo y se transfirió la muestra al autoanalizador. Para obtener el porcentaje de nitrógeno en la muestra, a la lectura de transmitancia se le resta la lectura en blanco y dicha diferencia se multiplica por el factor obtenido por la calibración de la curva. El resultado de la figura es dividido por el peso de la muestra en mg. El porcentaje de nitrógeno obtenido se multiplica por el factor 6.25 y se obtiene el % de proteína.

### **3.3.3 Métodos moleculares**

Para los análisis con marcadores moleculares se realizaron las siguientes actividades: recolección de tejido vegetal de hojas jóvenes a los 30 días después de la siembra colectando 10 hojas por muestra de cada línea (una hoja en cada planta) libres de lesiones o áreas necróticas. Cada una de las hojas se coloca en una bolsa de glassine y posteriormente en una bolsa de plástico; una vez identificadas se colocaron en una hielera para su conservación. La extracción del ADN se realizó mediante el método de Matrix Mill tomando la muestra aproximadamente de 15 cm del ápice de la hoja y haciendo pequeños cortes con una perforadora manual de fondo plano para determinar ELISA. La muestra de ADN se incubó a  $35^{\circ}$  C durante media hora. La cuantificación de la calidad del ADN se realizó por espectrofotometría. Posteriormente se realizó la PCR siguiendo el protocolo automatizado SSR58. Con el termociclador se realizaron los ciclos siguientes en grados centígrados y duración en minutos:  $94^{\circ}$  y 2',  $94^{\circ}$  y 1',  $58^{\circ}$  y 2',  $72^{\circ}$  y 2',  $94^{\circ}$  y 1', repitiéndose los ciclos 2,3 y 4 durante 29 veces. Finalmente se realizó un ciclo más a  $72^{\circ}$  y 5'. En lo que corresponde al corrimiento de geles las muestras amplificadas se corrieron en geles de

agarosa (Metaphore) al 4% y Seaken en relación 1:1 usando como buffer 1xTBE. El teñimiento se realizó con bromuro de etidio para realizar la toma fotográfica en la computadora. Lo anterior se llevó a cabo para cada una de las líneas S<sub>3</sub> y un testigo QPM. Los SSR utilizados fueron los UMC 1066 y el pHi 157 cuyas secuencias son (GCCAGA)<sub>5</sub> y GCC, para detectar el gene O<sub>2</sub> de endospermo opaco. Los cebadores utilizados tienen las siguientes secuencias: CTCATCAGTGCCGTCGTCAT y CAGTCGCAAGAAACCGTTGCC para pHi 57 y ATGGAGCACGTCATCTCAATGG y AGCAGCAGCAACGTCTATGACACT para UMC1066.

### 3.4 Variables estudiadas

La evaluación de los mestizos en campo se llevó a cabo con base en las variables siguientes:

1. Rendimiento de grano (RG). El rendimiento de grano en campo de cada unidad experimental se ajustó al 15% de humedad calculándose su valor en ton/ha.
2. Días a floración masculina (DFM). Para esta variable se cuantificaron los días a partir de la fecha de siembra hasta que el 50% de las plantas con anteras se encontraban liberando polen.
3. Días a floración femenina (DFF). Esta se cuantificó en días hasta que el 50% de los jilotes expusieron los estigmas
4. Altura de planta (AP). Se tomó a partir de la base del suelo hasta la base de la espiga en centímetros.
5. Altura de mazorca (AM). Esta variable se midió en centímetros a partir de la base del suelo hasta el nudo donde se inserta la mazorca principal
6. Porcentaje de acame de raíz (PAR) y de tallo (PAT). El primero se calculó contando las plantas inclinadas a un ángulo mayor de 30°. El segundo se calculó cuantificando las plantas que tuvieran el tallo quebrado o doblado a partir de la parte inferior donde inicia el pedúnculo de la mazorca principal. Ambos conteos realizados al momento de la cosecha.
7. Pudrición de mazorca (PM). Ésta se cuantificó contando las mazorcas que tenían el 5% o más de pudrición dividiéndolas entre el número total de mazorcas.
8. Porcentaje de humedad (PH). Se estimó con un determinador de humedad electrónico.

9. Aspecto de planta (ASP) y de mazorca (ASM). Esta se hizo calificando las plantas y las mazorcas de una manera visual asignándoles del 1 al 5. El 1 al mejor aspecto y 5 al peor.
10. Dureza del endospermo (DE). Este se calificó de manera visual dando 1 a las mazorcas con granos completamente cristalinos y 5 a los granos completamente opacos.

Los análisis de varianza de los mestizos se realizaron para las variables rendimiento de grano, días a floración masculina, días a floración femenina y altura de planta. Las demás variables fueron usadas para realizar la selección de los genotipos en base a las mejores características agronómicas.

Las variables expresadas como porcentaje o proporción y las de tipo cualitativo (lisina, triptofano, proteína, dureza) fueron modificadas transformando los valores originales a raíz cuadrada antes de realizar los análisis con modelos paramétricos mientras que se usaron los valores originales para los análisis no paramétricos. En este trabajo se estimó la estabilidad de los genotipos utilizando los índices de L y W de manera jerarquizada, es decir, tomando en consideración primero el rendimiento y posteriormente la estabilidad.

Las variables analizadas para la estabilidad de los genotipos fueron:

1. Rendimiento, al 15% de humedad en t/ha
2. Porcentaje de lisina en grano
3. Porcentaje de triptofano en grano
4. Porcentaje total de proteína en grano
5. Dureza de endospermo

### **3.5 Diseño experimental para la evaluación de los mestizos y modelo estadístico**

El diseño experimental utilizado para la evaluación de los mestizos fue un bloques completos al azar con dos repeticiones, un surco de 5 mt de longitud por 0.75 m de ancho entre surco y surco. Cada experimento se sembró en seis localidades diferentes.

El modelo estadístico para cada localidad fue:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

donde  $j = 1, \dots, 2$ ;  $i = 1, \dots, 100$ .

en donde :

$Y_{ij}$  = respuesta en el  $j$ -ésimo bloque con el genotipo  $i$ -ésimo.

$\mu$  = media general, común a todas las unidades antes de aplicar los genotipos

$\tau_i$  = efecto del  $i$ -ésimo genotipo

$\beta_j$  = efecto del  $j$ -ésimo bloque

$\varepsilon_{ij}$  = error en la  $j$ -ésima repetición del  $i$ -ésimo genotipo

Las hipótesis probadas para los genotipos fueron:  $H_0 : \bar{t}_1 = \bar{t}_2 = \dots = \bar{t}_n$ , y para  $H_a$ : por lo menos uno es diferente. Se realizó una prueba de  $t$  para la separación de medias de genotipos por medio de la diferencia mínima significativa (DMS) tanto en los análisis individuales como en los combinados al 5% de nivel de significancia cuya ecuación se presenta a continuación:

$$DMS = t_{0.05, gl} \sqrt{\frac{2CME}{r}}$$

La DMS es la diferencia mínima significativa,  $t$  es el valor de tablas con un nivel de significancia del 5%, CME es el cuadrado medio del error y  $r$  es el número de repeticiones.

Para el caso de los análisis combinados, el modelo estadístico fue el siguiente:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \lambda_k + (\tau\lambda) + \varepsilon_{ij}$$

donde  $\lambda$  son los efectos de las localidades y  $(\tau\lambda)$  son los efectos de genotipos por localidad. Los demás términos ya fueron explicados.



### 3.6 Modelo estadístico para el cálculo de la Aptitud Combinatoria (AC)

Para el análisis de la aptitud combinatoria general (ACG) y la aptitud combinatoria específica (ACE) se usaron los datos del rendimiento de las evaluaciones de los mestizos en todas las localidades, en base en el diseño II de Carolina del Norte cuyo modelo para cada localidad es el siguiente:

$$G_{ijk} = \mu + M_i + H_j + (MH)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

el cual considera a

$G_{ijk}$  = respuesta fenotípica de la ij-ésima cruce o progenitor de la k-ésima repetición

$\mu$  = media general

$M_i$  = efecto del macho i-ésimo (i: 1...,2) o efecto estimado de la ACG del i-ésimo macho

$H_j$  = efecto de la hembra j-ésima (j: 1,2,3,...,48) o efecto estimado de la ACG de la i-ésima hembra

$(MH)_{ij}$  = efecto de la interacción o efecto estimado de la ACE de la cruce ij.

$\varepsilon_{ijk}$  = es el residual o error experimental

El modelo incluyendo las localidades fue

$$G_{ijk} = \mu + M_i + H_j + L_k + (MH)_{ij} + (HL)_{jk} + (ML)_{ik} + (HML)_{jik} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

$L_k$  = efecto de la i-ésima localidad o ambiente

$(HL)_{jk}$  = efecto de la interacción hembras por localidad o ambiente (ACG x A)

$(ML)_{ik}$  = efecto de la interacción machos por localidad o ambiente (ACG x A)

$(HML)_{jik}$  = efecto de la interacción de las cruces por ambiente (ACE x A)

Las hipótesis nulas probadas fueron las siguientes:

- a) Para machos  $H_0: \mu_1 = \mu_2$
- b) Para hembras  $H_0: \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 \dots = \mu_j$
- c) Para las cruas  $H_0: (\mu_{MH})_1 = (\mu_{MH})_2 \dots = (\mu_{MH})_{ij}$
- d) Para la interacción HL,  $H_0: (\mu_{HL})_1 = (\mu_{HL})_2 = (\mu_{HL})_3 \dots = (\mu_{HL})_{jk}$
- e) Para la interacción ML,  $H_0: (\mu_{ML})_1 = (\mu_{ML})_2 = (\mu_{ML})_3 \dots = (\mu_{ML})_{ik}$
- f) Para la interacción HML,  $H_0: (\mu_{HML})_1 = (\mu_{HML})_2 = (\mu_{HML})_3 \dots = (\mu_{HML})_{ijk}$

Las pruebas de hipótesis se llevaron a cabo en base en un modelo de efectos fijos en los materiales genéticos involucrados.

El estadístico de prueba para la hipótesis de igualdad entre las medias de los mestizos en el análisis de varianza combinado y para el resto de fuentes de variación se basó en la F calculada en donde cada uno de los cuadrados medios correspondientes se dividió entre el cuadrado medio del error. Los valores de F calculados se compararon con los valores tabulados en base en los grados de libertad señalados en el Cuadro 4.

El análisis de varianza se efectuó mediante el Statistical Analysis System (SAS) versión 8.0 con los procedimientos PROC MIXED y PROC GLM. Tomando como base los efectos estimables se formó la matriz diseño; cabe señalar que solo son estimables  $m-1$  de machos y  $h-1$  de hembras. Para los efectos de la ACE solo son estimables  $(m-1)(h-1) S_{ik}$ , donde  $i$  es la  $i$ -ésima hembra y  $k$  es el  $k$ -ésimo macho. Los efectos de la última columna del Cuadro 5 se estimaron en base en los efectos del renglón correspondiente; así mismo los efectos del último renglón excepto,  $S_{ik}$ , se estimaron con base en la columna correspondiente. El efecto  $S_{ik}$  se estimó incluyendo los efectos estimables de hembras ( $h_i$ ) y machos ( $m_k$ ) con signo negativo más todos los efectos estimables  $S_{jk}$  con signo positivo.

Cuadro 4. Análisis de varianza del diseño II de carolina del Norte para ambientes, adaptado de Hallauer y Miranda (1981).

Fuente	GL	CM	CME
Ambientes (A)	$a-1=4$		
Repeticiones/E	$a(r-1)=5$		
Machos	$(m-1)=1$	M <sub>7</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{fme} + rf\sigma^2_{me} + re\sigma^2_{mf} + ref\sigma^2_m$
Hembras	$(f-1)=47$	M <sub>6</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{fme} + rm\sigma^2_{fe} + re\sigma^2_{mf} + rem\sigma^2_f$
Machos x Hembras	$(f-1)(m-1)=47$	M <sub>5</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{fme} + re\sigma^2_{mf}$
Machos x A	$(m-1)(a-1)=4$	M <sub>4</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{fme} + rf\sigma^2_{me}$
Hembras x A	$(f-1)(a-1)=188$	M <sub>3</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{fme} + rm\sigma^2_{fe}$
Machos x Hembras /A	$(m-1)(f-1)(a-1)=188$	M <sub>2</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{fme}$
Error ponderado	$a(r-1)(mf-1)=475$	M <sub>1</sub>	$\sigma^2$
Total	$a(rmf-1)=955$		

$a=5$ ,  $r=2$ ,  $m=2$  y  $f=48$  se refieren al número de ambientes, repeticiones, machos y hembras respectivamente.

Cuadro 5. Efectos estimables de Aptitud Combinatoria para líneas y cruzas.

Hembras (Si)	Macho 1 (Sk)	Macho 2 (Sk)
1	S11	S21
2	S12	S22
3	S13	S23
4	S14	S24
5	S15	S25
6	S16	S26
7	S17	S27
8	S18	S28
9	S19	S29
10	S110	S210
11	S111	S211
12	S112	S212
13	S113	S213
14	S114	S214
15	S115	S215
16	S116	S216
17	S117	S217
18	S118	S218
19	S119	S219
20	S120	S220
21	S121	S221
22	S122	S222
23	S123	S223
24	S124	S224
25	S125	S225
26	S126	S226
27	S127	S227
28	S128	S228
29	S129	S229
30	S130	S230
31	S131	S231
32	S132	S232
33	S133	S233
34	S134	S234
35	S135	S235
36	S136	S236
37	S137	S237
38	S138	S238
39	S139	S239
40	S140	S240
41	S141	S241
42	S142	S242
43	S143	S243
44	S144	S244
45	S145	S245
46	S146	S246
47	S147	S247
48	S148	S248

NOTA: Los datos en negritas son los efectos no estimables

### 3.7 Modelos para la estabilidad

Con la finalidad de probar en diferentes ambientes los mejores cruzamientos derivados en este estudio y los disponibles en México, se evaluaron 16 variedades híbridas dentro de las cuales se consideraron nueve generadas por este proyecto, cinco de otros programas de CIMMYT y dos testigos de endospermo normal: Genotec M658 y M625. Estas fueron evaluadas en un diseño de bloques al azar con dos repeticiones y cinco localidades de prueba.

Los modelos considerados para analizar la estabilidad de las diferentes variables, fueron los propuestos por a) Eberhart y Russell (1966), b) el modelo multiplicativo analizado por Cruz (1990), c) el modelo que implica un modelo aditivo y multiplicativo (AMMI) usado por Crossa y Corneliuss (1997), más los índices no paramétricos d) el de Langer (L) (1979) y el de e) ecovalencias de Wricke ( $W^2$ ) (1964).

#### 3.7.1 Modelo de Eberhart y Russell (1966)

El modelo estadístico para los parámetros de Eberhart y Russell (1966), fue el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu_i + \beta_i I_j + \delta_{ij}$$

donde:

$Y_{ij}$  = media de la i-ésima variedad en el j-ésimo ambiente ( $i = 1, 2, \dots, 16; j = 1, 2, \dots, 5$ )

$\mu_i$  = media de la i-ésima variedad sobre todos los ambientes

$\beta_i$  = coeficiente de regresión que mide la respuesta de la i-ésima variedad a la variación de los ambientes

$\delta_{ij}$  = desviaciones de regresión de la i-ésima variedad en el j-ésimo ambiente y

$I_j$  = índice ambiental obtenido como la media de todas las variedades en el j-ésimo ambiente menos la gran media.

Estos autores consideran a una variedad estable cuando se tienen un coeficiente de regresión ( $\beta_i$ ) = 1.0 y las desviaciones de regresión ( $\delta_{ij}$ ) = 0.

El análisis de varianza utilizado para el modelo anterior se presenta en el Cuadro 6.

Cuadro 6. Análisis de varianza para estabilidad. Eberhart y Russell (1966).

Fuente	GL	SC	CM
Total	nv-1	$\sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - FC$	
Variedades (V)	v-1	$\frac{1}{n} \sum_i Y_i^2 - FC$	CM <sub>1</sub>
Ambientes (Amb)	n-1		
V x Amb	V(n-1) (v-1)(n-1)	$\sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - \sum_i^2 / n$	
Ambiente (lineal)	1	$\frac{1}{v} \left( \sum_j Y_{.j} I_j \right)^2 / \sum_j I_j^2$	
V x Amb linear	v-1	$\sum_i \left[ \left( \sum_j Y_{ij} I_j \right)^2 / \sum_j I_j^2 \right] - Amb (lin) SC$	CM <sub>2</sub>
Desviaciones ponderadas	v(n-2)	$\sum_i \sum_j \delta_{ij}^2$	CM <sub>3</sub>
Variedad 1	n-2	$\left[ \sum_j Y_{1j}^2 - \frac{(Y_{1.})^2}{n} \right] - \left( \sum_j Y_{1j} I_j \right)^2 / \sum_j I_j^2$	
.	.	.	
.	.	.	
Variedad v	n-2	$\left[ \sum_j Y_{vj}^2 - \frac{Y_v^2}{n} \right] - \left( \sum_j Y_{vj} I_j \right)^2 / \sum_j I_j^2 = \sum_j \delta_{vj}^2$	
Error ponderado	n(r-1)(v-1)		

Las diferencias de las fuentes de variación para la prueba de hipótesis  $H_0 = \bar{x}_1 = \bar{x}_2 = \dots = \bar{x}_n$  se probaron con una prueba de F la cual resulta de dividir  $CM_1/CM_3$  mientras que los coeficientes de regresión  $H_0: b_1 = b_2 = \dots = b_v$  se probaron con la prueba de t siguiente:

$$t_0 = \hat{\beta}_i - \beta_i / s_{\beta_i} \text{ (Infante y Zárate de Lara, 1984)}$$

Las desviaciones de regresión se probaron con la siguiente prueba:

$$F \approx \left( \sum_j \delta_{ij}^2 / (n-2) \right) / \text{error ponderado}.$$

### 3.7.2 Modelo Multiplicativo propuesto por Cruz (1990)

El modelo multiplicativo según lo cita Cruz (1990), es de la forma:

$$Y_{ik} = \mu + (1 + B_k)A_i + G_k + d_{ik} + e_{ik}$$

donde:

$$i = 1, 2, \dots, 5; j = 1, 2; k = 1, 2, \dots, 16.$$

$\mu$  = media general

$(1+B_k)$  = coeficientes de regresión

$A_i$  = efecto del i-ésimo ambiente

$G_k$  = efecto del k-ésimo genotipo

$d_{ik}$  = desviaciones de regresión

$e_{ik}$  = error asociado con  $Y_{ik}$

$Y_{ik}$  = observación en el k-ésimo genotipo en el i-ésimo ambiente

a = número de ambientes = 5

g = número de genotipos = 16

r = número de repeticiones = 2

Se supone que  $e_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$  y que para todo  $(i, j, k) \neq (i', j', k')$ ,  $e_{ijk}$  y  $e_{i'j'k'}$  son independientes.

Los factores del modelo se consideraron fijos ya que en el experimento se incluyeron todos los niveles sobre los que interesa establecer inferencias.

En el Cuadro 7 se presenta el análisis de varianza utilizado por esta metodología.

Cuadro 7. Análisis de varianza y prueba del modelo multiplicativo propuesto por Cruz (1990).

F.V	G.L	SC	CM	FC
A	A-1= 4	SCA	CMA=SCA/(A-1)	
R:A	(R-1)A= 5	SCR:A	CMR:A=SCR:A/(R-1)A	
G	G-1= 15	SCG	CMG=SCG/(G-1)	
GA	(A-1)(G-1)= 60	SCGA	CMGA= SCGA/(A-1)(G-1)	
MODELO MULTIPLICATIVO DESVIACIONES DEL MODELO DESVIACIONES DE LOS GENOTIPOS	(G-1)=15  (G-1)(A- 2)=45	SCNA  SCDR		[SCNA/(G1)]/SCDR/(G- 1)(A-2) [SCDR/(G-1)(A-2)] /CME
		D <sub>1</sub>		F <sub>1</sub> =CM1/CME
1		D <sub>2</sub>		F <sub>2</sub> =CM2/CME
2	A-2=3	.		
.	A-2=3	.		F <sub>G</sub> =CMG/CME
.		.		
.		.		
ERROR	A-2=3 (G-1)(R- 1)A=75	SCE SCT	CME= SCE/(G-1)(R-1)A	
TOTAL	ARG-1=159			

R:A = repeticiones anidadas en ambientes G = genotipos GA = genotipos por ambientes

La nulidad de los coeficientes de regresión Ho: B<sub>k</sub> = 0 y Ha: B<sub>k</sub> ≠ 0 se hizo con la prueba de t:

$$|bk| \geq t_{\alpha/2} \sqrt{\frac{SCDR/(a-2)}{rg \sum (Y_i - Y_{..})^2}} \text{ cuyo resultado implica rechazar la Ho.}$$



La prueba de bondad de ajuste del modelo se realizó mediante la prueba de F que se ve a continuación:

Si el modelo es adecuado:  $F_c = \frac{SCDR / (g-1)(a-2)}{CME} \approx F_{(g-1)(r-1)a}^{(g-1)(a-2)}$ ; así, si:  $F_c \geq F_\alpha$  se concluye que el modelo multiplicativo no es adecuado al menos para algunos genotipos.

Para tratar de identificar que genotipos no son adecuados al modelo, se descompone la suma de cuadrados de las desviaciones de regresión (SCDR) de cada uno de los genotipos y se prueban mediante la siguiente prueba de F:

$F_k = \frac{\frac{gD_k}{(g-1)(a-2)}}{CME} = \frac{CM_k}{CME} \approx F_{(g-1)(r-1)a}^{a-2}$  y la hipótesis de que el modelo es adecuado para el genotipo k se rechaza si  $F_k \geq F_\alpha$ ; estas pruebas son exactas para cada genotipo aunque son dependientes entre si.

### 3.7.3 Modelo aditivo multiplicativo (AMMI)

El modelo AMMI está representado por

$$\hat{y}_{ij} = \bar{i} + \hat{\delta}_i + \bar{a}_j + \sum_{k=1}^t \bar{e}_k \hat{\alpha}_{ik} \tilde{a}_{jk} + \hat{a}_{ij} \text{ y el modelo de SREG por}$$

$$\hat{y}_{ij} = \bar{i} + \bar{a}_j + \sum_{k=1}^t \bar{e}_k \hat{\alpha}_{ik} \tilde{a}_{jk} + \hat{a}_{ij}$$

donde:

$\hat{y}_{ij}$  = la media del i-ésimo cultivar en el j-ésimo ambiente

$\bar{i}$  = media general

$\hat{\delta}_i$  = efecto del genotipo

$\bar{a}_j$  = efecto de la localidad

$\bar{e}_k$  ( $\bar{e}_1, \bar{e}_2, \dots, \bar{e}_t$ ) son constantes escalares (valores singulares) que ayudan a la imposición de contrastes de ortonormalidad sobre los vectores singulares para los cultivares

$\hat{\alpha}_{ik} = (\alpha_{1k}, \dots, \alpha_{gk})$  y sitios  $\gamma_{ik} = (\gamma_{1k}, \dots, \gamma_{ek})$  tales que  $i\hat{\alpha}_{jk}^2 = j\tilde{a}_{jk}^2 = 1$  y  $i\hat{\alpha}_{jk}^2 \hat{\alpha}_{jk}^2 = j\tilde{a}_{jk}^2 \tilde{a}_{jk}^2 = 0$  para  $k \neq k'$

$\hat{a}_{jk}$  y  $\tilde{a}_{jk}$  para  $k = 1, 2, 3, \dots$  son llamados efectos primarios, secundarios, terciarios, .....etc. de los cultivares y sitios respectivamente

$\hat{\alpha}_{ij}$  = error residual que se asume tiene una distribución normal con  $(0, \hat{\sigma}^2/r)$  donde  $\hat{\sigma}^2$  es la varianza del error ponderado y  $r$  es el número de repeticiones.

Vargas y Crossa (2000) citan que la estimación de los mínimos cuadrados de los parámetros multiplicativos (bilineales) en el  $k$ -ésimo término bilineal se obtiene como el  $k$ -ésimo componente de las desviaciones de la parte aditiva (lineal) del modelo. En este modelo solamente la interacción genotipo por ambiente (GEI) se toma en cuenta en términos bilineales, mientras que en el modelo de la suma de cuadrados de regresión (SREG) los efectos principales de los genotipos más el de la interacción se toma en cuenta dentro de los términos bilineales.

#### 3.7.4 Índice de Langer (L) (1979)

Para hacer el estudio más completo se incluyeron dos procedimientos no paramétricos que se describen en lo que sigue.

Langer (1979) propone dos diferentes procedimientos para calcular la estabilidad de genotipos ( $R_1$ ) y ( $R_2$ ); en este caso se utilizó el segundo ya que el mismo autor lo considera más útil. Este índice se calcula por la diferencia entre el rendimiento de una variedad en el mejor y el peor ambiente.

La fórmula para su cálculo es la siguiente:

$$R_{1i} = (Y_{ij \max} - Y_{ij \min})$$

donde:

$Y_{ij \max}$  = rendimiento promedio máximo de la  $i$ -ésima variedad,

$Y_{ij \min}$  = rendimiento promedio mínimo de la  $i$ -ésima variedad,

$Y_i$  = rendimiento promedio de la  $i$ -ésima variedad en la localidad con el mayor nivel de producción,

$Y_j$  = rendimiento promedio de la  $i$ -ésima variedad en la localidad con el menor nivel de producción.

Los ambientes se clasifican de acuerdo a su nivel de los promedios por ambiente.

Para este procedimiento se calculó un intervalo de confianza mediante una prueba de t para la clasificación de los genotipos según su estabilidad. Los valores mayores que el límite superior del intervalo se considera que son los inestables, los de valor menor que el límite inferior son los estables, mientras que los que se encuentran dentro del intervalo se propone en esta tesis que se denominen de estabilidad media.

La formación del intervalo fue en base a los cálculos siguientes:

Límite inferior =  $\bar{x} - (t_{0.05})(S_{\bar{x}})$  y Límite superior =  $\bar{x} + (t_{0.05})(S_{\bar{x}})$  en el que se considera a  $\bar{x}$  como la media de los índices generados; t valor de tablas al 0.05% de nivel de significancia y a  $S_{\bar{x}}$  el error estándar de dichos índices.

### 3.7.5 Índice o ecovalencias de Wricke ( $W^2$ ) (1964)

Wricke (1964) se encuentra dentro de los autores que proponen la descomposición de la interacción del genotipo por el ambiente en sus componentes. Sugiere que la contribución de un genotipo a la interacción genotipo-ambiente se use como una medida de la estabilidad.

La técnica desarrollada por este autor consiste en calcular para cada variedad un índice ( $W^2$ ) denominado ecovalencia que mide la inestabilidad de cada genotipo por la magnitud de su contribución a la suma de cuadrados de la interacción genotipo-ambiente en un análisis de varianza de dos entradas (variedades y ambientes).

El modelo que describe una observación es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + d_{ij}$$

donde:

$\mu$  = promedio general

$g_i$  = efecto promedio del i-ésimo genotipo

$e_j$  = efecto promedio de i-ésimo ambiente

$d_{ij}$  = efecto de la interacción entre el i-ésimo genotipo y el j-ésimo ambiente

La estimación del parámetro ecovalencia es la sumatoria de los efectos de interacción, o sea:

$$W_i^2 = \sum_j d_{ij}^2$$

El cálculo del estimado de la ecovalencia se obtiene mediante la ecuación siguiente:

$$W_i^2 = \sum_j [Y_{ij} - Y_{i.} - Y_{.j} + Y_{..}]^2$$

donde:

$Y_{ij}$  = rendimiento promedio de la i-ésima variedad en el j-ésimo ambiente

$Y_{i.}$  = rendimiento promedio de la i-ésima variedad sobre todos los ambientes

$Y_{.j}$  = rendimiento promedio de todas las variedades en el j-ésimo ambiente

$Y_{..}$  = rendimiento promedio de todas las variedades en todos los ambientes

De la misma manera que el índice de Langer (1979), el genotipo estable será aquel con el valor más pequeño de  $W_i^2$ .

Para las ecovalencias obtenidas se calcularon intervalos de confianza para clasificar la estabilidad de cada uno de los genotipos considerándose la más estable aquella con el menor valor menor del intervalo de confianza.

En este documento, se considera a éste índice como un indicador de la consistencia ya que Márquez (1992) y Carrizalez (2000) confirman que más que estabilidad, las ecovalencias identifican consistencia.

### **3.8 Modelo de correlación (r)**

Para obtener información de la relación que pudieran tener los parámetros utilizados en los análisis de estabilidad se realizaron correlaciones múltiples entre los diferentes parámetros de los diferentes modelos. Dichas correlaciones se efectuaron para cada variable considerada mediante el procedimiento corr de SAS Institute Inc. 1999-2001 versión 8.2.

## 4. RESULTADOS Y DISCUSIONES

### 4.1 Prueba de identificación y selección de las líneas de dos poblaciones por marcadores moleculares en F<sub>2</sub>

Los resultados de los análisis de microsatélites se presentan en el Cuadro 8. Como podrá notarse, solo el 54% de los granos resultó ser (o<sub>2</sub>/o<sub>2</sub>), 24% fueron heterocigotos (+/o<sub>2</sub>) y 12 % homocigotos normales (+/+), si se considera que cada población debería segregar en proporción de 1:2:1, 25% (o<sub>2</sub>/o<sub>2</sub>), 50% (+/o<sub>2</sub>) y 25% (O<sub>2</sub>/O<sub>2</sub>) y que al efectuar selección visual previa en la lámpara de las semillas analizadas por microsatélites, éstas proporciones se modifican, entonces los resultados obtenidos son acordes, ya que si se analizaron 600 semillas F<sub>2</sub>, la segregación correspondiente sin selección previa sería de 150 o<sub>2</sub>/o<sub>2</sub> : 300 +/o<sub>2</sub> : y 150 +/+ para obtener 75% de semillas con el gen opaco-2. La selección visual efectuada identificó el 78% de las semillas que contienen el gen opaco-2, dado que que hubo aproximadamente un 10% de casos en que no se tuvo amplificación (NA), de ahí se obtuvo el incremento del 75 al 78% de semillas con el gen opaco-2.

También se podrá notar en el Cuadro 8, que probablemente debido a mala calidad del ADN o a degradación por la presencia de sales, proteínas o RNA el 10% de los casos no tuvo amplificación. Las lectura para estos genotipos quizá se podría haber realizado utilizando geles de acrilamida ya que este tipo de gel permite ver con mayor claridad el corrimiento del ADN.

Debido a lo anterior, se puede decir que la selección asistida por marcadores moleculares se justifica plenamente dando una gran seguridad en la selección de genotipos con alta calidad de proteína.

Cuadro 8. Identificación de líneas con genes modificadores para calidad de proteína por microsatélites. O-I 2001

Genealogía	o <sub>2</sub> /o <sub>2</sub>	%	+/o <sub>2</sub>	%	O <sub>2</sub> /O <sub>2</sub>	%	NA	%
CML173 x CLQ4374	322	53.66	146	24.33	73	12.16	59	9.83
CML 147 x RCW01	323	53.83	147	24.50	70	11.66	60	10.00

NA= no amplificó

#### 4.2 Selección de las líneas S<sub>3</sub> por contenido de triptofano en grano

En los cuadros 1A y 2A se presentan los contenidos de triptofano y proteína de líneas seleccionadas, pertenecientes a los grupos heteróticos A y AxB, respectivamente. En el cuadro 1A se indica que solo dos líneas (CML146 x CML 150)-B-5-2, (CML150 x CL-04321)-B-19-1, de 51 fueron descartadas por no tener la cantidad de triptofano requerida; así mismo para el segundo grupo (Cuadro 2A) se descartaron tres líneas (CML150 x CL.04321)-B-43-1, (CLQ6203 x CL04321)-B-18-1 y (CLQ6203 x CL04321)-B-46-2 . Cabe destacar que sólo se formaron los mestizos con líneas de alta calidad con 0.08% como mínimo de triptofano. En los cuadros referidos se incluyen los contenidos de nitrógeno, proteína y un índice de calidad calculado con el contenido de triptofano y dividido entre el contenido de proteína total. Los contenidos de lisina no fueron determinados directamente debido a los altos costos de los análisis químicos.

#### 4.3 Identificación y selección de las líneas de todas las poblaciones por marcadores moleculares (microsatélites) en S<sub>2</sub>

Para tener seguridad de que la estimación de la aptitud combinatoria se llevara a cabo con líneas de alta calidad de proteína, se utilizó la selección visual y marcadores moleculares para conocer los genotipos de dichas líneas en doce poblaciones. Los resultados se presentan en el Cuadro 9. Se incluye el origen de las líneas, número de líneas analizadas, y el porcentaje de genotipos normales, heterocigotos y homocigotos recesivos así como los datos de ADN no amplificado. En ninguno de los casos los granos de las líneas seleccionadas fueron 100% homocigotos recesivos para el gen opaco-2 responsable de alta calidad de proteína. Las líneas son generaciones tempranas y a medida que avanza la endogamia se fijan los genes modificadores por lo que se

espera que dicha frecuencia aumente. Sin embargo, los resultados resaltan la efectividad de los marcadores moleculares en la selección de los genotipos con alta calidad de proteína. Como podrá observarse en el Cuadro 9, en 10 de las doce poblaciones, más del 70% de las líneas correspondieron a genotipos QPM. La población CML 176 x CL04374 presentó el menor número de líneas con alta calidad de proteína probablemente debido a que esta cruce tiene menor frecuencia de genes modificadores con genotipo ( $o_2/+$ ) ó  $(+/+)$  en proporción mayor que las demás líneas.

Cuadro 9. Identificación de las líneas de todas las poblaciones por marcadores moleculares (microsatélites) en plantas  $S_2$

Origen	No. Líneas	$o_2/o_2$	%	$+/o_2$	%	N	%	NA	%
CML 146 x CL 04374	34	26	76.47	5	14.7	1	2.94	2	5.88
CML 146 x RCW01	77	71	92.20	5	6.49	1	1.29	0	0
CLQ 6203 x RCW01	50	42	84.00	7	14.00	1	2.00	0	0
CML 150 x RCW01	50	41	82.00	5	10.00	2	4.00	2	4.00
CML 173 x RCW01	44	24	54.54	14	31.81	6	13.63	0	0
CML 176 x CL 04374	52	17	32.69	22	42.30	12	23.07	1	1.92
CML 176 x RCW01	53	41	77.35	10	18.86	2	3.77	0	0
CML 146 x CL 04321	30	25	83.33	5	16.66	0	0	0	0
CLQ 6203 x CL 04321	46	43	93.47	3	6.52	0	0	0	0
CML 150 x CL 04321	56	41	73.21	15	26.78	0	0	0	0
CML 159 x CL 04321	46	43	93.47	1	2.17	2	4.34	0	0
CML 173 x CL 04321	54	42	77.77	8	14.81	4	7.40	0	0

N = Normales NA = no amplificó

En resumen, la selección visual bajo la lámpara en semillas  $F_2$  seguida de selección asistida por marcadores moleculares en plantas  $F_2$ , garantiza la calidad de la selección de genotipos portadores del gen opaco-2. Sin embargo debido a que no existen marcadores moleculares para identificar plantas con elevada frecuencia de genes modificadores del endospermo siempre debe usarse la lámpara para tal propósito. La combinación de las dos metodologías es apropiada, sin embargo tienen que considerarse los costos de los marcadores. Cuando existan marcadores moleculares

suficientes para genes modificadores del endospermo y los costos de su uso se reduzcan, entonces, se eliminará la lámpara de luz en el proceso de selección.

#### 4.4 Evaluación de mestizos del grupo heterótico (AxB) con probadores A y B

En el Cuadro 10 se presenta el análisis de varianza combinado para rendimiento en cinco localidades para la variable rendimiento de grano. Puede observarse que existió una diferencia altamente significativa para todas las fuentes de variación, lo que nos indica que los ambientes son diferentes entre sí, así como las repeticiones dentro de ambientes. Las diferencias entre tratamientos indican que al menos existe un mestizo diferente al resto; así mismo se observa que hay interacción entre variedades por ambientes, lo que indica un comportamiento diferencial de los mestizos a través de ambientes.

Cuadro 10. Análisis combinado del rendimiento de líneas del grupo heterótico (AxB) por probadores A y B. O-I 2001.

Fuente	GL	SC	CM	FC	PR>F
Ambientes	4	1486.5774	371.6443	367.14**	<.0001
Rep. (Amb)	5	17.9320	3.5864	3.54**	0.0037
Mestizos	99	328.8854	3.3220	3.28**	<.0001
Amb x Mes- tizados	396	914.4191	2.3091	2.28**	<.0001
Error	495	501.07	1.0122		
Total	999	3248.8927			

\*\* = altamente significativo C.V = 16.24

En el Cuadro 11, se presentan algunas medias de rendimiento a través de ambientes que resultaron iguales estadísticamente así como el testigo, del grupo heterótico AxB por probadores A y B. El grupo superior se compone de seis híbridos experimentales, mientras que el testigo no se encuentra dentro de este grupo ya que el límite de la DMS fue hasta 6.77 ton/ha. Para este caso, el híbrido de mayor rendimiento fue el (CL Q6203 x CL 04321)-B-21-1- x CML144 con un rendimiento de 7.43 ton / ha., que resultó en un 15.19 % mayor que el testigo utilizado.



Cuadro 11. Medias de rendimiento del análisis combinado de cinco localidades del grupo heterótico (A x B) por probadores A y B. O-I 2001.

Genealogía	Rendimiento ton/ha
(CL Q6203xCL 04321)-B-21-1- x CML144	7.4344 a
(CLQ6203 x CL04321)-B-7-1x CML144	7.4289 a
(CLQ6203 x CL-04321)-B-7-1x CML159	7.2437 ab
(CLQ6203 x CL-4321)-B-24-1x CML159	7.0680 abc
(CLQ6203 x CL-04321)-B-46-1x CML159	6.8307 abcd
(CLQ6203 x CL-04321)-B-16-3x CML144	6.8242 abcd
(CLQ6203 x CL-04321)-B-24-1x CML144	6.7006 bcde
(CLQ6203 x CL-04321)-B-21-1x CML159	6.6833 bcdef
(CLQ6203xCL-RCW01)B-43-3xCML144	6.6823 bcdef
H512 Testigo	5.1300

DMS = 0.6557

#### 4.5 Aptitud Combinatoria

En el Cuadro 12 se presenta el análisis de varianza combinado para la AC. En dicho cuadro se observa que existieron diferencias significativas a probabilidades menores del 5% para todas las fuentes de variación excepto para las interacción H\*M, lo anterior indica que al menos uno de los ambientes fue diferente al resto, así como las repeticiones dentro de los ambientes. Por su parte los machos fueron diferentes entre ellos así como las hembras. Por lo que respecta a las interacciones se concluye que los machos y hembras tienen una respuesta diferencial a través de localidades. La alta significancia Amb\*M y Amb\*H refleja la importancia de la interacción GxA.

Como se observa en el Cuadro 12, las proporciones de los cuadrados medios respecto a la variación genética total, son mayores en hembras y machos (efectos de ACG) lo que sugiere que es más importante el tipo de acción genética aditiva de las líneas que la no aditiva (efectos de ACE)

y que éstas pueden ser usadas en métodos de mejoramiento que impliquen la explotación de tal tipo de acción génica como son la selección recurrente o recíproca recurrente.

Cuadro 12. Análisis de varianza combinado para AC de las líneas del grupo heterótico (A x B) por probadores A y B. O-I 2001.

FV	GL	SC	CM	F	Pr >F
Amb	4	1466.362517	366.590629	329.20	<.0001
Rep (Amb)	5	16.366804	3.273361	2.94	0.0126
H (ACG)	47	218.423371	4.647306	4.17	<.0001
M (ACG)	1	5.962077	5.962077	5.35	0.0211
H *M (ACE)	47	71.814114	1.527960	1.37	0.0566
Amb * H	188	523.634173	2.785288	2.50	<.0001
Amb * M	4	38.243635	9.560909	8.59	<.0001
Amb *H*M	188	292.912670	1.558046	1.40	0.0023
Error	475	528.949495	1.113578		
Total	959	3162.668857			

H=hembras M=machos H\*M=hembras por machos Amb=ambientes

Los efectos estimados de la ACG y ACE, su significancia, así como los rendimientos promedio de las cruzas de las líneas con los dos probadores se presentan en el Cuadro 13. Se observa que las líneas que tuvieron la ACG más alta fueron también las que formaron las cruzas de mayor rendimiento, éstas se derivaron de la craza original (CLQ6203XCL04321). Las primeras 4 líneas con ACG alta y significativa del Cuadro 13, se podrían usar en un programa de selección genealógica para formar nuevas poblaciones F<sub>2</sub> para derivar nuevas líneas ya que tienen una acción preferentemente aditiva, teniendo con esto una mayor posibilidad de buenas combinaciones con otros materiales. Las dos primeras líneas ya fueron codificadas como líneas CL (Córdova *et al.*, 2005).

Por lo que respecta a la ACE, las líneas con efectos positivos y significativos fueron la (CLQ6203XCL04321)- B-40-1 y (CML176 x RCW01)-B42-1 que cruzaron bien con el probador CML 159. Dichas líneas se pueden utilizar de manera directa con sus respectivos probadores para formar cruzas simples ya que según Sprague y Tattum (1942) en estas se puede aprovechar el tipo de acción génica de dominancia o sobredominancia para lograr una mayor heterosis.

Cuadro 13. Medias de rendimiento promedio con dos probadores, efectos de ACG y ACE de las líneas del grupo heterótico AxB por probadores A y B. O-I 2001

PEDIGREE	Rendimiento (ton/h)	Efectos ACG hembras	Efectos ACE	
			CML 159	CML 144
(CLQ6203XCL04321)-B-7-1	7.33	1.16**	0.02	-0.02
(CLQ6203XCL04321)-B-21-1	7.05	1.12**	-0.45	0.045
(CLQ6203XCL04321)-B-24-1	6.88	1.07**	0.35	-0.35
(CLQ6203XCL04321)-B-23-1	6.69	0.61**	0.25	-0.25
(CLQ6203XCLRCW01)-B-14-1	6.56	0.49	0.12	-0.12
(CML176XCLRCW01)-B-19-1	6.51	0.44	-0.46	0.46
(CLQ6203XCLRCW01)-B-48-1	6.48	0.41	-0.08	0.08
(CLQ6203XCLRCW01)-B-40-1	6.45	0.38	0.15	-0.15
(CML176XCLRCW01)-B-12-1	6.39	0.32	0.25	-0.25
(CLQ6203XCLRCW01)-B-24-4	6.38	0.31	0.06	-0.06
(CLQ6203X04374)-B-7-2	5.77	-0.3	-0.49**	0.49
(CLQ6203X04374)-B-25-2	4.87	-1.21**	-0.27	0.27
(CLQ6203X04374)-B-26-1	5.92	-0.15	-0.42	0.42
(CLQ6203XCL04321)-B-10-1	6.38	0.3	-0.02	0.02
(CLQ6203XCL04321)-B-13-1	5.64	-0.44	0	0
(CLQ6203XCL04321)-B-13-2	5.42	-0.65**	-0.19	0.19
(CLQ6203XCL04321)-B-14-3	5.59	-0.48	0.22	-0.22
(CLQ6203XCL04321)-B-15-1	6.24	0.17	0.15	-0.15
(CLQ6203XCL04321)-B-16-3	6.52	0.45	-0.05	0.05
(CLQ6203XCL04321)-B-18-1	5.87	-0.2	-0.46	0.46
(CLQ6203XCL04321)-B-26-2	5.84	-0.23	0.11	-0.11
(CLQ6203XCL04321)-B-26-3	5.84	-0.23	-0.22	0.22
(CLQ6203XCL04321)-B-40-1	5.84	-0.23	0.71**	-0.71
(CLQ6203XCL04321)-B-40-2	5.85	-0.22	0.22	-0.22
(CLQ6203XCL04321)-B-41-2	6.06	-0.02	0.03	-0.03
(CLQ6203XCL04321)-B-44-1	6.07	0	-0.17	0.17
(CLQ6203XCL04321)-B-46-2	5.98	-0.1	-0.07	0.07
(CLQ6203XCLRCW01)-B-10-1	6.24	0.17	0.15	-0.15
(CLQ6203XCLRCW01)-B-11-2	5.72	-0.35	0.04	-0.04
(CLQ6203XCLRCW01)-B-17-2	5.76	-0.32	-0.49**	0.49
(CLQ6203XCLRCW01)-B-24-3	5.52	-0.55**	0.17	-0.17

Continúa Cuadro 13

(CLQ6203XCLRCW01)-B-36-2	5.99	-0.08	0.11	0.11
(CLQ6203XCLRCW01)-B-42-4	6.35	0.28	-0.04	0.04
(CLQ6203XCLRCW01)-B-43-3	6.19	0.12	-0.52**	0.52
(CLQ6203XCLRCW01)-B-44-1	5.83	-0.24	0.34	-0.34
(CLQ6203XCLRCW01)-B-46-2	6.14	0.06	-0.42	0.42
(CLQ6203XCLRCW01)-B-48-4	6.19	0.12	0.37	-0.37
(CML176XCL-04374)-B-14-1	5.9	-0.17	0.13	-0.13
(CML176XCL-04374)-B-14-2	6.25	0.18	0	0
(CML176XCL-04374)-B-17-1	5.29	-0.78**	-0.22	0.22
(CML176XCL-04374)-B-19-1	6.51	0.44	-0.46	0.46
(CML176XRCW01)-B-11-2	6.06	-0.01	0.45	-0.45
(CML176X RCW01)-B-30-1	5.48	-0.60**	-0.05	0.05
(CML176X RCW01)-B-42-1	5.48	-0.59**	0.53**	-0.53
Error estándar		0.2324		

ACG = Aptitud combinatoria general ACE = Aptitud combinatoria específica \*\* =Significativo al 0.01%

Con el fin de mostrar la distribución de frecuencias de los valores de aptitud combinatoria general y específica se elaboraron las Figuras 4, 5, y 6. Como se podrá apreciar, los valores estimados de los efectos siguen una distribución cercana a la normal, con excepción de la Figura 6 en donde la AC de las cruzas con la línea CML 159 presenta una alta frecuencia con valores positivos. Por su parte las cruzas con CML 144 tienden a producir valores negativos de ACE en mayor proporción a lo esperado bajo una distribución normal.

Los resultados de este trabajo concuerdan con los resultados de Green (1948) y Rinke y Hayes (1963) ya que las cruzas más rendidoras fueron aquellas que se formaron con líneas de alta ACG derivadas de generaciones F<sub>2</sub>. Por otra parte se coincide parcialmente con Córdova *et al.* (2005) y Krivanek *et al.* (2005) ya que ellos encontraron diferencias significativas en los efectos de ACG y ACE para rendimiento con líneas QPM.

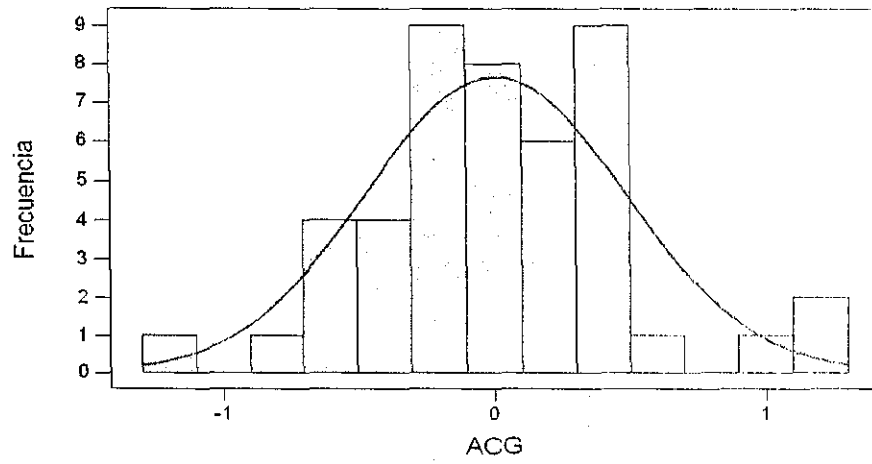


Figura 4 Distribución de frecuencias de ACG

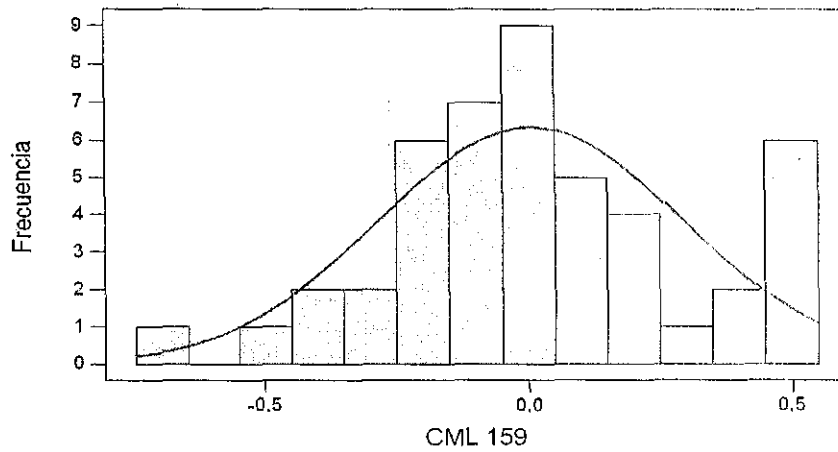


Figura 5 Distribución de frecuencias de ACE de las líneas con el probador CML 159

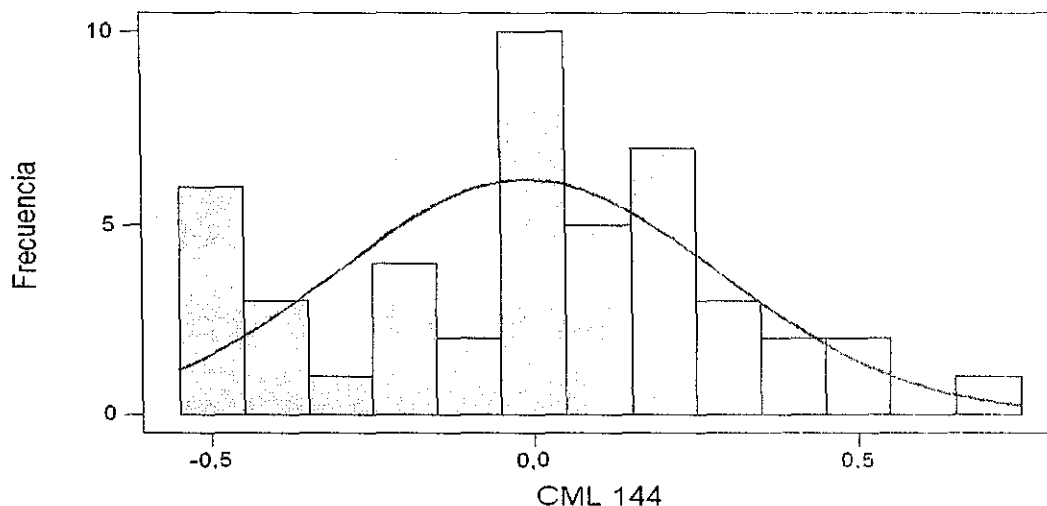


Figura 6 Distribución de frecuencias de ACE las líneas con el probador CML144

En base en los resultados de aptitud combinatoria se eligieron para continuar los procesos de evaluación las cruzas siguientes: (CLQ6203XCL04321)-B-21-1 x CML144, (CLQ6203XCL04321)-B-7-1 x CML 159 y (CLQ6203XCLRCW01)-B-24-4 x CML144 que tuvieron los más altos rendimientos así como la mayor ACG siendo significativos los efectos a una probabilidad de 0.01%. Las cruzas (CLQ6203XCLRCW01)-B-43-3 x CML 159, (CLQ6203XCL-RCW01)-B 43-3 x CML 144 (CLQ6203XCL-04321)-B-13-2 x CML159, (CLQ6203XCL-RCW01)-B-14-1 x CML144 y (CLQ6203XCL-RCW01)-B-42-4 x CML 144 que fueron seleccionadas por su rendimiento, y finalmente se incluyó la cruce con efectos de ACG negativa (CLQ6203XCL-RCW01)-B-46-2 x CML 159 por su rendimiento en campo. Las líneas restantes fueron descartadas debido a un comportamiento *per se* no favorable agronómicamente. Dichos materiales seleccionados sirvieron para ser probados por su estabilidad de rendimiento, lisina, triptofano, proteína y dureza de grano en la etapa siguiente de selección por estabilidad.

#### 4.6 Estabilidad del rendimiento

Los análisis de varianza conjuntos para los métodos propuestos por Eberhart y Russell (1966), Cruz (1990) y el método AMMI se presentan en los cuadros 3A, 4A y 5A respectivamente. Se detectaron diferencias significativas entre genotipos con los métodos de Eberhart y Russell (1966) y Cruz (1990), no así con base en el método AMMI. En el Cuadro 14 se presenta la prueba de comparación múltiple de medias de genotipos al 5% de probabilidades. De los 16 híbridos evaluados, 10 fueron iguales estadísticamente, destacando el tratamiento 10 con poco más de 7 ton/ha. Los híbridos tres y dos fueron los de menor rendimiento con 5.1 y 4.4 ton/ha respectivamente. Cabe destacar que ninguno de los híbridos seleccionados en las etapas de evaluación para aptitud combinatoria superó a los testigos incluidos en el estudio.

Cuadro 14. Separación de medias del análisis combinado para cinco localidades. P-V 2003.

Entrada	Genealogía	Rendimiento (ton /ha)
10	(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-Bx CLQ-RCWQ01	7.07 a
11	(CML173 x CLQ6203)x(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-B	6.82 a b
12	(CML173 x CLQ6203)x CLQ-RCWQ01	6.73 a b c
16	Genotec M658	6.59 a b c d
15	Genotec M625.	6.40 a b c d e
1	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-21-1-1-1 x CML 144	6.16 a b c d e
4	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-24-4-1 x CML 144	6.07 a b c d e
6	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-3-1 x CML 144	6.06 a b c d e
8	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-42-4-B x CML 144	5.85 a b c d e
14	(CML 144 x CML 159)	5.79 a b c d e
7	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-14-1-1-1 x CML 144	5.57 b c d e
13	(CML 150 x CLQ 6203)	5.46 c d e
5	CLQ 6203 x CL -04321)-B-13-2-1 x CML159	5.38 d e
9	(CLQ6203 x CL-RCW01)-B-46-2-1-B-1 x CML159	5.37 d e
3	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-1 x CML159	5.12 e
2	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-7-1-2-4-B- x CML159	4.39 f

DMS 5%= 1.31

Por otra parte, con respecto a la interacción genotipo-ambiente, los tres métodos detectaron diferencias significativas, lo que indica que los genotipos reaccionaron de manera diferencial en los ambientes de prueba. La prueba de no-aditividad, de acuerdo a Cruz (1990), se presenta en el Cuadro 6A. Dicha prueba y la de las desviaciones de regresión resultaron significativas al 1% de

probabilidad. Como podrá notarse, estos resultados indican que existieron diferencias entre los coeficientes de regresión pero también hubo falta de ajuste al modelo (significancia en las desviaciones de regresión).

En el Cuadro 15 se presentan las estimaciones de los diferentes parámetros y los promedios de rendimiento,  $b_i$  y  $S^2_{di}$  corresponden al método de Eberhart y Russell (1966) y representan el coeficiente de regresión y a las desviaciones de regresión, respectivamente. Por su parte,  $b_k$  y  $D_k$  representan los coeficientes de regresión y desviaciones de regresión del método de Cruz (1990), mientras que  $L$  corresponde al índice de Langer (1979) y  $W^2$  al índice de Wricke (1964). Para el caso de  $L$ , el asterisco indica que el genotipo es estable y para  $W^2$  se usó el signo  $\hat{c}$  que indica que el genotipo es consistente. Esta indicación se usó en los cuadros correspondientes de cada variable analizada.

De acuerdo al criterio de Carballo y Márquez (1970), con respecto a los parámetros de Eberhart y Russell (1966), todos los genotipos resultaron estables, es decir con un coeficiente de regresión  $b_i=1$  y desviaciones de regresión  $S^2_{di} = 0$ . Con base en el criterio de Cruz (1990), el genotipo 2 no se ajusta al modelo multiplicativo dado que  $D_k$  es significativamente mayor de cero. Los genotipos 9 y 16 tienen un coeficiente  $b_k > 0$  y el resto de genotipos tienen sensibilidad promedio o estabilidad ( $b_k=0, d_k=0$ ). Los métodos de Langer (1979) y Wricke (1964) difieren entre sí y con respecto a los métodos de Eberhart y Russell (1966) y Cruz (1990). Las únicas coincidencias ocurrieron para los genotipos 4, 6, 8 y 10. En este punto se puede señalar que los resultados encontrados confirman lo reportado por Eberhart y Russell (1966) y Carrizales (2000) en el sentido de que las variedades más rendidoras son las menos estables.

Márquez (1992) menciona que la interacción genotipo-ambiente existe desde el momento en que existe heterogeneidad ambiental. En estos casos la selección de los genotipos se ve agravada por la reducción de la heredabilidad al incrementarse la varianza fenotípica con la varianza de interacción genético-ambiental. Así los resultados de los análisis anteriormente mencionados eran de esperarse dado las características de los sitios de evaluación.



Cuadro 15. Medias de rendimiento, parámetros e índices de estabilidad de los diferentes procedimientos. P-V 2003.

Entrada	Media ton/ha	$b_i$	$S^2d_i$	$b_k$	$D_k$	L	$(W)^2$
10	<b>7.072</b>	1.1265 ns	0.2660 ns	0.1265 ns	1.59630 ns	7.721	1.2305 <sup>c</sup>
11	<b>6.825</b>	0.8375 ns	0.4772 ns	-0.1624 ns	2.86360 ns	5.797*	2.1446
12	<b>6.737</b>	1.0042 ns	0.5131 ns	0.0042 ns	3.07892 ns	6.565	1.5399
16	<b>6.591</b>	1.2719 ns	0.5988 ns	0.2719 *	3.5926 0 ns	8.722	3.7951
15	<b>6.402</b>	1.0484 ns	1.2620 ns	0.0484 ns	7.57209 ns	7.732	3.8495
1	<b>6.165</b>	1.1090 ns	0.6953 ns	0.1090 ns	4.17212 ns	7.087	2.4072
4	<b>6.071</b>	1.0832 ns	0.3395 ns	0.0832 ns	2.03715 ns	6.838	1.2057 <sup>c</sup>
6	<b>6.064</b>	1.0608 ns	0.2644 ns	0.0608 ns	1.58624 ns	7.289	0.8931 <sup>c</sup>
8	<b>5.851</b>	1.0621 ns	0.1734 ns	0.0621 ns	1.04030 ns	6.673	0.6243 <sup>c</sup>
14	<b>5.795</b>	1.1849 ns	0.6870 ns	0.1849 ns	4.12223 ns	7.5	2.9850
7	5.572	0.9780 ns	0.1913 ns	-0.0220 ns	1.14818 ns	6.338	0.5871 <sup>c</sup>
13	5.465	0.8303 ns	1.4844 ns	-0.1696 ns	8.90661 ns	6.271	5.2307
5	5.389	0.9666 ns	0.0581 ns	-0.0333 ns	0.34900 ns	6.068*	0.2044 <sup>c</sup>
9	5.373	0.6806 ns	0.5060 ns	-0.3194 *	3.03649 ns	4.709*	4.2742
3	5.125	0.9307 ns	0.8086 ns	-0.0693 ns	4.85200 ns	6.717	2.5556
2	4.390	0.8246 ns	2.6484 ns	-0.1754 ns	15.89050 *	6.36	8.7761

\* = estable    <sup>c</sup> = consistente    ns = no significativo     $b_i$  y  $S^2d_i$  = coeficiente de correlación y desviaciones de regresión de Eberhart y Russell.  $B_k$  y  $D_k$  = coeficiente de correlación y desviaciones de regresión de Cruz. L y  $(W)^2$  índices de Langer y Wricke respectivamente.

Según Márquez (1992), cada variedad puede manifestar su comportamiento genotípico verdadero: es decir libre de la interacción GE; por lo tanto, parecerá que el ambiente adecuado para hacer la selección sería uno de este tipo ( $b_i = 1$  y  $S^2d_i = 0$ ).

Es necesario señalar que Cruz (1990) en esta propuesta, de ninguna manera admite el término estabilidad, ya que según cita "resulta inapropiado por las acepciones que tiene; sin embargo, a los coeficientes de regresión o  $b_k$ , los relaciona con la estabilidad, dado que al hacer la clasificación de genotipos, realiza primeramente un análisis del término estabilidad indicado como sensibilidad o  $b_k$ ; así mismo presenta el cuadro de clasificación de manera análoga a como lo hicieron Carballo y Márquez (1970) con las adaptaciones acordes al término sensibilidad. Por tal motivo, en este trabajo se toma el término estabilidad como sinónimo de sensibilidad.

Con los modelos propuestos por Langer (1979 y Wricke (1964) se calcularon intervalos de confianza con una prueba de t al 5% (en todas las variables), para conocer cuales genotipos tienen la mayor estabilidad, correspondiendo los valores menores, fuera del rango, a las variedades más estables (\*\*), y a las que se encuentran entre el intervalo a las variedades estables medias (\*).

La suma de cuadrados y la prueba de Gollob para los términos AMMI se pueden ver en el Cuadro 6A. La prueba de Gollob en este cuadro muestra que existió diferencia altamente significativa y los dos primeros términos explican el 82% de la interacción, por lo que se considera que el modelo es apropiado para explicar esta suma de cuadrados.

El biplot generado por el análisis AMMI se presenta en la Figura 7 en la cual se puede ver gráficamente lo siguiente: se observa que las variedades más estables fueron las correspondientes a las entradas 9, 7, y 10 seguidos por las entradas 15, 5, 8 y 11. Según la separación de medias del análisis combinado de rendimiento, corresponden a las variedades más rendidoras sólo las entradas 10, 11 y 15 (Cuadro 14).

Las recomendaciones que sugiere la figura 7, son: para el ambiente 1 (Cotaxtla) las mejores variedades son la 15 (testigo) y 11. Para el ambiente 4 (Las Agujas) aunque las variedades más estables son la 10 y la 6, las de mayor respuesta fueron las variedades correspondientes a las entradas 14 y 16. Para los ambientes 2, 3 y 5 (Campeche, Agua Fría y La Huerta) las más estables fueron las entradas 7 y 9 siendo las de mayor respuesta la 9, 11 y 13.

En base a los resultados anteriores puede concluir que las variedades clasificadas como estables por la mayoría de los métodos a través de los ambientes fueron las siguientes entradas con sus respectivas genealogías: 5 (CLQ 6203 x CL -04321)-B-13-2-1) x CML159; 11 (CML173 x CLQ6203)x(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-B; 10 (CML173 x CLQ6203)x(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-B; 7 (CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-14-1-1-1 x CML 144; 8 (CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-42-4-B x CML 144 y el testigo comercial de entrada 15. De estas, sólo la entrada cinco (en AMMI prácticamente es estable) se encuentra clasificada como estable por los cuatro métodos, mientras que las demás entradas fueron clasificadas por tres metodologías como

estables ya que Langer (1979) y Wricke (1964) en conjunto no las consideran ni estables ni consistentes.

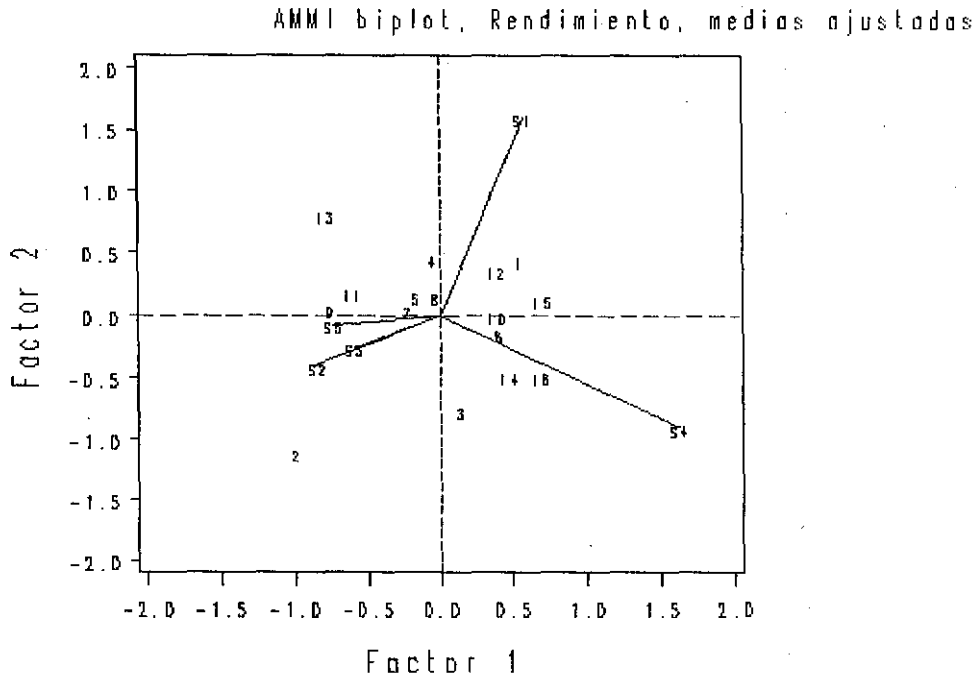


Figura 7. Biplot AMMI para estabilidad del rendimiento de grano.

De esta manera, se puede decir que los procedimientos de Eberhart y Russell (1966), el modelo multiplicativo propuesto por Cruz (1990) y el AMMI, fueron más sensibles en la detección de genotipos estables, mientras que los métodos no paramétricos resultaron ser los menos sensibles para detectar la estabilidad, o visto de otra manera, los modelos no paramétricos son más estrictos al depurar más fuertemente los genotipos por estabilidad del rendimiento.

A manera de discusión se puede decir que las diferencias encontradas en rendimiento y estabilidad, pudieron deberse a las diferentes condiciones ambientales de las localidades de evaluación ya que como menciona Poey (1975), las condiciones ambientales influyen en el fenotipo modificándolo o limitando su potencial. Las variables que tienen que considerarse y que modifican la respuesta de los genotipos de manera general son: el clima, la fertilidad del suelo, la

humedad disponible, alturas sobre el nivel del mar, la fertilización y la densidad de población, entre otras.

Dado que las prácticas culturales fueron de acuerdo a cada una de las zonas de evaluación, y estas zonas por sus características geográficas fueron diferentes, es de suponer encontrar diferencias en cuanto a su respuesta al rendimiento y a su estabilidad. Las diferencias en cuanto a cuestiones ambientales de los sitios de evaluación se presentan en el Cuadro 3, en este se pueden observar las diferencias en alturas sobre el nivel del mar, así como en sus longitudes, variables que pudieron haber influido en la respuesta de los genotipos a cada medio.

Los mayores rendimientos se encontraron en las localidades de Zapopan y La Huerta, esto quizás se debió a que en el ambiente de Campeche los materiales sufrieron acame por lluvias excesivas y vientos de igual manera, esto sin considerar que éste ambiente y el de Cotaxtla, son más agresivos para los genotipos en cuanto a temperaturas y ciclo corto. Así el comportamiento en cuanto a rendimiento de los genotipos se vio más favorecido para las localidades de Zapopan cuyo ambiente es mas favorable (lluvias y temperaturas mas adecuadas) así como el de La Huerta, que aunque es ambiente tropical, no es tan agresivo como los otros.

#### **4.7 Coeficientes de correlación (r) entre los diferentes parámetros de estabilidad del rendimiento**

Para encontrar la correlación de la clasificación de los diferentes parámetros e índices, entre los métodos empleados en la clasificación de genotipos, se calcularon los coeficientes de correlación (r) entre los diferentes parámetros utilizados.

En el Cuadro 16 se puede observar que las correlaciones más altas y positivas (valor superior de la celda) fueron entre los parámetros  $b_i$  con L (0.90) con probabilidad  $<.0001$  (valor entre paréntesis) y  $S^2d_i$  con W (0.93) con probabilidad de  $<0.0001$ . Estos resultados concuerdan con los encontrados por Carrizales (2000), García (2000) y Langer (1979), así como parcialmente con Vega (1984) y los trabajos citados por éste en la alta correlación encontrada entre el procedimiento de Eberhart y Russell (1966) con Wricke (1964) y Langer (1979); esto quiere decir

que en un momento dado el procedimiento de Langer (1979) y el de Wricke (1964) juntos pueden sustituir al de parámetros de estabilidad de Eberhart y Russel (1966) si estos tienen una alta correlación con  $b_i$  y  $S^2d_i$  respectivamente, cosa que en este caso sí ocurrió dado que Langer (1979) detecta estabilidad y el de Wricke (1964) consistencia, según lo menciona Márquez (1991).

Los coeficientes de correlación más bajos resultaron ser entre el rendimiento con  $b_i$  y con  $L$ , y se encontraron correlaciones negativas del rendimiento y  $b_i$  con  $S^2d_i$  y con  $W^2$ , y entre  $S^2d_i$  y  $L$ , así como entre  $L$  y  $W^2$ . Esto nos indica que los parámetros con falta de correlación positiva o baja correlación, deben de ser usados individualmente y ninguno puede ser utilizado en lugar de otro.

Cuadro 16. Coeficientes de correlación de Pearson (r) y su probabilidad entre los diferentes parámetros e índices para la clasificación de estabilidad de rendimiento de genotipos.

	t/ha	$b_i$	$S^2d_i$	L	$W^2$
t/ha	1.00000	0.51376 (0.0418)	-0.51231 (0.0425)	0.45203 (0.0788)	-0.48901 (0.0546)
$b_i$		1.00000	-0.33744 (0.2012)	0.90130 ( $<.0001$ )	-0.38758 (0.1380)
$S^2d_i$			1.00000	-0.01650 (0.9516)	0.93678 ( $<.0001$ )
L				1.00000	-0.7901 (0.7712)
$(W)^2$					1.00000

#### 4.8 Análisis de estabilidad del contenido de lisina.

Los análisis de varianza conjuntos propuestos por Eberhart y Russell (1966) y Cruz (1990) y el método AMMI se presentan en los cuadros 7A, 8A y 9A, respectivamente. De acuerdo a dichos cuadros existieron diferencias altamente significativas para genotipos y la interacción genotipo ambiente a excepción del método AMMI, lo que indica que los genotipos tienen una respuesta diferencial a través de los ambientes. En el Cuadro 17 se presenta la prueba de comparación

múltiple de medias de genotipos al 5% de probabilidades. De los 16 híbridos evaluados, 8 fueron iguales estadísticamente destacando el tratamiento 1 con 0.4545 % de contenido de lisina en grano. Como era de esperarse los genotipos 15 y 16 (Genotec M625 y Genotec M628) fueron los de menor contenido de lisina con 0.3138 y 0.3450 % respectivamente. Es de notarse que todos los materiales evaluados de alta calidad de proteína mantienen su calidad en cuanto a contenido de lisina aunque se encuentren diferencias dentro de ellos.

Por otra parte, con respecto a la interacción genotipo por ambiente, los tres métodos antes señalados detectaron diferencias significativas, lo que indica que los genotipos tuvieron una respuesta diferencial en los ambientes de prueba. La prueba de no-aditividad de acuerdo a Cruz (1990) se presenta en el Cuadro 10A; dicha prueba resultó significativa mientras que las desviaciones de regresión no lo fueron. Lo anterior implica que hay diferencias entre los coeficientes de regresión y que el modelo tuvo un ajuste apropiado.

En el Cuadro 18 se presentan los valores de las estimaciones de los porcentajes de lisina y otros parámetros. En dicho Cuadro, los títulos de las columnas corresponden a los parámetros ya enunciados para la variable rendimiento.

De acuerdo al criterio de Carballo y Márquez (1970), con respecto a los parámetros de Eberhart y Russell (1966) se clasificó a las entradas 6, 4, 8, 2 y 13 como genotipos con una respuesta mejor en buenos ambientes y consistentes ( $b_i > 1$  y  $S^2_{di} = 0$ ) mientras que al resto las clasifica como estables. Con base en el criterio de Cruz (1990), las entradas 11 y 16 son genotipos con falta de ajuste al modelo multiplicativo ya que su  $D_k$  es significativamente mayor que cero. El genotipo 10 tiene ajuste apropiado y mejor respuesta en ambientes desfavorables, mientras que el resto tienen una sensibilidad promedio y buen ajuste al modelo multiplicativo ( $b_k=0$  y  $D_k=0$ ). Los métodos de Langer (1979) y Wricke (1964) difieren entre sí y de los métodos de Eberhart y Russell (1966) y Cruz (1990) ya que únicamente clasifican a las entradas 3 y 6 como estables y consistentes.

Cuadro 17. Separación de medias de contenido de lisina del análisis combinado de cinco localidades. P-V 2003.

Entrada	Genealogía	(%) de lisina
1	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-21-1-1-1 x CML 144	0.4545 a
6	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-3-1 x CML 144	0.4494 ab
5	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-13-2-1 x CML159	0.4465 abc
3	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-1 x CML159	0.4456 abc
11	(CML173 x CLQ6203)x(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-B	0.4377 abcd
10	(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-Bx CLQ-RCWQ01	0.4371 abcd
4	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-24-4-1 x CML 144	0.4388 abcde
8	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-42-4-B.x CML 144	0.4294 abcde
14	(CML 144 x CML 159)	0.4209 bcde
7	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-14-1-1-1 x CML 144	0.4196 bcde
9	(CLQ6203 x CL-RCW01)-B-46-2-1-B-1 x CML159	0.4150 cde
2	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-7-1-2-4-B- x CML159	0.4124 de
12	(CML173 x CLQ6203)x CLQ-RCWQ01	0.4106 de
13	(CML 150 x CLQ 6203)	0.4027 e
16	Genotec M658	0.3450 f
15	Genotec M625	0.3138 g

DMS 5% = 0.0253

Los genotipos muestran diferencias en cuanto a contenido de lisina, sin embargo no bajaron su índice de calidad (0.40), esto sugiere que el ambiente no es capaz de modificar al genotipo de manera significativa. Los resultados dan una idea de la variación de los genotipos y se expresan en la variedad de grupos formados en la separación de medias.

Cuadro 18. Porcentajes medios de contenido de lisina, diferentes parámetros e índices para la clasificación de la estabilidad del contenido de lisina en % y su significancia. P-V 2003.

Entrada	% Medio lisina	$b_i$	$S^2 d_i$	$b_k$	$D_k$	L	$(W^2)$
1	<b>0.4545</b>	0.8312ns	0.0012ns	-0.1688ns	0.0044ns	0.078*	0.0040
6	<b>0.4494</b>	1.2270**	0.0010ns	0.2270ns	0.0002ns	0.075*	0.0004 <sup>c</sup>
5	<b>0.4465</b>	1.4114ns	0.0012ns	0.1414ns	0.0021ns	0.1050	0.0021
3	<b>0.4456</b>	0.8966ns	0.0005ns	-0.1033ns	0.0002ns	0.065*	0.0002 <sup>c</sup>
11	<b>0.4377</b>	0.7503ns	0.0011ns	-1.0740*	0.0066*	0.0997	0.0100
10	<b>0.4371</b>	0.1138ns	0.0006ns	-0.8862*	0.0037ns	0.0692*	0.0060
4	<b>0.4338</b>	1.6072**	0.0020ns	0.6072ns	0.0016ns	0.1300	0.0029
8	<b>0.4294</b>	1.7951**	0.0023ns	0.7951ns	0.0007ns	0.1310	0.0031
14	0.4209	1.2113ns	0.0013ns	0.2113ns	0.0022ns	0.1067	0.0019
7	0.4196	1.118ns	0.0013ns	0.1118ns	0.0032ns	0.1071	0.0026
9	0.4127	0.6581ns	0.0011ns	-0.3418ns	0.0050ns	0.1007	0.0046
2	0.4124	1.2726*	0.0012ns	0.2726ns	0.0008ns	0.1016	0.0010 <sup>c</sup>
12	0.4106	0.7503ns	0.0008ns	-0.2497ns	0.0030ns	0.0972	0.0028
13	0.4027	1.8564**	0.0027ns	0.8564ns	0.0018ns	0.1317	0.0041
16	0.3450	0.5190ns	0.0027ns	-0.481*	0.0152*	0.1310	0.0125
15	0.3138	1.0814ns	0.0014ns	0.0814ns	0.0038ns	0.0999	0.0026

\*= significativo 5%, ns = no significativo \* = estable para L, <sup>c</sup> = consistente para W,  $b_i$  y  $S^2_{di}$  = coeficientes de correlación y desviaciones de regresión de Eberhart y Russell,  $b_k$  y  $D_k$  = desviaciones de regresión de Cruz y L y  $(W)^2$  = índices de Langer y Wricke.

Finalmente con respecto a la clasificación de los genotipos por AMMI, se puede observar en la Figura 8 que las variedades más estables fueron la 9, 12, 14, 5 y 1, mientras que las de mayor respuesta para contenido de lisina en Campeche (S3) las entradas 9 y 1. Para Cotaxtla (S1) las entradas 13, 8 y 4. Para (S3) Agua Fría, las entradas de mayor respuesta fueron la 16 y 13. Para Las Agujas, (S4) las de mayor respuesta fueron las entradas 16 y 10, y finalmente para La Huerta, (S5) las de mayor respuesta fueron las entradas 10 y 11. El mejor ambiente para la producción de lisina según se ve en la figura fue el de Agua Fría.



AMMI biplot LISINA medios ajustados

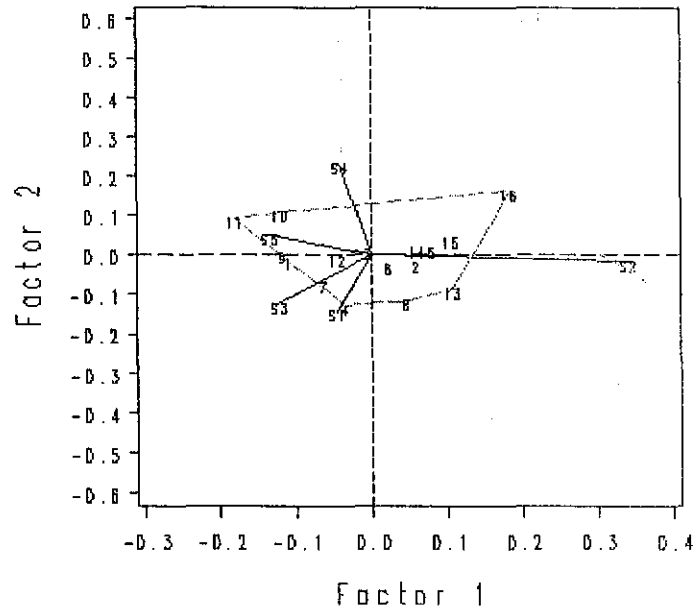


Figura 8 Biplot del AMMI para estabilidad del contenido de lisina

Si se observa el Cuadro 17 de la separación de medias del análisis conjunto en cuanto al contenido de lisina, las entradas 9, 12, 14, 5 y 1 que son las más estables bajo el esquema de clasificación AMMI, sólo las entradas 5 y 1 pertenecen al primer grupo de la separación de medias en cuanto a mayor contenido de lisina, y estas no forman parte de las entradas con mayor respuesta (entradas 11, 10, 13, 15 y 16); esto quiere decir que para esta característica sucede igual que para el rendimiento, es decir, los genotipos de mayor contenido de lisina son los menos estables.

Finalmente, ningún genotipo fue clasificado de manera conjunta por todos los métodos como estable; los genotipos que fueron clasificados por los métodos de Eberhart y Russell (1966), Cruz (1990) y el modelo AMMI como estables fueron: 1 (CLQ 6203 x CL -04321)-B-21-1-1-1 x CML 144 ; 3 (CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-1 x CML159; 5 (CLQ 6203 x CL -04321)-B-13-2-1 x CML159 ; 9 (CLQ6203 x CL-RCW01)-B-46-2-1-B-1 x CML159; 12 (CML173 x CLQ6203)x CLQ-RCWQ01; 14 (CML 144 x CML 159).

De los genotipos clasificados como estables por cuando menos tres métodos, pertenecen al primer grupo de la separación de medias como de mayor contenido de lisina las entradas 1, 3, 5; y de estas con respecto al rendimiento de grano, solo la entrada 1 se encuentra dentro del primer grupo de más alto rendimiento en la separación de medias.

Dado que la lisina y triptofano son aminoácidos que influyen en la calidad de la proteína, y los contenidos de almidones que pudieron ser diferentes por la respuesta que presentan los genotipos a los ambientes, estos últimos pudieron modificar el tamaño del grano y éste, a la vez, los contenidos de aminoácidos esenciales ya que al disminuir el tamaño de grano, aumenta el tamaño del germen y por lo tanto la cantidad y calidad de la proteína según lo menciona Poey (1975); así las diferencias encontradas entre los genotipos pudieran deberse a este factor, así como a la conformación genética de los mismos y a la influencia del medio ambiente en cuanto a su estabilidad se refiere, ya que el contenido de materia orgánica, nitrógeno, fósforo y potasio en los suelos y la temperatura registrada, entre otras variables de los diferentes sitios de evaluación, pudieran ser factores a considerarse e influyentes en la determinación del contenido de lisina y su estabilidad como lo son para el rendimiento. Por lo tanto, se pudiera considerar que para esta variable, los mejores ambientes contaron de una manera más favorable con los factores anteriormente señalados, y los genotipos estables tuvieron una adaptabilidad desarrollada principalmente por su constitución genética.

Major (1980) indica que la respuesta de los cultivos difieren en su respuesta a factores ambientales; tal respuesta puede ser entre especies, entre cultivares, dentro de especies y entre estados de la planta en un cultivar. Como sucedió en ese estudio, la respuesta refleja diferencias en la adaptabilidad de los genotipos y en los mecanismos biológicos para enfrentar adversidades ambientales.

En el Cuadro 19 se observan los porcentajes promedio de dos repeticiones del contenido de lisina en grano completo. En este se puede observar que la entrada 5 obtuvo el mayor porcentaje de contenido de lisina en grano seguidos por la entrada 1 en las localidades de Agua Fría, Campeche y Cotaxtla. Como era de suponerse, las entradas de los testigos (15 y 16) tuvieron los más bajos

porcentajes. Por localidad, el porcentaje promedio más alto se obtuvo en Campeche (0.445), seguida por Cotaxtla (0.444), Agua Fría (0.443), La Huerta (0.394) y Zapopan (0.381)

Cuadro 19. Medias de porcentajes de lisina en grano completo por localidad.

Entrada	Cotaxtla	Agua Fría	Campeche	Zapopan	La Huerta
1	0.500	0.422	0.501	0.428	0.423
2	0.436	0.467	0.436	0.365	0.384
3	0.478	0.465	0.462	0.413	0.418
4	0.497	0.456	0.493	0.368	0.422
5	0.465	0.502	0.452	0.410	0.397
6	0.482	0.481	0.477	0.406	0.408
7	0.473	0.436	0.469	0.365	0.440
8	0.467	0.490	0.486	0.359	0.403
9	0.427	0.402	0.486	0.386	0.421
10	0.450	0.399	0.463	0.441	0.412
11	0.450	0.392	0.488	0.433	0.469
12	0.471	0.422	0.418	0.374	0.425
13	0.435	0.473	0.431	0.342	0.342
14	0.431	0.464	0.440	0.387	0.357
15	0.325	0.370	0.308	0.287	0.268
16	0.317	0.445	0.313	0.330	0.320

#### 4.9 Coeficientes de correlación (r) entre los diferentes parámetros de la variable contenido de lisina

De manera similar que con el rendimiento de grano, se realizó un estudio de correlación múltiple entre los diferentes parámetros e índices generados por la aplicación de las metodologías anteriores. Los resultados obtenidos se muestran en el Cuadro 20. Se puede ver que para el contenido de lisina existió una correlación positiva con  $b_i$  y ésta fue muy baja sin ser significativa la probabilidad; no sucedió así con los demás parámetros con los cuales tiene una correlación negativa sin ser muy alta y de la misma manera no fue significativa su probabilidad. Lo anterior demuestra que si el contenido de lisina incrementa, la estabilidad y la consistencia disminuyen.

Para el caso de  $b_i$ , correlaciona positivamente con L y negativamente con W que son las correlaciones más altas y significativas entre estas variables a una probabilidad del 96% y 99% respectivamente. Esto quizás se deba a que como lo menciona Márquez (1991), L identifica estabilidad y W consistencia, de tal manera que si  $b_i$  identifica estabilidad, entonces es probable

que sea esto a lo que se debe la correlación encontrada entre estos valores. Sobre esta correlación, existen coincidencias con otros autores en los resultados obtenidos como Carrizales (2000), que aunque estudió el rendimiento, encontró altas correlaciones entre  $b_i$  y L y no así para  $b_i$  y  $W^2$ , pero si alta correlación para  $S^2d_i$  y  $W^2$ ; en este estudio la correlación entre estos dos últimos parámetros fue significativa al 92.26 % de probabilidad.

Estos resultados contradictorios con respecto a otros autores, puede sugerir que los parámetros de Langer (1979) y Wricke (1964) no siempre se tienen que usar con cualquier tipo de variable para la clasificación de estabilidad y consistencia.

Cuadro 20. Coeficientes de correlación y su probabilidad entre diferentes metodologías para clasificar la estabilidad del contenido de lisina.

	Lisina	$b_i$	$S^2d_i$	L	$(W)^2$
Lisina	1.00000	0.02566 (0.9248)	-0.32526 (0.2190)	-0.30587 (0.2493)	-0.34820 (0.1863)
$b_i$		1.00000	0.37157 (0.1565)	0.50350 (0.0468)	-0.58902 (0.0164)
$S^2d_i$			1.00000	0.74488 (0.0009)	0.45385 (0.0774)
L				1.00000	0.32446 (0.2202)
$(W)^2$					1.00000

$b_i$  y  $S^2d_i$  = coeficientes de correlación y desviaciones de regresión de Eberhart y Russell. L y  $(W)^2$  = índices de Langer y Wricke.

#### 4.10 Análisis de estabilidad del contenido de triptofano en grano

En los cuadros 11A, 12A y 13A, se presentan los análisis de varianza conjuntos para los métodos propuestos por Eberhart y Russell (1966), Cruz (1990) y el AMMI. Los dos primeros presentaron diferencias altamente significativas (1%) para genotipos mientras que el AMMI no presentó diferencias. En el Cuadro 21 se presentan las medias de contenido de triptofano y la prueba de comparación múltiple de medias de genotipos al 5% de probabilidad. Se conformaron seis grupos; destacan por su mayor contenido de triptofano las entradas 1 y 6 que son significativamente diferentes de las demás. Dichos híbridos incluyen líneas derivadas de diferentes patrones

heteróticos (CLQ 6203 x CL -04321) y (CLQ 6203 x CL-RCW01), pero que están cruzadas por el mismo probador, sugiriendo que probablemente la aportación a la mayor síntesis del aminoácido triptofano sea producto de la combinación con el probador CML 144. Los menores contenidos de triptofano correspondieron a los testigos ya que éstos son materiales de endospermo normal.

Cuadro 21. Separación de medias del porcentaje de triptofano en grano del análisis combinado de cinco localidades. P-V 2003.

Entrada	Genealogía	(%) triptofano
1	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-21-1-1-1 x CML 144	0.0882 a
6	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-3-1 x CML 144	0.0882 a
3	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-1 x CML159	0.0872 ab
5	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-13-2-1 x CML159	0.0870 ab
11	(CML173 x CLQ6203)x(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-B	0.0857 abc
4	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-24-4-1 x CML 144	0.0854 abc
10	(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-Bx CLQ-RCWQ01	0.0850 abc
8	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-42-4-B x CML 144	0.0842 abc
7	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-14-1-1-1 x CML 144	0.0842 abcd
14	(CML 144 x CML 159)	0.0827 abcd
9	(CLQ6203 x CL-RCW01)-B-46-2-1-B-1 x CML159	0.0818 abcd
12	(CML173 x CLQ6203)x CLQ-RCWQ01	0.0808 bcd
2	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-7-1-2-4-B- x CML159	0.0803 cd
13	(CML 150 x CLQ 6203)	0.0784 d
16	Genotec M658	0.0631 e
15	Genotec M625	0.0553 f

DMS = 0.0064

Por otra parte, con respecto a la interacción genotipo-ambiente los modelos de Eberhart y Russell (1966) y AMMI detectaron diferencias significativas al 1%, mientras que el modelo de Cruz (1990) detecto diferencias al 5%. Esto indica que los genotipos tienen una respuesta diferencial a los ambientes de prueba. La prueba de no-aditividad, de acuerdo a Cruz (1990), se presenta en el

Cuadro 14A, dicha prueba resultó no significativa mientras que las desviaciones de regresión fueron significativas. Lo anterior indica que no existe diferencia significativa entre los coeficientes de regresión y que el modelo no fue apropiado; la suma de cuadrados de regresión solo explicó el 15.16% de la suma de cuadrados correspondiente a la interacción.

En el Cuadro 22 se presentan las estimaciones de los diferentes parámetros y los promedios de del contenido de triptofano en % para grano. En dicho cuadro, de acuerdo al criterio de Carballo y Márquez (1970), con respecto a los parámetros de Eberhart y Russell (1966), clasifican a todos los genotipos como estables ya que no existió diferencia significativa para los coeficientes de regresión ni para las desviaciones de regresión ( $b_i=1$  y  $S^2_{di} = 0$ ).

Para el modelo multiplicativo se observa que las  $D_k$ , a excepción de la entrada 11 y 16 (son de sensibilidad promedio y con falta de ajuste al modelo), todas las demás fueron no significativas; esto indica que los genotipos se ajustan al modelo de regresión utilizado por el modelo multiplicativo y que los valores predichos se ajustan a los valores esperados y califica prácticamente a todos los genotipos como sensibles con respecto a este parámetro por lo que se considera que el modelo es adecuado para explicar la interacción genético ambiental de los genotipos. Se observa también que las entradas por sus  $b_i$ 's fueron no significativas dado que el valor de la prueba de nulidad del coeficiente de regresión fue de 0.85295 valor mayor que todas las  $b_i$ 's calculadas; esto indica que prácticamente los genotipos no tienen pendiente diferente y son de sensibilidad promedio.

Como ya se explicó con anterioridad, los genotipos con coeficientes de regresión negativos tienen una mayor respuesta para contenido de triptofano en ambientes desfavorables y los de coeficientes de regresión positivos tienen una mayor respuesta para contenido de triptofano en ambientes favorables.

Cuadro 22. Diferentes parámetros e índices para la clasificación de la estabilidad del contenido de triptofano y su significancia. P-V 2003.

Entrada	Triptofano (%)	$b_i$	$S^2_{d_i}$	$b_k$	$D_k$	L	$(W^2)$
1	<b>0.0882</b>	1.808E-05 ns	0.76776 ns	-0.2322 ns	0.0004 ns	0.03016*	0.000214
6	<b>0.0882</b>	0.0002008 ns	0.98727 ns	-0.0127 ns	3.2E-05ns	0.02298*	0.000018 <sup>c</sup>
3	<b>0.0872</b>	1.725E-05 ns	1.03675 ns	0.03675 ns	3.3E-05ns	0.02706*	0.000019 <sup>c</sup>
5	<b>0.0870</b>	9.533E-05 ns	1.06470 ns	0.0647 ns	0.00012ns	0.03076*	0.000070 <sup>c</sup>
11	<b>0.0857</b>	0.0002944 ns	0.21107 ns	-0.7889 ns	0.00059 *	0.03335	0.000405
4	<b>0.0854</b>	6.041E-05 ns	1.43992 ns	0.43992 ns	0.00019ns	0.04300	0.000142
10	<b>0.0850</b>	1.802E-05 ns	0.38901 ns	-0.611 ns	0.00038ns	0.02743*	0.000249
8	<b>0.0842</b>	5.143E-05 ns	1.47371 ns	0.47372 ns	3.1E-05ns	0.03819	0.000065 <sup>c</sup>
7	<b>0.0842</b>	0.0001895 ns	1.11119 ns	0.1112 ns	1E-04ns	0.03530	0.000052 <sup>c</sup>
14	<b>0.0827</b>	0.000152 ns	0.95498 ns	-0.045 ns	0.00017ns	0.03333	0.000082
9	<b>0.0818</b>	0.0001413 ns	0.72659 ns	-0.2734 ns	0.0003ns	0.03425	0.000167
12	0.0808	6.721E-05 ns	0.80462 ns	-0.1954 ns	0.00028ns	0.03668	0.000152
2	0.0803	8.507E-05 ns	1.37163 ns	0.37164 ns	0.00013ns	0.04364	0.000097
13	0.0784	0.0001258 ns	1.47241 ns	0.47241 ns	0.00025ns	0.04387	0.000163
16	0.0631	0.0006371 ns	0.93323 ns	-0.0668 ns	0.00127**	0.05975	0.000573
15	0.0553	0.0001272 ns	1.25507 ns	0.25508 ns	0.00025ns	0.04607	0.000098

\*= significativo 5%, ns = no significativo \* = estable para L, <sup>c</sup> = consistente para W,  $b_i$  y  $S^2_{d_i}$  = coeficientes de correlación y desviaciones de regresión de Eberhart y Russell,  $b_k$  y  $D_k$  = desviaciones de regresión de Cruz y L y  $(W)^2$  = índices de Langer y Wricke.

En el Cuadro 22 se puede apreciar que únicamente las últimas tres entradas no cumplen el requisito de contenido de calidad de triptofano (0.08 %); esto quiere decir que a pesar de que el ambiente interacciona con el genotipo para este caso, cuando menos, las características de calidad se conservan prácticamente al parecer para todos los genotipos ya que las entradas 15 y 16, corresponden a los testigos de endospermo normal.

Al efectuar el análisis mediante el modelo aditivo multiplicativo AMMI, se encontraron los resultados que se presentan en la Figura 9. Se pueden ver que las entradas 3, 6, 5, 15 y 9 fueron

los genotipos más estables que a excepción de la entrada 15, se encuentran dentro de los de mayor contenido de triptofano según la separación de medias del análisis combinado, mientras que los de mayor respuesta se encuentran en las aristas del polígono (16, 13, 8, 4, 1 y 11) y el mejor ambiente (S2) fue el de Agua Fría, siendo éste ambiente en el que se aglomera el mayor número de genotipos. Con estos resultados se puede decir, que existió una similitud en cuanto al mejor ambiente se refiere para la generación de los aminoácidos lisina y triptofano ya que los genotipos tuvieron una mayor respuesta para estas variables en el ambiente de Agua Fría, sugiriendo esto que efectivamente, existe una fuerte relación entre los genes que sintetizan dichos aminoácidos.

Cabe señalar que los genotipos de las entradas 4, 8 y 11 son algunos de los genotipos de mayor respuesta que corresponden a los de mayor contenido de triptofano y se encuentran dentro del primer grupo de la separación de medias del análisis combinado.

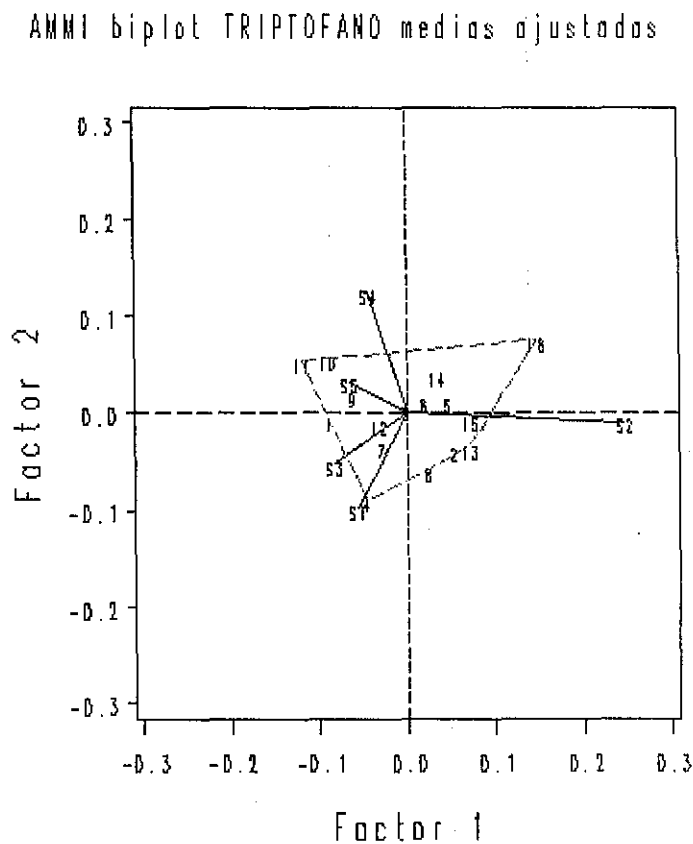


Figura 9. AMMI biplot para estabilidad del contenido de triptofano



Al clasificar los genotipos mediante las metodologías de Langer (1979) y Wricke (1964) , resultó lo siguiente: las entradas clasificadas como estables y consistentes para contenido de triptofano fueron la 3 (CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-1 x CML159; 5 (CLQ 6203 x CL -04321)-B-13-2-1 x CML159; y 6 (CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-3-1 x CML 144 encontrándose éstas dentro del primer grupo más alto de contenido de triptofano y solamente la entrada 6, es de las más rendidoras de grano, de contenido de lisina y triptofano y se encuentra dentro del primer grupo de la separación de medias de todas las variables mencionadas con anterioridad. Las entradas de mayor contenido de triptofano corresponden altamente con las entradas de mayor contenido de lisina, sugiriendo que los genes que determinan la síntesis de estos aminoácidos se encuentran muy relacionados entre sí.

Finalmente en el Cuadro 22 puede observarse que las entradas 3 (CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-1 x CML159; 5 (CLQ 6203 x CL -04321)-B-13-2-1 x CML159; y 6 (CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-3-1 x CML 144 fueron clasificadas por todos los parámetros e índices como estables y consistentes, éstas se encuentran dentro del primer grupo de clasificación de mayor contenido de triptofano. Para el caso de la entrada 1 (CLQ 6203 x CL -04321)-B-21-1-1-1 x CML 144 únicamente el índice  $W^2$  no la clasifica como consistente de tal manera que a esta la clasifican 3 métodos como estable. Puede concluirse que los diferentes métodos de clasificación de la estabilidad para triptofano difieren entre sí ya que no coinciden en la clasificación de los genotipos.

De manera similar que el contenido de lisina, los genotipos conservan prácticamente el índice de calidad de contenido de triptofano (0.08 %) a excepción de la entrada 13. Sin embargo la clasificación de la estabilidad y de la diferencia entre las medias con respecto al contenido de triptofano se pueden deber primeramente al genotipo y posteriormente a la adaptabilidad de los genotipos a los ambientes, ya que como se ha indicado en apartados anteriores, las variables ambientales así como los niveles diferentes de fertilización para cada una de las zonas de evaluación pueden ser influyentes en la respuesta de los genotipos para la síntesis de triptofano.

En el Cuadro 23 se pueden ver los porcentajes promedio de triptofano obtenidos por localidad. En este puede observarse como las entradas 15 y 16 fueron los porcentajes más bajos (excepto para la

segunda localidad, entrada 16) dado que éstas pertenecen a los testigos. Los porcentajes más altos se presentaron en la primera localidad (entradas 1 y 4), mientras que por localidad, el mayor porcentaje del contenido de triptofano se obtuvo en Cotaxtla, seguido por Agua Fría y Campeche, La Huerta y finalmente, Zapopan.

Cuadro 23. Medias de porcentajes de triptofano en grano completo por localidad.

Entrada	Cotaxtla	Agua Fría	Campeche	Zapopan	La Huerta
1	0.100	0.080	0.098	0.082	0.084
2	0.088	0.095	0.085	0.068	0.077
3	0.093	0.093	0.091	0.080	0.082
4	0.100	0.086	0.099	0.073	0.083
5	0.093	0.098	0.089	0.079	0.079
6	0.094	0.095	0.092	0.080	0.080
7	0.093	0.087	0.096	0.074	0.085
8	0.093	0.095	0.095	0.072	0.080
9	0.085	0.081	0.097	0.075	0.082
10	0.092	0.077	0.092	0.083	0.080
11	0.094	0.075	0.096	0.083	0.092
12	0.096	0.082	0.081	0.073	0.082
13	0.086	0.093	0.080	0.068	0.067
14	0.085	0.091	0.085	0.077	0.071
15	0.060	0.069	0.057	0.047	0.049
16	0.060	0.088	0.060	0.055	0.060

#### 4.11 Coeficientes de correlación (r) de diferentes parámetros de la variable contenido de triptofano

Para tener la certeza estadística acerca de cuales parámetros e índices tienen una mayor correlación, se calculó una correlación múltiple entre éstos cuyos resultados se encuentran en el Cuadro 24. Se observa que existió correlación negativa del contenido de triptofano con los demás parámetros e índices, siendo la correlación más alta con el índice L con una alta probabilidad (0.0008). Para el caso de la  $b_i$ , correlacionó positivamente con L y ( $W^2$ ) siendo más alta con éste último índice (0.73491) a la probabilidad indicada, mientras que con  $S^2d_i$  tuvo una correlación negativa sin ser significativa;  $S^2d_i$  se correlacionó positivamente únicamente con L (0.40348) a una probabilidad baja (0.1212) y correlacionó negativamente con  $W^2$  con un valor bajo de

correlación -0,48878 con probabilidad de 5.47%. Por lo que respecta a L, tuvo correlaciones positivas con todos los índices y parámetros a excepción del contenido de triptofano siendo las correlaciones más altas con  $b_i$  (0.58720) con una probabilidad de (0.0168) y con  $(W^2)$  con un coeficiente de correlación de 0.5255 y probabilidad de 0.0365.

Los resultados anteriores sugieren que L y  $W^2$  pueden sustituir al parámetro  $b_i$  cuando las correlaciones sean altas, positivas y significativas, no ocurre así para los demás parámetros e índices.

Cuadro 24. Coeficientes de correlación y su probabilidad entre diferentes metodologías para clasificar la estabilidad del contenido de triptofano. P-V 2003.

	<b>Triptofano</b>	<b><math>b_i</math></b>	<b><math>S^2_{di}</math></b>	<b>L</b>	<b><math>(W^2)</math></b>
<b>Triptofano</b>	1.00000	-0.48409 (0.0574)	-0.20099 (0.4554)	-0.74989 (0.0008)	-0.35067 (0.1830)
<b><math>b_i</math></b>		1.00000	-0.17709 (0.5118)	0.58720 (0.0168)	0.73491 (0.0012)
<b><math>S^2_{di}</math></b>			1.00000	0.40348 (0.1212)	-0.48878 (0.0547)
<b>L</b>				1.00000	0.52559 (0.0365)
<b><math>(W^2)</math></b>					1.00000

$b_i$  y  $S^2_{di}$  = coeficientes de correlación y desviaciones de regresión de Eberhart y Russell, L y  $(W^2)$  = índices de Langer y Wricke.

#### 4.12 Análisis de la estabilidad de la dureza de grano

El análisis de varianza propuesto por Eberhart y Russell (1966) y el análisis multiplicativo sugerido por Cruz así como el AMMI para la clasificación de los genotipos con respecto a su estabilidad y consistencia se presenta en los cuadros 15A, 16A y 17A respectivamente. Se observa que para ambientes, genotipos y para la interacción genotipos por ambiente existió diferencia altamente significativa a la probabilidad indicada, (el AMMI no detectó diferencias para ambientes). Esto significa que los genotipos son diferentes y tienen un comportamiento diferencial con el ambiente. En el Cuadro 25 se pueden observar la comparación múltiple de medias de genotipos. Se puede observar que se formaron 9 grupos diferentes siendo la entrada 13

(calificación de 2.3) la menos dura y diferente de todas las demás; las de mayor dureza, como era de esperarse, fueron los testigos con número de entrada 15 y 16, (1.50 y 1.45 respectivamente) siendo el último de éstos el de mayor dureza y diferente significativamente de los demás. Se nota también que el probador CML 144 participa en la formación de los genótipos de mayor dureza (entradas 7, 6 y 1) lo que hace pensar que la aptitud para la transmisión de la característica de dureza pudiera deberse en mayor proporción a este probador comparado con los demás.

Cuadro 25. Separación de medias de dureza de grano del análisis conjunto. P-V 2003.

Entrada	Genealogía	Medias dureza (calificación 1-5)
13	(CML 150 x CLQ 6203)	2.3000 a
5	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-13-2-1 x CML159	2.2500 ab
9	(CLQ6203 x CL-RCW01)-B-46-2-1-B-1 x CML159	2.2000 abc
2	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-7-1-2-4-B- x CML159	2.1000 abcd
4	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-24-4-1 x CML 144	2.0500 bcd
10	(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-Bx CLQ-RCWQ01	2.0000 cde
11	(CML173 x CLQ6203) x(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-B	2.0000 cde
8	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-42-4-B x CML 144	1.9500 def
3	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-1 x CML159	1.9500 def
14	(CML 144 x CML 159)	1.9500 def
7	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-14-1-1-1 x CML 144	1.8000 efg
6	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-3-1 x CML 144	1.7500 fg
1	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-21-1-1-1 x CML 144	1.7000 gh
12	(CML173 x CLQ6203)x CLQ-RCWQ01	1.6500 ghi
15	Genotec M625	1.5000 hi
16	Genotec M658	1.4500 i

DMS 5% = 0.2061

La prueba de no aditividad del análisis multiplicativo según Cruz (1990) se puede observar en el Cuadro 18A. Dicha prueba fue altamente significativa (1%), es decir se rechaza  $H_0: B_k = 0$ , lo que

quiere decir que existen diferencias de las pendientes entre los  $b_i$ 's que como podrá observarse más adelante al realizar la prueba de significancia para los coeficientes, solo uno resultó diferente.

En el Cuadro 26 se presentan las estimaciones de los diferentes parámetros e índices así como los promedios de la dureza de endospermo. Se puede observar que las desviaciones de regresión ( $S^2_{di}$ ) y los ( $b_i$ ) no tuvieron diferencias significativas, lo que significa que los genotipos tienen un comportamiento igual a su recta de regresión ajustada en cuanto a la dureza de grano por lo que su comportamiento es similar entre ellos y según lo señala Eberhart y Russel (1966) son estables ya que las desviaciones de regresión son iguales que cero y sus  $b_i$ 's igual a 1.

En base al criterio de Cruz (1990), al realizar el ajuste por regresión del modelo multiplicativo, se encontró que las  $b_k$ 's fueron no significativas a excepción de la entrada 6, dado que el valor de la prueba de nulidad de  $b_k$ , (1.54129) fue mayor que los  $b_k$ 's obtenidos, por lo tanto para los  $b_k$ 's no significativos no existe pendiente y se consideran genotipos con una sensibilidad promedio. Se encontró que los genotipos con entradas 1, 4, 6, 7, 11, 12, 15 y 16, no se ajustaron al modelo de regresión dado que sus  $D_k$ 's fueron significativas; esto sugiere que el modelo multiplicativo es medianamente adecuado para explicar la interacción genotipo ambiente dado que las desviaciones de regresión observadas no se ajustan a las observaciones predichas en el 50% de los genotipos, además de que se encontró que la interacción genotipo por ambiente fue explicada en solo 21.26 %.

De manera general se puede decir que aquellos genotipos con coeficientes  $b_k$  negativos tienden a desarrollar mayor dureza en ambientes desfavorables y los positivos tienden a desarrollar una mayor dureza en ambientes favorables. Las entradas 13, 5, 9, 2, 8 y 14 son de sensibilidad promedio y tienen buen ajuste al modelo, mientras que las entradas 4, 7, 1 y 12 son de sensibilidad promedio pero con falta de ajuste y responden bien a malos ambientes; por lo que respecta a las entradas 10 y 3 son de sensibilidad promedio, se ajustan al modelo y tienen buena respuesta a los ambientes malos; la entrada 11 es de sensibilidad promedio, tiene buena respuesta a ambientes buenos y no se ajusta al modelo; y finalmente, la entrada 6, responde bien en malos ambientes y no tiene ajuste al modelo.

Cuadro 26. Diferentes parámetros e índices para la clasificación de la estabilidad de la dureza de grano. P-V 2003.

Entrada	Media	$b_i$	$S^2_{d_i}$	$b_k$	$D_k$	L	$(W^2)$
13	2.3000	0.0062ns	2.07412ns	1.0741ns	0.0369ns	1.2442	0.4865
5	2.2500	0.0088ns	1.50536ns	0.5053ns	0.0526ns	1.0004	0.3104
9	2.2000	0.0086ns	2.303281ns	1.3032ns	0.0515ns	1.5038	0.6566
2	2.1000	0.0050ns	1.486118ns	0.4861ns	0.0299ns	1.0026	0.1732*
4	2.0500	0.0164ns	0.919497ns	-0.0805ns	0.0985*	0.4749*	0.4073
10	2.0000	0.0006ns	0.795972ns	-0.2040ns	0.0040ns	0.5012*	0.0271*
11	2.0000	0.0109ns	1.140662ns	0.1406ns	0.0655*	0.9762	0.2310*
8	1.9500	0.0067ns	1.513964ns	0.5139ns	0.0402ns	1.0014	0.1815*
3	1.9500	0.0020ns	0.096131ns	-0.9039ns	0.0125ns	0.2596*	0.2011*
14	1.9500	0.0019ns	1.719880ns	0.7198ns	0.0111ns	1.0014	0.1212*
7	1.8000	0.0210ns	0.508001ns	-0.492ns	0.1261*	0.7629	0.4948
6	1.7500	0.0183ns	1.045520ns	-2.0455 *	0.1100*	-0.5012*	1.0456
1	1.7000	0.0439ns	0.359568ns	-0.6404ns	0.2634*	0.9994	0.9305
12	<b>1.6500</b>	0.0364ns	0.654022ns	-0.3460ns	0.2189*	0.9994	0.6901
15	<b>1.5000</b>	0.0462ns	0.820353ns	-0.1796ns	0.2777*	0.9994	0.7628
16	<b>1.4500</b>	0.0371ns	1.148570ns	0.1485ns	0.2226*	0.9994	0.5896

\*= significativo 5%, ns = no significativo \* = estable para L,  $\hat{c}$  = consistente para  $W^2$ ,  $b_i$  y  $S^2_{d_i}$  = coeficientes de correlación y desviaciones de regresión de Eberhart y Russell,  $b_k$  y  $D_k$  = desviaciones de regresión de Cruz y L y  $(W^2)$  = índices de Langer y Wricke.

En la Figura 10 se puede ver la clasificación de los genotipos con respecto a la estabilidad por el método AMMI. Se puede apreciar que los genotipos más estables son aquellos que corresponden a las entradas 7, 9, 10, 15, 8, 5 y 11, mientras que los genotipos menos estables corresponden a las entradas 2, 13, 6, 16 y 14; el resto se pueden considerar como de estabilidad promedio. El mejor ambiente para esta variable fue el de Zapopan (S4), y el peor el de Campeche (S3). Los genotipos de mayor repuesta fueron los correspondientes a las entradas 13, 15, 16, 3 y 2.

Para esta variable, los métodos de Eberhart y Russell (1966), el multiplicativo de Cruz (1990) y el AMMI clasifican a las entradas 5 (CLQ 6203 x CL -04321)-B-13-2-1 x CML159; 8 (CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-42-4-B x CML 144 y 9 (CLQ6203 x CL-RCW01)-B-46-2-1-B-1 x CML159 como estables, y de éstas Wricke (1964) clasifica a la entrada 8 como consistente; en otras palabras, Langer (1979) y Wricke (1964) no clasificaron a los genotipos como estables y consistentes. De esta manera, se sugiere que las dos últimas metodologías no se usen para la clasificación conjunta de la estabilidad de la dureza de grano por la falta de coincidencias que presentaron cuando menos en este estudio.

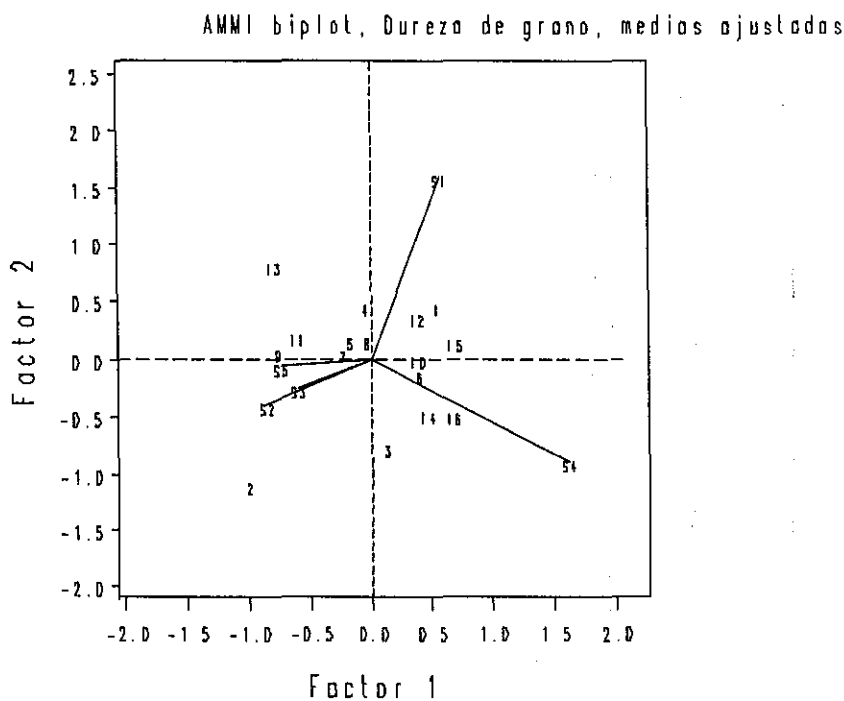


Figura 10. Biplot AMMI para estabilidad de dureza de grano.

Por otra parte, solamente la entrada 8, se encuentra dentro de las de mayor rendimiento; sin embargo, la dureza que presentan en promedio los genotipos de manera general es calificada dentro del rango de aceptabilidad.

La dureza de grano se debe a la forma de los almidones en el endospermo (Poey 1975); cuando éstos son de forma de cristales, la dureza del grano es mayor que cuando los almidones son de forma granular; esto se relaciona también con el contenido de aceite ya que cuando los almidones

son gránulos, los granos de maíz son suaves y harinosos mientras que de otra manera, los granos son duros y aceitosos. Así, las diferencias detectadas en la separación de medias en cuanto a la dureza, se pudieron deber a la capacidad genética de los genotipos para sintetizar una mayor o menor cantidad de almidones con estructura de cristal o de gránulos de acuerdo a las condiciones ambientales prevalecientes en cada sitio de evaluación, ya que dependería de la capacidad de adaptación de los genotipos a los ambientes para la producción de una mayor cantidad de almidones de uno o de otro tipo además de su constitución genética.

Es importante hacer notar que todos los genótipos tuvieron una dureza de grano aceptable, es decir, no hubo genótipos completamente suaves (con calificación 5) ya que la constitución física de los granos prácticamente fue cristalina, característica deseable por los productores de este grano.

#### **4.13 Coeficientes de correlación (r) entre los diferentes parámetros y la variable dureza de grano**

En la correlación múltiple calculada se obtuvieron los resultados que se presentan en el Cuadro 27; se puede observar que la dureza tiene alta correlación negativa con  $b_i$  (-0.8134) a una probabilidad altamente significativa (0.0001), y la más alta correlación positiva la tuvo con  $S^2d_i$  (0.57550) con una probabilidad altamente significativa (0.0197); sin embargo, con L aunque la correlación fue positiva es muy baja (0.20856), así como también su probabilidad (0.4383). La dureza con  $(W^2)$  correlacionó negativamente y no fue significativa. Por otro lado,  $b_i$  tuvo la más alta correlación positiva y altamente significativa con  $(W^2)$  y muy baja correlación con L y no significativa, y correlacionó negativamente con  $S^2d_i$  no siendo significativa. En lo que respecta a  $S^2d_i$  tuvo la correlación más alta con la dureza y con L (0.57550 y 0.50671 respectivamente) aunque con probabilidades no significativas (0.4383 y 0.0452 respectivamente). El índice L con  $(W^2)$  tuvo una correlación negativa y probabilidad no significativa. Si se considera que L clasifica estabilidad y  $(W^2)$  consistencia, entonces estos índices no podrían sustituir para este caso a los parámetros de Eberhart y Russell (1966) ya que éstos tienen baja correlación y una probabilidad no significativa con  $b_i$  y con  $S^2d_i$ ; esta variable no sigue la tendencia de las demás, es decir, que las correlaciones entre  $b_i$  y L, y  $S^2d_i$  con  $W^2$  no fueron significativas por lo que no se sugiere utilizar el método jerarquizado para la dureza de grano.



Cuadro 27. Coeficientes de correlación y su probabilidad entre diferentes metodologías para clasificar la estabilidad de la dureza de grano.

	Media	bi	S <sup>2</sup> di	L	(W <sup>2</sup> )
Media	1.00000	-0.81341 (0.0001)	0.57550 (0.0197)	0.20856 (0.4383)	-0.50572 (0.0457)
bi		1.00000	-0.42530 (0.1005)	0.08796 (0.7460)	0.74401 (0.0010)
S <sup>2</sup> di			1.00000	0.50671 (0.0452)	-0.15300 (0.5716)
L				1.00000	-0.16766 (0.5348)
(W <sup>2</sup> )					1.00000

b<sub>i</sub> y S<sup>2</sup><sub>di</sub> = coeficientes de correlación y desviaciones de regresión de Eberhart y Russell, L y (W<sup>2</sup>) = índices de Langer y Wricke.

#### 4.14 Análisis de estabilidad de la proteína total en grano

En los cuadros 19A, 20A y 21A, se presentan los análisis de varianza conjuntos para los métodos propuestos por Eberhart y Russell (1966), Cruz (1990) y el AMMI. En estos cuadros se puede observar que existió diferencia altamente significativa para los genotipos y ambientes, y para genotipos por ambientes, con excepción del modelo de Eberhart y Russell (1966) para genotipos. Esto significa que los genotipos reaccionaron de manera diferencial en los ambientes de prueba. En el Cuadro 28 se presenta la prueba de comparación múltiple de medias de genotipos al 5% de probabilidades. De los híbridos evaluados se formaron seis grupos, dentro del primer grupo se distingue la entrada 6 por ser significativamente diferente a todas (10.04%) y la entrada 2 por ser la de menor contenido (8.85%).

Como se ha mencionado se nota, cómo las líneas derivadas de las poblaciones originales (CLQ 6203 x CL-RCW01) por el probador CML 144 dan las combinaciones de mayor contenido de proteína en grano a través de los ambientes; esto quizás se deba a que éstas combinaciones tienen la mayor aptitud combinatoria para este carácter o a que estas combinaciones tienen una mejor respuesta para la síntesis de proteína en grano en estos ambientes.

La prueba de no aditividad según Cruz (1990), se presenta en el Cuadro 22A. Se puede ver que no existió diferencia significativa, lo que sugiere que no existen diferencias estadísticas entre los  $b_k$ 's, es decir son no significativos; sin embargo al realizar la correspondiente prueba de t entre los coeficientes y las desviaciones de regresión, existió falta de ajuste de algunos de los genotipos al modelo.

Cuadro 28. Separación de medias para contenido total de proteína en grano del análisis conjunto. P-V 2003.

Entrada	Genealogía	Medias proteína en grano (%)
6	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-3-1 x CML 144	10.04 a
7	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-14-1-1-1 x CML 144	9.94 ab
4	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-24-4-1 x CML 144	9.92 ab
1	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-21-1-1-1 x CML 144	9.89 ab
11	(CML173 x CLQ6203)x(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-B	9.79 abc
3	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-43-1 x CML159	9.68 abcd
10	(CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-Bx CLQ-RCWQ01	9.67 abcd
15	Genetic M625	9.64 abcd
8	(CLQ 6203 x CL-RCW01)-B-42-4-B x CML 144	9.56 abcd
9	(CLQ6203 x CL-RCW01)-B-46-2-1-B-1 x CML159	9.48 bed
16	Genetic M658	9.34 cde
14	(CML 144 x CML 159)	9.33 cde
5	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-13-2-1 x CML159	9.26 def
12	(CML173 x CLQ6203)x CLQ-RCWQ01	9.25 def
13	(CML 150 x CLQ 6203)	8.92 ef
2	(CLQ 6203 x CL -04321)-B-7-1-2-4-B- x CML159	8.85 f

DMS 5% = 0.0782

En el Cuadro 29 se presentan las estimaciones de los diferentes parámetros y los promedios de contenido de proteína total en grano. De acuerdo al criterio de Eberhart y Russell (1966) se puede observar que solo las entradas 11, 16 y 14 presentaron sus coeficientes de regresión y sus desviaciones igual a 1 y 0 respectivamente, lo que las clasifica como genotipos estables.

Cuadro 29. Diferentes parámetros e índices para la clasificación de la estabilidad del contenido de proteína total en grano. P-V 2003.

Entrada	(%) Proteína	$b_i$	$S^2d_i$	$b_k$	$D_k$	L	$(W^2)$
6	10.04	1.3855ns	0.0123**	0.38556 ns	0.07459 ns	0.1061	1.53816
7	9.94	1.5662ns	0.0043*	0.56627 ns	0.02733 ns	0.0790	0.85191 <sup>c</sup>
4	9.92	1.2664ns	0.0048**	0.2665 ns	0.02984 ns	0.0802	0.68758 <sup>c</sup>
1	9.89	0.5947ns	0.0167**	-0.4052 ns	0.10083 *	0.0807	2.06049
11	9.79	0.1791ns	0.0016ns	-0.8208 ns	0.00984 ns	0.0266*	0.72416 <sup>c</sup>
3	9.68	0.6959ns	0.0096**	-0.3041 ns	0.05793 ns	0.0703	1.21711
10	9.67	0.8801ns	0.0103**	-0.1198 ns	0.0623 ns	0.0759	1.18852
15	9.64	1.4989ns	0.0198**	0.49897 ns	0.11975 *	0.1168	2.40125
8	9.56	1.6752ns	0.0063**	0.67523 ns	0.03922 ns	0.0938	1.15588
9	9.48	0.6124ns	0.0083**	-0.3875 ns	0.05038 ns	0.0627*	1.06927
16	9.34	-1.1897ns	0.0010ns	-2.1897 *	0.0066 ns	0.0650*	4.14151
14	9.33	1.4576ns	0.0020ns	0.45768 ns	0.01312 ns	0.0840	0.39389 <sup>c</sup>
5	9.26	1.3020ns	0.0267**	0.30206 ns	0.16131*	0.1165	3.17351
12	9.25	0.3489ns	0.0072**	-0.651 ns	0.04348 ns	0.0542*	1.14280
13	8.92	2.4430ns	0.0059**	1.44306 *	0.03814 ns	0.1486	2.10561
2	8.85	1.2828ns	0.0184**	0.2829 ns	0.1113 *	0.1015	2.02483

\*= significativo 5%, ns = no significativo \* = estable para L, <sup>c</sup> = consistente para  $W^2$ ,  $b_i$  y  $S^2d_i$  = coeficientes de correlación y desviaciones de regresión de Eberhart y Russell,  $b_k$  y  $D_k$  = desviaciones de regresión de Cruz y L y  $(W^2)$  = índices de Langer y Wricke.

Lo anterior significa que los genotipos tienen un comportamiento igual a su recta de regresión ajustada, por lo que su comportamiento es similar entre ellas; los demás genotipos se considera que tienen buena respuesta en todos los ambientes pero inconsistentes ya que sus  $b_i$  son iguales que 1 y sus  $S^2d_i$  son mayores que 0. Con base en el criterio de Cruz (1990) resultó que los coeficientes de regresión ( $b_k$ ) fueron no significativos a excepción de las entradas 13 y 16, ya que la prueba de nulidad de  $b_k$  resultó ser igual a 1.1705 valor que fue mayor a los  $b_k$ 's obtenidos. lo anterior significa que no existe pendiente entre los genotipos a excepción de los ya mencionados.

Las entradas 6, 7, 4, 11, 3, 10, 8, 9 y 12, con  $b_k$  y  $D_k$  no significativas son genotipos con sensibilidad promedio y buen ajuste al modelo; mientras que los que tienen una  $b_k$  significativa y una  $D_k$  no significativa (entradas 16 y 13) tienen una mejor respuesta en ambientes favorables con sensibilidad positiva y con buen ajuste. Las entradas 1, 15, 5 y 2, con una  $b_k$  no significativa y una  $D_k$  significativa, son genotipos con sensibilidad promedio pero con falta de ajuste al modelo.

En lo que respecta a la suma de cuadrados y la prueba de Gollob para el modelo AMMI, en el Cuadro 23A se puede apreciar que los dos primeros términos AMMI del porcentaje acumulado, solo explican el 63% de la suma de cuadrados, por lo que a manera de conclusión para este modelo en esta variable, se deduce que para la explicación de la interacción genotipo por ambiente no se recomienda su uso cuando menos en las condiciones similares en las que se realizó este estudio. El AMMI, no obstante la respuesta de los genotipos a través de los ambientes según se puede apreciar en la figura 11, clasifica a los genotipos pertenecientes a las entradas 12, 11, 9, 13, 2 y 8, como más estables, mientras que los genotipos menos estables correspondieron a las entradas 16, 3, 5, 10, 6 y 1. Las entradas faltantes se consideran como genotipos de estabilidad promedio. Los genotipos de mayor respuesta al contenido de proteína total en grano fueron las entradas 16, 3, 5 y 13. Los mejores ambientes para la manifestación de ésta característica fueron el de La Huertay el de Agua Fría.

De manera conjunta Langer (1979) y Wricke (1964) clasifican a la entrada 11 como estable y consistente, confirmando lo que hasta ahora ha sucedido con las demás variables: Langer (1979) y Wricke (1964) de manera conjunta son más estrictos que los métodos paramétricos usados para la clasificación de la estabilidad y consistencia basado en el número de genotipos clasificados como tales.

Según lo menciona Poey (1975), las condiciones ambientales que favorecen o afectan el rendimiento lo hacen generalmente modificando la producción de almidones y por lo tanto variando el contenido relativo de proteína; así se pudiera considerar que los contenidos de almidones variaron en los genotipos en las diferentes localidades y esto ocasiono además de la influencia del genotipo, las diferencias observadas en el contenido de proteína y en la prueba de separación de medias.

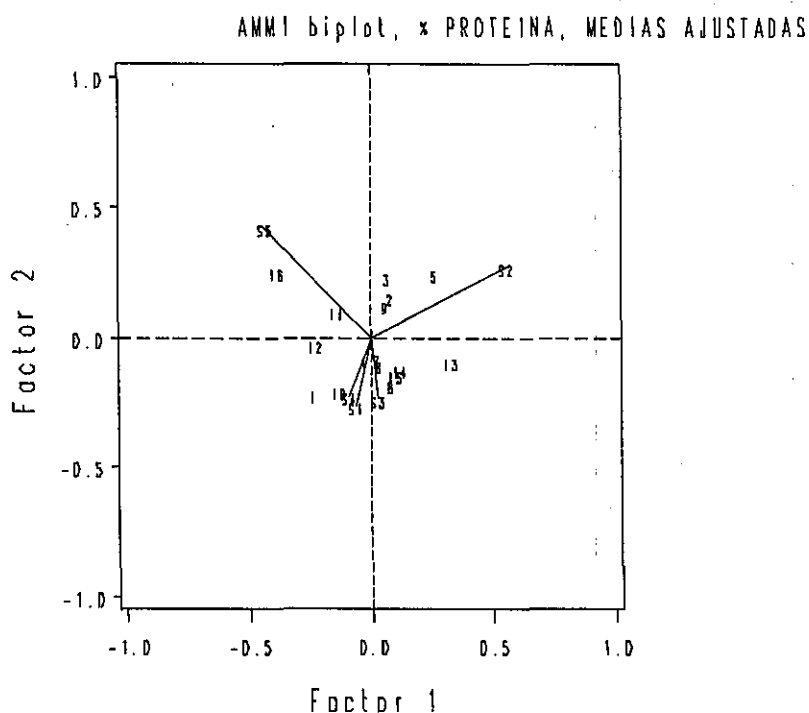


Figura 11. AMMI biplot para estabilidad del contenido de proteína total en grano.

La clasificación de la estabilidad de los genotipos por los diferentes procedimientos coincidieron en clasificar a la entrada 11 (CML173 x CLQ6203) x (CML264Q(BC3)-F2(43)-B-1-B) como estable. Esto, de manera similar que con las demás variables, nos da una idea de cómo los diferentes procedimientos usados en este trabajo no tuvieron de manera conjunta alta coincidencia al clasificar el comportamiento de los genotipos por su estabilidad a través de los ambientes de manera diferente.

Para este caso y para todas las demás variables, la falta de correlación o respuesta no correlacionada se puede presentar en el mejoramiento integral del maíz entre factores de rendimiento y de valor nutritivo; así, los ambientes adversos pueden limitar la variación posible o

máxima sobre el contenido de proteína que no logre expresarse adecuadamente por causa del metabolismo forzado que ocasiona ese ambiente según lo señala Poey (1975).

#### 4.15 Coeficientes de correlación de los diferentes procedimientos para contenido total de proteína en grano.

Para tener la certeza de la correlación que existe entre los resultados de los diferentes modelos en la clasificación de los genotipos, se realizó una correlación múltiple para tratar de encontrar la relación entre estos.

En el Cuadro 30 se presentan éstos resultados. Se puede ver que el contenido de proteína tuvo un coeficiente de correlación positivo únicamente con  $W^2$  con una probabilidad baja y con los demás parámetros sus coeficientes fueron negativos.

Cuadro 30. Coeficientes de correlación y su probabilidad entre diferentes metodologías para clasificar la estabilidad del contenido de proteína total de grano. P-V 2003.

	Media	$b_i$	$S^2d_i$	L	$(W^2)$
Media	1.00000	-0.62270 (0.1353)	-0.31155 (0.4525)	-0.25873 (0.5361)	0.33274 (0.4206)
$b_i$		1.00000	0.10583 (0.8213)	0.92889 (0.0025)	-0.62624 (0.1324)
$S^2d_i$			1.00000	0.93565 (0.0006)	-0.93338 (0.0007)
L				1.00000	-0.99660 (<.0001)
$(W)^2$					1.00000

$b_i$  y  $S^2d_i$  = coeficientes de correlación y desviaciones de regresión de Eberhart y Russell, L y  $(W^2)$  = índices de Langer y Wricke.

Por su parte,  $b_i$  tuvo una correlación positiva con  $S^2d_i$  (0.10583) pero con una baja probabilidad; con L, el coeficiente de correlación fue alto (0.92889) y con probabilidad alta (0.0025); con  $W^2$ , la correlación fue negativa y con probabilidad baja, por lo que L, en este caso, podría sustituir a  $b_i$ ; sin embargo, no se puede decir lo mismo de  $S^2d_i$  con  $W^2$  que clasifican consistencia, ya que su correlación aunque alta, fue negativa (-0.933).

Langer (1979) con Wricke (1964), tienen una correlación alta y negativa; esto se entiende desde el punto de vista que el primero de estos clasifica estabilidad y el otro consistencia; sin embargo, para esta variable, resultó que si se aumenta la estabilidad disminuye la consistencia con una alta probabilidad.

Cabe mencionar que las metodologías utilizadas para la clasificación de los genotipos por su estabilidad tienen ciertas semejanzas; así, por ejemplo, los parámetros de los modelos de Eberhart y Russell (1966) y Cruz (1990) clasifican prácticamente de la misma manera a los genotipos y son los que mayor coincidencia tuvieron, únicamente que la notación de clasificación cambia de, estabilidad, usada por el primero, a sensibilidad, usada por el segundo. Así, cuando menos en este estudio no se encontraron diferencias muy grandes en las clasificaciones de la estabilidad de los genotipos por estas dos metodologías.

El AMMI, cuya clasificación de los genotipos por su estabilidad difiere de los modelos de Eberhart y Russell (1966) y el de Cruz (1990) por la manera que realiza la clasificación dado que es un método que implica tanto al modelo lineal y el multiplicativo (de componentes principales), es una herramienta efectiva que se puede usar para la clasificación de la estabilidad de los genotipos ya que presenta de manera gráfica el comportamiento y la respuesta de los genotipos al medio ambiente y de la misma manera señala los mejores ambientes. Sin embargo, a pesar de que es un modelo de los que coincidieron en mayor porcentaje con los modelos de Eberhart y Russell (1966) y Cruz (1990), en la clasificación de las variables cualitativas no fue efectivo ya que los genotipos de manera general no tuvieron ajuste a este modelo ya que no detectó las interacciones del genotipo por el ambiente.

En lo que respecta a los modelos no paramétricos de Langer (1979) y de Wricke (1964), en este estudio, cuando menos, resultaron ser los más estrictos en la identificación de la estabilidad de todas las variables estudiadas, ya que identificaron un número menor de genotipos estables para todos los casos y fueron los modelos que menos coincidencias tuvieron con respecto a los anteriores modelos. Esto quizás suceda porque éstos se basan principalmente en las diferencias que tienen las medias de los genotipos en cada ambiente y entre ambientes con respecto a una media general y sus varianzas a diferencia de Eberhart y Russell (1966), Cruz (1990) y el AMMI

que toman en consideración la estimación de efectos y varianzas en base a los cuadrados mínimos.



## 5. CONCLUSIONES

El método visual fue efectivo para seleccionar granos de alta calidad de proteína en la generación  $F_2$  al detectar el gen de manera homocigótica recesiva ( $o_2/o_2$ ) en (54%) de los granos analizados y en forma heterocigótica ( $o_2/+$ ) en 24%, que corresponden aproximadamente a lo que debe segregarse una cruce de un gen normal por uno recesivo al ser autofecundada.

Con base en el análisis de un gran número de líneas derivadas de 12 poblaciones  $F_3$  se pudo comprobar que la selección asistida por marcadores moleculares es recomendable en plantas  $F_2$  previa selección visual por la lámpara en semillas  $F_2$ .

Otro aspecto de gran importancia es que los genotipos de alta calidad de proteína pueden ser identificados con base en el análisis de hojas por marcadores moleculares en etapas tempranas de crecimiento y no se requiere esperar a cosechar, seleccionar visualmente los granos y determinar los contenidos de lisina y triptofano en el laboratorio en líneas  $S_3$  o de endogamia mayor.

El tipo de acción génica predominante en rendimiento de grano en las líneas evaluadas fue del tipo aditiva; sin embargo, la variación no-aditiva también fue importante. Se sugiere que las mejores líneas se aprovechen tanto en esquema de selección recurrente o selección recíproca recurrente, así como en programas de hibridación.

En cuanto a la clasificación de los genotipos por su estabilidad se puede concluir que existió variación entre las diferentes metodologías en la clasificación de los genotipos y las coincidencias no fueron muy altas. En cuanto a rendimiento, los métodos más aceptables fueron los de Eberhart y Russell (1966), el modelo multiplicativo propuesto por Cruz (1990) y el modelo AMMI. Se observó también que los métodos no paramétricos de Langer (1979) y Wricke (1964) son los más estrictos en la clasificación de los genotipos.

Con respecto a las correlaciones entre los diferentes parámetros para las diferentes variables, es notorio como  $b_i$  y  $L$  fueron los parámetros que más correlación tuvieron en todas las variables

Para clasificar a los genotipos como estables, proponiendo así que estos dos parámetros sean usados en posteriores clasificaciones de los genotipos por su estabilidad.

Este trabajo no concuerda completamente con Márquez (1992) con respecto a las generalidades que mencionan en cuanto a la correlación negativa entre la media de rendimiento con las desviaciones de regresión así como con los coeficientes de regresión, ya que en este estudio no resultó así para el rendimiento y para la dureza del grano.

Para complicar la situación, no todas las metodologías son aplicables a cualquier variable dado que en varios casos los modelos disponibles no tienen ajustes satisfactorios. Tal es el caso de las variables expresadas como proporciones o escalas cualitativas.

Aún cuando se detectaron diferencias en los contenidos de lisina, triptofano y proteína debido a los efectos ambientales y de interacción, los niveles para los diferentes genotipos seleccionados se mantuvieron dentro de las normas de calidad establecidas en los laboratorios especializados.

Como aportación adicional de este estudio se logró seleccionar de manera jerarquizada con respecto al rendimiento, contenido de lisina, triptofano y proteína total en grano así como por su estabilidad y consistencia, híbridos que reunieron las diferentes características de rendimiento y calidad así como estabilidad. Las entradas de dichos híbridos fueron las siguientes: 1, 6, 8, 10 y 11, sus genealogías se pueden ver en el cuadro 15.

## 6. BIBLIOGRAFIA

- Alexander D E, y Roy G Creech (1977)** Breeding Special Industrial and Nutritional Types. In: Corn and Corn Improvement. American Society of Agronomy, Inc., Publisher. Madison Wisconsin, U.S.A pp. 371.
- Allard R W (1967)** Principios de la Mejora Genética de las Plantas. Ediciones Omega. S.A. pp. 283.
- Ahenkora K, Twumasi-Afryie S, Haag W, Dzah B D (1995)** Ghanaian kenkey from normal and quality protein maize: comparative chemical composition and rat growth trials. Cereal Research Communications. Vol. 23: Cap.3. pp. 299-304.
- Avila G, (2004)** Aptitud combinatoria de líneas y cruza simples y estabilidad de rendimiento de híbridos trilineales de maíz (*Zea mays L.*) en "L Reunión anual Programa Cooperativo Centro Americano para el Mejoramiento de Cultivos y Animales". El Salvador, C.A. p. 138.
- Borlaug N (1994)** The potential impact of quality maize at the global level. In: Quality protein maize 1964-1994. Proceedings of the International symposium on quality protein maize. EMBRAPA/CNPMS, Sete Lagoas, MG, Brazil. December 1-3. p.13.
- Burgeño J, J Crossa, y M Vargas (2000)** SAS Programs for graphing GE and GGE biplots. Biometrics and Statistics Unit. CIMMYT. México
- Carballo C A y F M Sánchez (1970)** Comparación de variedades de maíz del bajo y la mesa central por su rendimiento y estabilidad. Agrociencia, 5:pp.129-146.
- Carrizales M N (2000)** Comparación de índices para clasificar la estabilidad genética en híbridos tropicales de maíz. Tesis Maestro en Ciencias en Manejo de Areas de temporal. Universidad de Guadalajara. Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias.
- CIMMYT (2001)** Maize inbred lines released by CIMMYT
- Comstock R E, y H F Robinson (1952)** Estimation of average dominance of genes. In: J.W Gowen edit. Heterosis, 2ª. Ed., Hafner Publishing Co., Nueva York. pp: 494-516.

- Comstock R E, H F Robinson, and P H Harvey (1949)** A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal*. pp.360-367.
- Córdova H, N Trifunovic, N Vergara, M Ramirez Sierra, y G Avila (2003)** Hybrid Ability and Yield Stability of Tropical Quality Protein Maize White Lines. In CIMMYT (2003) Book of abstracts: Arnell Hallauer International Symposium on Plant Breeding, 17-22 August 2003. México City, México, México, D.F.
- Córdova H S, A Krisvanek, A Ramírez y M Sierra (2005)** Yield potential and combining ability of tropical quality protein maize inbred lines. 97 Annual Meeting ASA, Salt Lake City Utah, November 6 to 10, 2005.
- Crossa J y P L Cornelius (1997)** Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. *Crop Sci.*37: pp.405-415.
- Cruz M R (1990)** Análisis estadístico de la interacción genotipo-ambiente. JTA 21 DGTAM.SEP.
- Cruz de la L, H S A Rodriguez, del R E Gutiérrez, B A López, G A Palomo, T V Robledo, A N Vergara and H O Córdova (2003)** Combining Ability Estimations in Quality protein Maize for Silage. In: Book of abstracts: Arnell Hallauer International Symposium on Plant Breeding, 17-22 August 2003. México City, México, México, D.F. pp.110-111.
- De Vienne D, S Santoni, y M Falke (2003)** Principal sources of molecular markers. In: *Molecular Markers in plant Genetics and Biotechnology*. Ed. Dominique de Vienne. Institute National de la Recherche Agronomique Versailles, France. INRA. p. 3.
- Eberhart S A and W A Russell (1966)** Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*. Vol 6. pp: 36-40
- Charcosset A and A Gallais (2003)** Application of Markers in Selection. In: *Molecular Markers in plant Genetics and Biotechnology*. Ed. Dominique de Vienne. Institute National de la Recherche Agronomique Versailles, France. INRA. pp. 153
- Ferrary A E, Cantazaro y F Russo-Alesi (1965)** Nitrogen Análisis by a Continuous Digestion System. *Annals of the New York Academy of Sciences*. 130:pp.602-620.

- Finlay K W y G N Wilkinson (1963)** The analysis of adaptation in a plant breeding program. Australian Journal Agronomy Research. 14:pp.742-754.
- Elto E Gomes e Gama, Arnel R Halluer, Mauricio A Lopes, Sidney N Parentoni (1995)** Combining ability among fifteen early cycle maize populations in Brazil. Revista Brasileira de genética. 18, 4, pp.569-577.
- Graham G G, J Lembcke, E Lancho y E Morales (1989)** Quality protein Maize: Digestibility and utilization by recovering malnourished infants. MPH. Pediatrics Vol. 83 No.3 March. pp.416-421.
- Green J M (1948)** Inheritance of combining ability in maize hybrids. Journal of the American Society of Agronomy. Vol. 40, No. 1. pp. 58-63.
- Halluer and Miranda (1981)** Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press / Ames. p. 267.
- Hari O G L Lodha, K Levendra, Rastogi, S Joginder, and L M Shanti L (1979)** Nutritional evaluation of hard endosperm opaque-2 maize (*Zea mays* L). Journal Agriculture Chemical . Vol. 27 No.2 pp.390-392.
- Hofstader R A (1966)** Application of an auto analyzer to the automation of some microchemical determinations. Anal. Biochem.63:pp.283-285.
- Hosington D, M Khairrallah and D G de León (1994)** Laboratory Protocols: CIMMYT . Applied Molecular Genetic Laboratory. Second Edition. México, D.F. CIMMYT.
- Infante G S y P Zárata de L G (1984)** Métodos Estadísticos. Un enfoque interdisciplinario. Editorial Trillas. México. pp 427-428.
- Krivanek A F, H Córdova and A Ramírez (2005)** Stability and reliability analysis of lowland tropical quality protein maize (*Zea mays*) three-way and single-cross hybrids. 97 Annual Meeting ASA, Salt Lake City Utah, November 6 to 10, 2005.
- Larkins B A, J M Joanne, D E Bostwick, E Or, G A Moro and M A Lopes (1994)** Opaque2 Modifiers : What They Are and How They Work. In : Quality protein maize: 1964-1994. Proceedings of the International Symposium on Quality Protein Maize. (ed) EMBRAPA/CNPMS, Sete Lagoas, MG, Brazil. December 1-3. pp 133-148 .

- Langer I, K J Frey and T Bailey (1979)** Association among productivity, production response, and stability indexes in oat varieties. *Euphytica* 28: pp.17-24.
- Lin C S, M R Binns, and L P Lefkovitch (1986)** Stability Analysis: Where Do We Stand? *Crop Science*, Vol. 26. pp. 894-999.
- Lopes M A y Larkins, BATI (1991)** Gamma-zein content is related to endosperm modification in quality protein maize. *Crop Science*. 31: 6, pp.1655-1662.
- Lopes M A, Takasaki K, Bostwick D E, Helentjaris T, Larkins B A (1995)** Identification of two opaque2 modifier loci. In : *Quality Protein Maize. Molecular and General Genetics*. 247: 5, pp.603-613.
- Maffia L M D, E C Helen, and T M Edwin (1989)** Protein quality of two varieties of high-lysine maize fed alone and with black beans or milk to normal and depleted weanling rats. *The American Journal of clinical Nutrition* 29; pp. 817-824 USA.
- Major D J (1980)** Environmental effects on flowering. In: *Hybridization of crop plants*. Editors: Fehr y Hadley. American society of Agronomy and Crop Science Society of America, Publishers. USA.
- Martínez B F, J D C Figueroa and S A Larios (1996)** High lysine extruded products of quality protein maize. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 71: 2, pp.151-155.
- Márquez Sánchez F (1985)** *Genotecnia Vegetal*. Tomo I. AGT editor. México. pp.64- 118.
- Márquez Sánchez F (1991)** *Genotecnia Vegetal*. Tomo II. AGT editor. México. p.185
- Márquez Sánchez F (1992)** La interacción Genético Ambiental en Genotecnia Vegetal. Revisión. In "Simposio Interacción Genotipo Ambiente en Genotecnia Vegetal". Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C. Guadalajara, Jal. Mex.
- Mertz E T (1994)** Thirty Years of opaque-2 Maize. In: *Quality protein maize: 1964-1994. Proceedings of the International symposium on quality protein maize*. EMBRAPA/CNPMS, Sete Lagoas, MG, Brazil . December 1-3. 1994 .pp 1-10.
- Pickett R A (1966)** Opaque-2 corn in swine nutrition., *Proc. High Lysine Corn Conf. Corn refiners Assn., Inc., Washington, D.C.* pp. 19-22.

- Pixley KV and SV Bjarnason (1993)** Combining ability for yield and protein quality among modified-endosperm *opaque-2* tropical maize inbreds. Crop science. Vol.33, No. 6. pp.1229-1234.
- Poey F R (1975)** El mejoramiento integral del maíz. Rendimiento y valor nutritivo: hipótesis y métodos. Tesis doctoral. Escuela Nacional de Agricultura. Colegio de Posgraduados. Chapingo, México.
- Quintero, Maldonado, S Maldonado, Martínez y Gil (2005)** Diversidad genética en soya del trópico húmedo determinada con marcadores AFLP. Revista Fitotecnia Mexicana. Vol 28 (1). p. 63.
- Rinke EH y HK Hayes (1963)** Botanical Bulletin of Academia Sinica. Vol. IV, No. 1. pp. 36-41.
- Rojas B A and J F Sprague (1951)** A comparison of variance components in corn yield trials: III. General and specific combining ability and their interaction with locations and years. Agronomy Journal. pp.460-464
- SAS Institute Inc., Cary, NC, USA. (1999-2001) Software Release 8.2 (TS2MO).**
- Shukla GK (1972)** Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. Heredity. Vol. 28.pp.237-245.
- Sprague y Tattum (1942)** Journal of the American Society of Agronomy. Vol.34. No. 10 pp. 923 - 932.
- Tsai C Y L W, Hansel and OE Nelson (1972)** A colorimetric method of screening maize seeds for lysine content. Cereal Chemistry 49:pp.572-579.
- Vargas H M, y J Crossa (2000)** El análisis AMMI y la gráfica del Biplot en SAS. CIMMYT.
- Vasal S K (2001)** High Quality protein Corn in Specialty Corns. Ed. Arnell R. Hallauer CRC press. Boca Raton London New York Washington, D.C. pp.85-121.
- Valadez M E y G Kahl (2000)** Huellas de ADN en genomas de plantas (teoría y protocolos de laboratorio). Mundi Prensa S.A. de CV. Universidad Autónoma de Chapingo. pp. Ix-x.
- Vega O y Urbano A (1984)** Comparación de diferentes parámetros de estabilidad del rendimiento en trigo. Revista Facultad de Agronomía. Maracay, XIII (1-4): pp.291-309

**Villegas E and ET Mertz (1970)** Screening techniques used at CIMMYT for protein quality maize. Technical Bulletin No. 20. International Maize and Wheat Improvement Center, México.

**Villegas E (1994)** Quality protein maize: 1964-1994. In: Proceedings of the International symposium on quality protein maize. EMBRAPA/CNPMS, Sete Lagoas, MG, Brazil . December 1-3 p. 80.

**Wricke G (1964)** Zur Berechnung der okovalenz bei Sommer Weisen und Hafer Z., Pflzucht 52: pp.127-138.

**Zeng, M Qian, L Y Nan, Y T L Ye, S Qing (1995)** The accumulation of lysine controlled by the o2 gene in QPM. Maize Genetics Cooperation Newsletter. No. 69, pp.17-18.



## APÉNDICE

Cuadro 1A. Líneas seleccionadas por marcadores moleculares, contenido de triptofano y otras características del grupo heterótico "A". O.I 2001.

Línea	Genealogía	N (%)	Trip (%)	Prot (%)	IC
1	(CML 146 X CML150)-B-29-3	1.61	0.086	10.07	0.85
2	(CML 146 X CML150)-B-31-1	1.51	0.092	9.44	0.98
3	(CML 146 X CML150)-B-32-1	1.64	0.088	10.23	0.86
4	(CML 146 X CML150)-B-5-2	1.44	0.079	9	0.88
5	(CML 146 X CML150)-B-10-1	1.56	0.084	9.74	0.86
6	(CML 146 X CML150)-B-10-2	1.48	0.083	9.26	0.9
7	(CML 146 X CML150)-B-14-1	1.65	0.089	10.3	0.87
8	(CML 146 X CL 04321)-B-12-2	1.68	0.082	10.5	0.78
9	(CML 146 X CL 04321)-B-15-1	1.88	0.083	11.73	0.7
10	(CML 146 X CL 04321)-B-18-1	1.95	0.098	12.18	0.8
11	(CML 146 X CL 04321)-B-18-2	1.92	0.093	11.99	0.78
12	(CML 146 X CL-RCW01)-B-19-1	1.7	0.097	10.64	0.91
13	(CML 146 X CL-RCW01)-B-26-2	1.6	0.093	10.03	0.93
14	(CML 146 X CL-RCW01)-B-27-1	1.9	0.103	11.89	0.86
15	(CML 146 X CL-RCW01)-B-39-1	1.87	0.095	11.68	.81
16	(CML 146 X CL-RCW01)-B-42-3	1.72	0.091	10.72	0.84
17	(CML 150 X CL 04321)-B-19-1	1.52	0.078	9.53	0.81
18	(CML 150 X CL 04321)-B-36-1	1.75	0.081	10.96	0.74
19	(CML 150 X CL 04321)-B-36-2	1.76	0.079	11.01	0.72
20	(CML 150 X CL 04321)-B-43-1	1.74	0.079	10.85	0.73
21	(CML 150 X CL-RCW01)-B-41-2	1.57	0.086	9.79	0.87
22	(CML 150 X CL-RCW01)-B-43-1	1.41	0.081	8.78	0.92
23	(CML 147 X CL-RCW01)-B-3-1	1.62	0.085	10.13	0.84
24	(CML 147 X CL-RCW01)-B-4-1	1.65	0.09	10.3	0.87
25	(CML 147 X CL-RCW01)-B-10-2	1.61	0.089	10.04	0.89
26	(CML 147 X CL-RCW01)-B-10-3	1.79	0.107	11.17	0.96
27	(CML 147 X CL-RCW01)-B-17-3	1.55	0.095	9.67	0.98
28	(CML 147 X CL-RCW01)-B-29-1	1.85	0.095	11.56	0.82
29	(CML 147 X CL-RCW01)-B-29-2	1.65	0.082	10.34	0.79
30	(CML 147 X CL-RCW01)-B-37-1	1.66	0.081	10.37	0.79
31	(CML 147 X CL-RCW01)-B-38-1	1.72	0.099	10.72	0.93
32	(CML 147 X CL-RCW01)-B-39-1	1.67	0.098	10.46	0.94
33	(CML 147 X CL-RCW01)-B-39-2	1.96	0.104	12.26	0.85
34	(CML 147 X CL-RCW01)-B-45-2	1.47	0.08	9.19	0.87
35	(CML 147 X CL-RCW01)-B-52-1	1.78	0.102	11.09	0.92
36	(CML 147 X CL-RCW01)-B-53-1	1.71	0.099	10.72	0.92
37	(CML 147 X CL-RCW01)-B-53-3	1.69	0.096	10.57	0.91
38	(CML 147 X CL-RCW01)-B-55-1	1.78	0.092	11.14	0.82
39	(CML 147 X CL-RCW01)-B-59-2	1.82	0.097	11.36	0.86
40	(CML 173 X CL-04321)-B-41-1	1.74	0.093	10.87	0.86
41	(CML 173 X RCW01)-B-15-3	1.6	0.081	10.01	0.81
42	(CML 146 X CML 150)-B-20-1	1.45	0.096	9.04	1.06
43	(CML 146 X CML 150)-B-33-1	1.43	0.083	8.94	0.93

Continúa Cuadro 1A

44	(CML 146 X CML 159)-B-31-1	1.47	0.094	9.18	1.02
45	(CML 150 X CL RCW01)-B-37-2	1.7	0.087	10.65	0.81
46	(CML 147 XCL RCW01)-B-20-1	1.59	0.084	9.91	0.85
47	(CML 147 XCL RCW01)-B-23-3	1.7	0.082	10.64	0.77
48	(CML 147 XCL RCW01)-B-40-2	1.99	0.101	12.42	0.81
49	(CML 147 XCL RCW01)-B-61-2	1.64	0.094	10.25	0.91
50	(CML 173 X CL-RCW01)-B-33-1	1.85	0.085	11.55	0.74
51	(CML 173 X CL-RCW01)-B-35-2	1.56	0.09	9.72	0.92

N=nitrogeno Trip=triptofano IC= índice de calidad = (% trip / % N) 100

Cuadro 2A. Líneas seleccionadas por marcadores moleculares, contenido de triptofano y otras características del grupo heterótico "AB". O.I 2001.

Línea	Genealogía	% N	% Trip	% Prot	Índice de C
1	(CLQ-6203 X CL04374)-B-7-2	1.92	0.097	12.02	0.81
2	(CLQ-6203 X CL04374)-B-25-2	1.81	0.106	11.29	0.94
3	(CLQ-6203 X CL04374)-B-26-1	1.73	0.09	10.82	0.83
4	(CLQ-6203 X CL04321)-B-7-1	1.63	0.083	10.17	0.82
5	(CLQ-6203 X CL04321)-B-10-1	1.78	0.085	11.14	0.76
6	(CLQ-6203 X CL04321)-B-13-1	1.84	0.096	11.5	0.84
7	(CLQ-6203 X CL04321)-B-13-2	1.64	0.096	10.24	0.93
8	(CLQ-6203 X CL04321)-B-14-3	1.88	0.102	11.76	0.87
9	(CLQ-6203 X CL04321)-B-15-1	1.91	0.088	11.95	0.73
10	(CLQ-6203 X CL04321)-B-16-3	1.57	0.084	9.83	0.86
11	(CLQ-6203 X CL04321)-B-18-1	1.94	0.077	12.13	0.64
12	(CLQ-6203 X CL04321)-B-21-1	1.8	0.095	11.25	0.85
13	(CLQ-6203 X CL04321)-B-23-1	1.8	0.088	11.24	0.78
14	(CLQ-6203 X CL04321)-B-24-1	1.75	0.082	10.93	0.75
15	(CLQ-6203 X CL04321)-B-26-2	1.75	0.086	10.92	0.79
16	(CLQ-6203 X CL04321)-B-26-3	1.82	0.097	11.37	0.85
17	(CLQ-6203 X CL04321)-B-40-1	1.81	0.098	11.33	0.86
18	(CLQ-6203 X CL04321)-B-40-2	1.82	0.096	11.36	0.84
19	(CLQ-6203 X CL04321)-B-41-2	1.63	0.081	10.18	0.8
20	(CLQ-6203 X CL04321)-B-44-1	1.7	0.093	10.64	0.87
21	(CLQ-6203 X CL04321)-B-46-2	1.62	0.079	10.11	0.78
22	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B10-1	1.93	0.099	12.04	0.82
23	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-11-2	1.78	0.088	11.11	0.79
24	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-14-1	1.78	0.103	11.14	0.93
25	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B17-2	1.65	0.082	10.33	0.8
26	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-24-3	1.7	0.103	10.62	0.97
27	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-24-4	1.77	0.101	11.05	0.91
28	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-31-1	1.53	0.093	9.59	0.97
29	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-34-1	1.61	0.096	10.08	0.96
30	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-36-2	1.51	0.089	9.44	0.94
31	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-40-1	1.74	0.102	10.87	0.94
32	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-42-4	1.63	0.093	10.17	0.92

Continúa cuadro 2A.

33	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-43-3	1.64	0.086	10.28	0.83
34	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-44-1	1.56	0.084	9.75	0.86
35	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-46-2	1.56	0.094	9.75	0.96
36	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-48-1	1.82	0.088	11.36	0.77
37	(CLQ-6203 X CL-RCW01)-B-48-4	1.83	0.094	11.42	0.82
38	(CML176 X CL-04374)-B-14-1	1.77	0.086	11.05	0.78
39	(CML176 X CL-04374)-B-14-2	1.71	0.09	10.66	0.84
40	(CML176 X CL-04374)-B-17-1	1.64	0.088	10.24	0.86
41	(CML176 X CL-04374)-B-19-1	1.43	0.083	8.94	0.93
42	(CML176 X CL-RCW01)-B-11-2	1.59	0.082	9.93	0.83
43	(CML176 X CL-RCW01)-B-12-1	1.7	0.096	10.63	0.9
44	(CML176 X CL-RCW01)-B-30-1	1.68	0.087	10.5	0.83
45	(CML176 X CL-RCW01)-B-42-1	1.64	0.088	10.26	0.86
46	(CLQ 6203 X CL 04321)-B-17-2	1.86	0.093	11.61	0.8
47	(CLQ 6203 X CL 04321)-B-46-1	1.78	0.085	11.11	0.77
48	(CLQ 6203 X CLRCW01)-B-46-3	1.76	0.1	11.03	0.91
49	(CML 176 X CL-04374)-B-4-1	1.74	0.095	10.9	0.87
50	(CML 176 X CL-04374)-B-4-2	2.02	0.104	12.63	0.83
51	(CML 176 X CL-RCW01)-B-52-1	1.81	0.092	11.31	0.81

N=nitrogeno Trip=triptofano IC= índice de calidad = (% trip / % N) 100

Cuadro 3A. Análisis de varianza para la estabilidad del rendimiento. Eberhart y Russell (1966). P-V 2003.

FUENTE	GL	SC	CM	FC	F 0.05	F 0.01	
TOTAL	79	512.1408					
VAR	15	37.4863	2.4990867	3.643647409	1.92	2.52	**
SC RESID	64	474.65					
AMB LIN	1	1.6888	1.6888				
VXA LIN	15	440.04	29.336	42.77164206	1.92	2.52	**
DESV PONDE	48	32.922	0.685875				
VAR 1	3	2.086164	0.6953881	0.327781334	2.76	4.13	ns
VAR 2	3	7.945315	2.6484382	1.50564994	2.76	4.13	ns
VAR 3	3	2.426073	0.8086911	0.38118834	2.76	4.13	ns
VAR 4	3	1.018673	0.3395576	0.160055429	2.76	4.13	ns
VAR 5	3	0.174579	0.0581931	0.027430169	2.76	4.13	ns
VAR 6	3	0.793218	0.2644058	0.124631557	2.76	4.13	ns
VAR 7	3	0.574169	0.1913898	0.090214392	2.76	4.13	ns
VAR 8	3	0.520245	0.1734149	0.081741635	2.76	4.13	ns
VAR 9	3	1.518284	0.5060945	0.238555045	2.76	4.13	ns
VAR 10	3	0.798272	0.2660907	0.125425747	2.76	4.13	ns
VAR 11	3	1.431861	0.4772869	0.224976154	2.76	4.13	ns
VAR 12	3	1.539546	0.5131822	0.241895904	2.76	4.13	ns
VAR 13	3	4.453361	1.4844538	0.699718979	2.76	4.13	ns
VAR 14	3	2.061235	0.6870785	0.323864479	2.76	4.13	ns
VAR 15	3	3.786139	1.2620463	0.59488395	2.76	4.13	ns
VAR 16	3	1.796437	0.5988123	0.282258925	2.76	4.13	ns
Error ponderado			2.1215				

\*\* = altamente significativo \* = significativo ns = no significativo

Cuadro 4A. Análisis de varianza conjunto para rendimiento. Cruz (1990). P-V 2003.

FV	GL	SC	CM	Fc	F 0.05	F0.01
A	4	864.7013	216.175	231.092	2.4	3.44 **
R:A	5	4.677251	0.93545			
G	15	74.972742	4.99818	8.89081	1.82	2.31 **
GxA	60	84.607612	1.41013	2.50834	1.51	1.8 **
ERROR	75	42.163073	0.56217			
TOTAL	159	1071.122				

\*\* = altamente significativo A=ambientes R:A= repeticiones anidadas en ambientes

G= genotipos GxA= genotipos por ambientes

Cuadro 5A. Análisis de varianza conjunto AMMI con las medias de rendimiento ajustadas para 5 localidades. P-V2003.

FV	GL	SC	CM	Fc	Prob. de F
Ambientes	4	844.713	211.178	375.648	0.00000**
Genotipos	15	2.527	0.168	0.300	0.99414 ns
Amb.* Gen.	60	82.904	1.382	2.458	0.00012**

\*\* = altamente significativo      ns = no significativo

Cuadro 6A. Prueba de no aditividad del modelo Multiplicativo para rendimiento. Cruz (1990). P-V 2003.

F.V	G.L	S.C	C.M	Fc	F 0.05	F 0.01
G x A	60	84.607612	1.41013	2.50834	1.5343	1.8363**
NA	15	18.763232	1.25088	2.22508	1.8364	2.3523*
DR	45	65.84438	1.46321	2.60277	1.55	1.87**
ERROR	75	42.163073	0.56217			

\*= significativo    \*\* = altamente significativo    GxA= genotipos por ambientes    NA= no aditividad    DR= desviaciones de regresión

Cuadro 7A. Análisis de varianza y estabilidad para contenido de lisina, cinco localidades. Eberhart y Russell (1966). P-V 2003.

FUENTE	GL	SC	CM	FC	F 0.05	F 0.01
TOTAL	79	0.152307				
VAR	15	0.077528	0.0051685	9.101299953	1.92	2.52**
SC RESID	64	0.07478				
AMB LIN	1	0.000146	0.0001461			
VXA LIN	15	0.047375	0.0031583	5.561527073	1.92	2.52**
DESV PONDE	48	0.027259	0.0005679			
VAR 1	3	0.003658	0.0012193	1.095201684	2.76	4.13ns
VAR 2	3	0.003795	0.0012651	1.13632076	2.76	4.13ns
VAR 3	3	0.001778	0.0005928	0.53242802	2.76	4.13ns
VAR 4	3	0.006213	0.002071	1.860232833	2.76	4.13ns
VAR 5	3	0.003755	0.0012518	1.124375342	2.76	4.13ns
VAR 6	3	0.00322	0.0010732	0.964023654	2.76	4.13ns
VAR 7	3	0.004169	0.0013896	1.248225064	2.76	4.13ns
VAR 8	3	0.007056	0.0023519	2.112558363	2.76	4.13ns
VAR 9	3	0.003382	0.0011274	1.012679826	2.76	4.13ns
VAR 10	3	0.001896	0.0006322	0.567821789	2.76	4.13ns
VAR 11	3	0.003326	0.0011088	0.995938681	2.76	4.13ns
VAR 12	3	0.002685	0.0008951	0.804000833	2.76	4.13ns
VAR 13	3	0.008112	0.0027038	2.428679903	2.76	4.13ns
VAR 14	3	0.004154	0.0013847	1.243815118	2.76	4.13ns
VAR 15	3	0.004365	0.0014552	1.307074703	2.76	4.13ns
VAR 16	3	0.008143	0.0027142	2.437949423	2.76	4.13ns
Error ponderado			0.0011133			

\* = significativo \*\* = altamente significativo ns = no significativo

Cuadro 8A. Análisis de varianza del modelo multiplicativo conjunto de cinco localidades para contenido de lisina según Cruz (1990). P-V 2003.

FV	GL	SC	CM	Fc	F 0.05	F0.01
A	4	0.0747897	0.0187	14.8487	2.4	3.44**
R:A	5	0.006296	0.00126			
G	15	0.1550556	0.01034	13.2369	1.82	2.31**
GxA	60	0.0747695	0.00125	1.59574	1.51	1.8**
ERROR	75	0.0585695	0.00078			
TOTAL	159	0.3694803				

\*\* = altamente significativo A=ambientes R:A= repeticiones anidadas en ambientes

G= genotipos GxA= genotipos por ambientes

Cuadro 9A. Análisis de varianza conjunto AMMI con las medias ajustadas para 5 localidades de contenido de lisina. P-V 2003.

FV	GL	SC	CM	Fc	Prob. de F
Ambientes	4	0.074226	0.018556	24.0889	0.00000
Genotipos	15	0.000017	0.000001	0.0015	1.00000
Amb.* Gen.	60	0.074145	0.001236	1.6042	0.02623

Cuadro 10A. Análisis y prueba de no aditividad del modelo multiplicativo para el contenido de lisina. P-V 2003.

F.V	G.L	S.C	C.M	Fc	F 0.05	F 0.01
G x A	60	0.0747695	0.00125	1.59574	1.5343*	1.836
NA	15	0.0202522	0.00135	1.72891	1.1364*	2.3523
DR	45	0.0545173	0.00121	1.55135	1.55 ns	1.87
ERROR	75	0.0585695	0.00078			

GxA= genotipos por ambientes NA= no aditividad DR= desviaciones de regresión

Cuadro 11A. Análisis de varianza de los datos transformados para contenido de triptofano según Eberhart y Russell (1966). P-V 2003.

FUENTE	GL	SC	CM	FC	F 0.05	F 0.01
TOTAL	79	0.039808				
VARIEDADES	15	0.022283	0.0014855	10.524649	1.92	2.52**
SC RESIDIDUAL	64	0.017525				
AMB LIN	1	3.73E-05	3.726E-05			
VXA LIN	15	0.010713	0.0007142	5.06001716	1.92	2.52**
DESV PONDERADA	48	0.006775	0.0001411			
VAR 1	3	0.000602	0.0002008	0.18039282	2.76 ns	4.13
VAR 2	3	0.000202	6.721E-05	0.06036821	2.76 ns	4.13
VAR 3	3	5.42E-05	1.808E-05	0.01623841	2.76 ns	4.13
VAR 4	3	0.000286	9.533E-05	0.08562897	2.76 ns	4.13
VAR 5	3	0.000181	6.041E-05	0.05426345	2.76 ns	4.13
VAR 6	3	5.18E-05	1.725E-05	0.01549713	2.76 ns	4.13
VAR 7	3	0.000154	5.143E-05	0.0462	2.76 ns	4.13
VAR 8	3	5.41E-05	1.802E-05	0.01618443	2.76 ns	4.13
VAR 9	3	0.000456	0.000152	0.13654125	2.76 ns	4.13
VAR 10	3	0.000569	0.0001895	0.17025854	2.76 ns	4.13
VAR 11	3	0.000883	0.0002944	0.26447106	2.76 ns	4.13
VAR 12	3	0.000424	0.0001413	0.1269349	2.76 ns	4.13
VAR 13	3	0.000377	0.0001258	0.11300706	2.76 ns	4.13
VAR 14	3	0.000255	8.507E-05	0.07641441	2.76 ns	4.13
VAR 15	3	0.000382	0.0001272	0.11425718	2.76 ns	4.13
VAR 16	3	0.001911	0.0006371	0.57224567	2.76 ns	4.13
Error ponderado			0.0011133			

\*\* = altamente significativo      ns = no significativo



Cuadro 12A. Análisis de varianza para contenido de triptofano según Cruz (1990). P-V 2003.

FV	GL	SC	CM	Fc	F0.05	F0.01
A	4	0.0190783	0.00477	22.247		
R:A	5	0.001072	0.00021			
G	15	0.0445654	0.00297	17.7374		
GxA	60	0.0159723	0.00027			
NA	15	0.0024222	0.00016	0.53629		
Desviaciones	45	0.01355	0.0003	0.00017		
Desv. de gen						
1	3	0.0012005	0.0004	2.38912	2.73 ns	4.08
2	3	0.000389	0.00013	0.77419	2.73 ns	4.08
3	3	0.0001003	3.3E-05	0.1997	2.73 ns	4.08
4	3	0.0005563	0.00019	1.1071	2.73 ns	4.08
5	3	0.0003539	0.00012	0.70428	2.73 ns	4.08
6	3	9.615E-05	3.2E-05	0.19135	2.73 ns	4.08
7	3	0.0002993	1E-04	0.59557	2.73 ns	4.08
8	3	9.17E-05	3.1E-05	0.18248	2.73 ns	4.08
9	3	0.0009081	0.0003	1.80712	2.73 ns	4.08
10	3	0.0011361	0.00038	2.26099	2.73 ns	4.08
11	3	0.0017663	0.00059	3.51497	2.73 *	4.08
12	3	0.000843	0.00028	1.67762	2.73 ns	4.08
13	3	0.0007385	0.00025	1.46961	2.73 ns	4.08
14	3	0.0005035	0.00017	1.00207	2.73ns	4.08
15	3	0.0007513	0.00025	1.49515	2.73ns	4.08
16	3	0.0038159	0.00127	7.59382	2.73**	4.08
Error	75	0.0125625	0.00017			
Total						

\* = significativo \*\* = altamente significativo ns = no significativo A=ambientes R:A= repeticiones anidadas en ambientes G= genotipos GxA= genotipos por ambientes

Cuadro 13A. Análisis de varianza conjunto AMMI con las medias ajustadas para 5 localidades de contenido de triptofano. P-V 2003.

FV	GL	SC	CM	Fc	Prob. de F
Ambientes	4	0.018903	.004725810	30.1468	0.00000
Genotipos	15	0.000008	.000000552	0.0035	1.00000
Amb.* Gen.	60	0.015816	.000263602	1.6816	0.01652

Cuadro 14A. Prueba de no aditividad para contenido de triptofano. Cruz (1989). P-V 2003.

F.V	G.L	S.C	C.M	Fc	F 0.05	F 0.01
G x A	60	0.0159723	0.00027	1.58927	1.5343	1.8363**
NA	15	0.0024222	0.00016	0.96407	1.8364	2.3523ns
DR	45	0.01355	0.0003	1.79768	1.5343	1.936**
ERROR	75	0.0125625	0.00017			

\*\* = altamente significativo ns = no significativo GxA= genotipos por ambientes NA= no aditividad DR= desviaciones de regresión

Cuadro15A. Análisis de varianza para estabilidad de dureza de grano según Eberhart y Russell (1966).P-V 2003.

FUENTE	GL	SC	CM	FC	F 0.05	F 0.01
TOTAL	79	2.051233				
VAR	15	0.671479	0.0447653	2.649453236	1.92	2.52 **
SC RESID	64	1.379754				
AMB LIN	1	0.001366	0.0013660			
VXA LIN	15	0.567378	0.0378252	2.238702512	1.92	2.52 *
DESV PONDE	48	0.811010	0.0168960			
VAR 1	3	0.131713	0.0439042	1.324475234	2.76	4.13ns
VAR 2	3	0.015092	0.0050306	0.151759689	2.76	4.13ns
VAR 3	3	0.006279	0.0020931	0.063142539	2.76	4.13ns
VAR 4	3	0.049287	0.0164289	0.495617054	2.76	4.13ns
VAR 5	3	0.026421	0.0088071	0.265687659	2.76	4.13ns
VAR 6	3	0.055047	0.0183490	0.553540661	2.76	4.13ns
VAR 7	3	0.063078	0.0210260	0.634299454	2.76	4.13ns
VAR 8	3	0.020231	0.0067438	0.203443453	2.76	4.13ns
VAR 9	3	0.026020	0.0086733	0.261651288	2.76	4.13ns
VAR 10	3	0.002065	0.0006883	0.020764938	2.76	4.13ns
VAR 11	3	0.032807	0.0109358	0.329904788	2.76	4.13ns
VAR 12	3	0.109470	0.0364901	1.100811391	2.76	4.13ns
VAR 13	3	0.018637	0.0062125	0.187413903	2.76	4.13ns
VAR 14	3	0.005706	0.0019020	0.057378466	2.76	4.13ns
VAR 15	3	0.138897	0.0462991	1.396723886	2.76	4.13ns
VAR 16	3	0.111387	0.0371290	1.120084613	2.76	4.13ns
Cuadrado medio error P.			0.0331484			

ns=no significativo \* = significativo 5% \*\*= altamente significativo 1%

Cuadro 16A. Análisis de varianza para dureza de grano con el modelo multiplicativo según Cruz Medina (1986). P-V 2003.

FV	GL	SC	CM	Fc	F0.05	F0.01	
A	4	0.6994096	0.17485	13.4187	2.4	3.44	**
R:A	5	0.0651526	0.01303				
G	15	1.342958	0.08953	13.5049	1.82	2.31	**
GA	60	2.0600984	0.03433	5.17914	1.51	1.8	**
NA	15	0.4380786	0.02921	0.81025	1.836	2.3523	ns
Desv. del mo	45	1.6220198	0.03604	5.43706	1.55	1.87	**
Desv. de gen							
1	3	0.263414	0.0878	13.2446	2.73	4.08	**
2	3	0.029992	0.01	1.50801	2.73	4.08	ns
3	3	0.0125576	0.00419	0.6314	2.73	4.08	ns
4	3	0.0985001	0.03283	4.95263	2.73	4.08	**
5	3	0.0526461	0.01755	2.64707	2.73	4.08	ns
6	3	0.109999	0.03667	5.53081	2.73	4.08	**
7	3	0.1261336	0.04204	6.34206	2.73	4.08	**
8	3	0.0402641	0.01342	2.0245	2.73	4.08	ns
9	3	0.0515798	0.01719	2.59346	2.73	4.08	ns
10	3	0.004075	0.00136	0.20489	2.73	4.08	ns
11	3	0.065502	0.02183	3.29347	2.73	4.08	*
12	3	0.2189035	0.07297	11.0066	2.73	4.08	**
13	3	0.0369017	0.0123	1.85544	2.73	4.08	ns
14	3	0.0111555	0.00372	0.5609	2.73	4.08	ns
15	3	0.2777364	0.09258	13.9647	2.73	4.08	**
16	3	0.2226595	0.07422	11.1954	2.73	4.08	**
Error	75	0.4972106	0.00663				
Total							

\*= significativo \*\*= altamente significativo NS = no significativo

Cuadro 17A. Análisis conjunto para dureza de grano por el procedimiento AMMI. P-V 2003.

FV	GL	SC	CM	Fc	Prob. de F
Ambientes	4	844.713	3944.18	0	
Genotipos	15	2.527	0.168	3.15	.000520532 **
Amb. x Gen.	60	82.904	1.382	25.81	0 **

\*\* = altamente significativo

Cuadro 18A. Prueba de no aditividad para dureza de grano del modelo Multiplicativo Cruz Medina (1986). P-V 2003.

F.V	G.L	S.C	C.M	Fc	F 0.05	F 0.01
G x A	60	2.0600984	0.03433	5.17914	1.5343	1.8363 **
NA	15	0.4380786	0.02921	4.40536	1.8364	2.3523 **
DR	45	1.6220198	0.03604	5.43706	1.5343	1.936 **
ERROR	75	0.4972106	0.00663			

\*\* = altamente significativo GxA= genotipos por ambientes NA= no aditividad DR= desviaciones de regresión

Cuadro 19A. Análisis de varianza para la estabilidad de proteína total en grano según Eberhart y Russell (1966). P-V 2003.

FUENTE	GL	SC	CM	FC	F 0.05	F 0.01
TOTAL	79	1.307025				
VAR	15	0.258975	0.017265	1.752150286	1.92	2.52
SC RESID	64	1.04805				
AMB LIN	1	0.001381	0.0013812			
VXA LIN	15	0.573696	0.0382464	3.881459573	1.92	2.52**
DESV PONDE	48	0.472973	0.0098536			
VAR 1	3	0.050341	0.0167805	15.07275648	2.76	4.13**
VAR 2	3	0.055316	0.0184388	16.56226144	2.76	4.13**
VAR 3	3	0.028869	0.0096231	8.643769205	2.76	4.13**
VAR 4	3	0.014599	0.0048663	4.371051773	2.76	4.13**
VAR 5	3	0.080312	0.0267706	24.04615476	2.76	4.13**
VAR 6	3	0.036907	0.0123024	11.05034674	2.76	4.13**
VAR 7	3	0.013171	0.0043902	3.943446168	2.76*	4.13
VAR 8	3	0.019045	0.0063482	5.702160873	2.76	4.13**
VAR 9	3	0.025114	0.0083712	7.519301989	2.76	4.13**
VAR 10	3	0.030993	0.010331	9.279660388	2.76	4.13**
VAR 11	3	0.004914	0.0016381	1.471352799	2.76	4.13ns
VAR 12	3	0.021714	0.007238	6.50136141	2.76	4.13**
VAR 13	3	0.017866	0.0059552	5.349125403	2.76	4.13**
VAR 14	3	0.006134	0.0020448	1.836685527	2.76	4.13ns
VAR 15	3	0.059422	0.0198073	17.79149674	2.76	4.13**
VAR 16	3	0.003015	0.0010049	0.902644755	2.76	4.13ns
Error ponderado			0.0011133			

\* = significativo \*\* = altamente significativo ns = no significativo

Cuadro 20A. Análisis de la estabilidad por el procedimiento del modelo multiplicativo según Cruz (1986). P.V 2003.

FV	GL	SC	CM	Fc	F0.05	F0.01	
A	4	0.7071875	0.1768	11.3659	2.4	3.44	**
R:A	5	0.077775	0.01556				
G	15	0.51795	0.03453	3.49529	1.82	2.31	**
GA	60	1.3889125	0.02315	2.3432	1.51	1.83	**
NA	15	0.4429662	0.02953	1.40484	1.83	2.35	
Desviaciones Desv. de gen	45	0.9459463	0.02102	2.12785	1.55	1.87	
1	3	0.1008255	0.03361	3.40201	2.73	4.08	*
2	3	0.1112956	0.0371	3.75529	2.73	4.08	*
3	3	0.0579338	0.01931	1.95478	2.73	4.08	ns
4	3	0.0298439	0.00995	1.00698	2.73	4.08	ns
5	3	0.1613065	0.05377	5.44274	2.73	4.08	**
6	3	0.0745875	0.02486	2.5167	2.73	4.08	ns
7	3	0.0273297	0.00911	0.92215	2.73	4.08	ns
8	3	0.0392199	0.01307	1.32334	2.73	4.08	ns
9	3	0.0503786	0.01679	1.69985	2.73	4.08	ns
10	3	0.0622984	0.02077	2.10205	2.73	4.08	ns
11	3	0.0098413	0.00328	0.33206	2.73	4.08	ns
12	3	0.0434769	0.01449	1.46698	2.73	4.08	ns
13	3	0.0381356	0.01271	1.28675	2.73	4.08	ns
14	3	0.0131247	0.00437	0.44285	2.73	4.08	ns
15	3	0.1197488	0.03992	4.04052	2.73	4.08	*
16	3	0.0065997	0.0022	0.22268	2.73	4.08	ns
Error	75	0.740925	0.00988				
Total							

\* = significativo \*\* = altamente significativo ns = no significativo A=ambientes

R:A= repeticiones anidadas en ambientes G= genotipos GxA= genotipos por ambientes

Cuadro 21A. Análisis conjunto para contenido de proteína en grano por el procedimiento AMMI. P-V 2003.

FV	GL	SC	CM	Fc	Prob. de F
Ambientes	4	0.73022	0.18255	23.6988	0
Genotipos	15	0.00086	0.00006	0.0075	1
Amb.* Gen.	60	1.40586	0.02343	3.0417	0

Cuadro 22A. Prueba de no aditividad del modelo multiplicativo para contenido de proteína total en grano. Cruz (1990). P-V 2003.

F.V	GL	S.C.	C.M.	Fc	F 0.05	F 0.01
G x A	60	1.3889125	0.02315	2.34321	1.5343	1.8363 **
NA	15	0.4429662	0.02953	2.98928	1.1364	2.3523 ns
DR	45	0.9459463	0.02102	2.12785	1.55	1.87 **
ERROR	75	0.740925	0.00988			

\*\* = altamente significativo ns = no significativo GxA= genotipos por ambientes NA= no aditividad DR= desviaciones de regresión

Cuadro 23A. Suma de cuadrados y prueba de Gollob (1967) para los términos AMMI para contenido de lisina. P-V 2003.

SC	SC (%)	SCA(%)	GL	CM	f. ammi	Prob. f
0.52825	37.5751	37.575	18	0.029347	3.80980	0.00002 **
0.37136	26.4154	63.990	16	0.023210	3.01308	0.00066 **
0.27187	19.3383	83.329	14	0.019419	2.52095	0.00532 **
0.23437	16.6712	100.000	12	0.019531	2.53549	0.00731 **
0.00000	0.0000	100.000	10	0.000000	0.00000	1.00000

SC= suma de cuadrados de los términos AMMI, SCA= suma de cuadrados acumulado, GL= grados de libertad, CM= cuadrado medio, f.ammi= valor de F calculada, Prob. F= probabilidad de F