

# **UNIVERSIDAD DE GUADALAJARA**

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



**COMPORTAMIENTO AGRONÓMICO DE HÍBRIDOS DE MAÍZ (*Zea mays* L.) CON ALTA CALIDAD PROTEÍCA EN DIFERENTES AMBIENTES Y DISTANCIA GENÉTICA DE PROGENITORES ESTIMADA POR MARCADORES MOLECULARES**

**Salvador Mena Munguía**

**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  
**DIVISION DE CIENCIAS AGRONOMICAS**  
COORDINACION DE POSGRADO



Esta tesis titulada "Comportamiento agronómico de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) con alta calidad proteica en diferentes ambientes y distancia genética de progenitores estimada por marcadores moleculares" fue realizada bajo la dirección del consejo particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para la obtención de grado de:

**DOCTORADO EN CIENCIAS AGRICOLAS Y FORESTALES**

**CONSEJO PARTICULAR**

Director:

Dr. Mario Abel García Vázquez

Co-Director :

Dr. José de Jesús Sánchez González

Asesor:

Dr. Fidel Márquez Sánchez

Asesor:

Dr. Hugo Salvador Córdova Orellana

Asesor:

Dr. José Ron Parra

Asesor:

Dr. Rogelio Lépiz Idefonso

Las Agujas, Mpio. Zapopan, Jalisco, noviembre de 2005

## Dedicatorias

A mi hermano el Doctor Mario Abel García Vázquez donde quiera que se encuentre por su amistad, enseñanzas y por haberme forjado en las tareas de la investigación y en toda una filosofía de vida, que seguiré practicando. Mi eterno agradecimiento.

A mi esposa querida Rosaura por haberme soportado en las jornadas que me exigen de tiempo completo y no serán las últimas, además por su gran entusiasmo por el deporte, y sus éxitos como maratonista.

A mi hijo Abraham Salvador, esperando que esto sirva de motivación para que te superes cada día que pase, estoy seguro que podrás hacer más que yo, pues tienes la capacidad para hacerlo, estoy orgulloso de ti.

A mi hijo Juan Pablo, que ha tenido el valor de enfrentar las adversidades y superarlas para construir su propio proyecto, estoy seguro que triunfarás en la vida, estoy orgulloso de ti.

A mi madre Amalia que con su cariño y solidaridad me ha impulsado a ser lo que soy, madre puedes estar orgullosa y tranquila, esto es lo que puedo dar y es por ti.

A mi padre, Salvador que tal vez sin saberlo sembró en mí la necesidad de superar las adversidades y ser alguien en la vida y de alguna manera útil a los que me rodean.

A la memoria de mi Abuelita Amalia por su ejemplo de tenacidad y tolerancia para conducir a todos sus hijos entre los que me incluyo, mi amor eterno.

A mis tías Josefina, María del Refugio, Emilia y Emma, al igual que mis tíos José y Rafael, familia Munguía Padilla, por el apoyo y afecto que me han brindado.

A mis hermanos; Patricia, Susana Leticia, Gabriela, Jorge Arturo, María de Lourdes, Juan José y Guillermo, por su cariño y apoyo.

A Manuel, Jafet, Regina y Jacqueline , por su respaldo y los momentos de afecto vividos.

## Agradecimientos

Al creador por haberme permitido el privilegio de triunfar en la vida al lado de mis seres queridos, mi eterno agradecimiento.

A la Universidad de Guadalajara, forjadora de grandes hombres y casa de la sabiduría universal, por otorgarme el privilegio de mi formación, y el honor de participar en sus aulas.

Al Licenciado Raúl Padilla López por el impulso que ha dado a nuestra Universidad y el apoyo personal que de él he recibido para desempeñar mis responsabilidades universitarias y la confianza que en mi ha depositado, con un agradecimiento eterno.

Al Doctor José de Jesús Sánchez González que como en cada una de las palabras de su nombre pone acento en todas sus tareas y la amistad sincera hacia todos sus amigos, preciándome de ser uno de ellos.

Al Doctor Juan de Jesús Taylor Preciado por su apoyo y amistad al margen de los roles que nos toca vivir en las actividades universitarias.

Al Doctor Hugo Salvador Córdova Orellana por proporcionar el material genético y la asesoría necesaria para mejor desarrollo de este trabajo.

Al Doctor José Ron Parra por la asesoría y la paciente revisión del documento.

Al Doctor Fidel Márquez Sánchez por la asesoría y los atinados comentarios para la mejor realización de esta tesis.

Al Doctor Rogelio Lépiz Ildelfonso por la asesoría y el apoyo incondicional en la concreción del trabajo.

Al Doctor Francisco Casas Salas por su asesoría y su disposición permanente para la realización de este trabajo.

A los Doctores Florencio Recendiz Hurtado y Norberto Carrizales Mejía como un recuerdo de las intensas jornadas vividas para lograr este importante objetivo, en nuestra vida profesional, gracias por su amistad y compañerismo.

A las Doctoras Anne Santerre , Monica Riojas y Alma Rosa Villalobos por las enseñanzas durante mi programa doctoral.

Al Doctor Fernando Santacruz por las enseñanzas durante mi programa de doctoral.

A los maestros; Salvador González luna, Javier Vázquez Navarro y Rafael Escalante por su entrega y capacidad en beneficio de nuestra División de Ciencias Agronomicas y de la superación de los nuevos Ingenieros Agrónomos.

A mis compañeros; Enrique Pimienta, Santiago Sánchez, Eleno Félix, Fernando Sánchez, Jesús N. Martín del Campo, César Mendoza, Raúl Toral, Jorge Félix, Lauro Salvador Delgado, Andrés Rodríguez, Salvador Hurtado, Eduardo Rodríguez, Daniel Ortuño, Carlos Beas, Elías Sandoval, Humberto Ramírez, José Rizo y Eulogio Pimienta por su apoyo y amistad incondicionales.

Al Centro Internacional de Mejoramiento en Maíz y Trigo (CIMMYT) por el respaldo y las facilidades para la realización de este trabajo.

A todo el personal del Programa de Postgrado en Ciencias Agrícolas y Forestales del Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias de la Universidad de Guadalajara.

## LISTA DE CUADROS Y FIGURA

CUADRO	DESCRIPCION	PAG
1	Producción de maíz de alta calidad de proteína QPM en países en desarrollo.	6
2	Líneas que participaron en cada uno de los grupos heteróticos.	27
3	Análisis de varianza del diseño II de Carolina del Norte.	32
4	Cuadrados medios de cruzas de los ANOVA para cada localidad y coeficiente de variación por experimento.	36
5	Cuadrados medios del ANOVA combinado para cada una de las variables de estudio a través de 6 localidades.	37
6	Medias de las características agronómicas de las mejores cruzas para rendimiento de grano a través de 6 localidades según la prueba de DMS al 5% en el ciclo primavera-verano 2002 B.	38
7	Cuadrados medios para la variable rendimiento de grano con el Diseño II de Carolina del Norte en seis localidades en ciclo primavera-verano 2002.	43
8	Análisis de varianza del Diseño II de Carolina del Norte combinado a través de 6 localidades en el ciclo primavera-verano 2002.	44
9	Valores de aptitud combinatoria general por localidad (grupo heterótico "A") ciclo 2002 B.	45
10	Valores de aptitud combinatoria general por localidad (grupo heterótico "AB"), ciclo 2002 B.	46
11	Rendimiento de grano de las cruzas, promedio de rendimiento de grano de las líneas y valores de aptitud combinatoria general a través de 6 localidades ciclo 2002 B.	47
12	Coefficientes de semejanza de Jaccard calculados para cada par de líneas del estudio, incluidas dos líneas de control (CMLs) en el ciclo primavera-verano 2002.	50

13	Series de datos del "coeficiente de Jaccard" y "rendimiento de cruzas individuales" y valor del coeficiente de correlación ciclo 2002 B.	51
14	Coefficientes de correlación entre los valores estimados de aptitud combinatoria específica de cada localidad y los coeficientes de Jaccard para cada par de líneas comparadas ciclo primavera-verano 2002.	52
15	Resultados del método jerarquizado de rendimiento, estabilidad y consistencia de cruzas del diseño genético II de Carolina del Norte en el ciclo 2002 B.	56

FIGURA	DESCRIPCION	PAG
1	Dendograma UPGMA de distancias genéticas de acuerdo a los valores del coeficiente de semejanza de Jaccard para nueve líneas endocriadas y dos líneas de control (CMLs) de maíz en el ciclo primavera-verano 2002	54

#### LISTA DE CUADROS DEL ANEXO

CUADRO	DESCRIPCION	PAG
1 A	Pedigríe y promedios de las principales características agronómicas de las cruzas evaluadas a través de 6 localidades en el ciclo primavera-verano 2002.	66
2 A	Pedigríe y promedios de las principales características agronómicas de las cruzas evaluadas en Cotaxtla en el ciclo primavera-verano 2002.	68
3 A	Pedigríe y promedios de las principales características agronómicas de las cruzas evaluadas en el Agua Blanca en el ciclo primavera-verano 2002.	70
4 A	Pedigríe y promedios de las principales características agronómicas de las cruzas evaluadas en La Huerta en el ciclo primavera-verano 2002.	72

5 A	Pedigríe y promedios de las principales características agronómicas de las cruas evaluadas en Nueva Delhi en el ciclo primavera-verano 2002.	74
6 A	Pedigríe y promedios de las principales características agronómicas de las cruas evaluadas en Turipana en el ciclo primavera-verano 2002.	76
7 A	Pedigríe y promedios de las principales características agronómicas de las cruas evaluadas en Cuyutla en el ciclo primavera-verano 2002	78

## RESUMEN

El consumo humano de maíz en México es de cerca de 150 kg por person por año; sin embargo aproximadamente el 31.2% de la población padece desnutrición; por lo tanto es importante incrementar la calidad nutricional de el grano de maíz a través de alternativas como la utilización del gen *opaque-2* modificado ó QPM (Quality Protein Maize) en híbridos con alto rendimiento para las áreas tropicales y subtropicales de México. Por otra parte es importante incluir nuevas técnicas en la formación de híbridos como la de los marcadores moleculares para reducir el tiempo y el esfuerzo para identificar mejores progenitores con buena aptitud combinatoria general (ACG) y acelerar el proceso de incorporación de genes útiles en los cultivares. Los objetivos del presente trabajo fueron: i) estimar la ACG, la ACE y la distancia genética de 14 líneas de maíz QPM tropicales de CIMMYT, ii) identificar las mejores cruza simples de maíz QPM a través de su aptitud combinatoria específica y iii) determinar las ventajas y desventajas que ofrece el uso de los marcadores moleculares en comparación con la técnica tradicional de estimar la aptitud combinatoria. Se utilizaron dos grupos de líneas provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento en Maíz y Trigo (CIMMYT), 5 del grupo heterotico "A" y 9 del grupo heterotico "AB". Se utilizó el diseño II de Carolina del Norte para definir su ACG. Las cruza se sembraron en un diseño bloques al azar con dos repeticiones en 6 localidades (3 en México, 1 en Guatemala, 1 en India y 1 en Colombia) en el ciclo agrícola 2002B. Las 14 líneas fueron probadas con 30 marcadores moleculares para determinar la distancia genética y compararla con el método tradicional de ACG.

Se realizó un análisis de varianza combinado a través de 6 localidades mediante el uso del paquete estadístico SAS considerando ambientes y repeticiones como efectos aleatorios y los genotipos como efectos fijos. Se identificaron 10 cruza simples con rendimiento similar a los mejores híbridos de grano normal a través de las localidades de prueba. Se encontraron 2 líneas con alta ACG: la línea 1 con 0.538 y la línea 11 con 0.717 materiales que

pueden ser usados en programas de formación de híbridos QPM. Las mejores cruzas simples pueden ser usadas como híbridos *per-se* o para calcular las mejores cruzas dobles.

El análisis de correlación entre la distancia genética estimada a través del coeficiente de Jaccard de 9 de las líneas participantes (3 del grupo heterótico "A" y 6 del grupo heterótico "AB") y los valores de aptitud combinatoria específica de las 6 localidades de evaluación, presentó valores bajos (de - 0.2561 a 0.2930); la correlación entre el rendimiento promedio de las cruzas a través de los seis ambientes y el coeficiente de Jaccard también presentaron un valor bajo (-0.1830), valores que no son significativos por lo que se rechazó la hipótesis de que la distancia genética puede explicar las mejores combinaciones híbridas.

## INTRODUCCIÓN

El consumo por persona por año de maíz en México es de 150 kg al año, situación que ubica a este alimento como el producto de mayor volumen en la ingesta diaria. Por otra parte, las estadísticas señalan que 31.2 millones de mexicanos sufren de desnutrición que va desde moderada a severa. Este problema de nutrición se pudiera remediar mejorando la calidad nutricional de los alimentos que consume entre ellos el maíz. Por lo tanto, la formación de variedades de maíz de alta calidad de proteína (QPM) con buen rendimiento y características deseables para las regiones tropicales y subtropicales de México permitirá sustituir gradualmente a las variedades actuales de maíz.

Por otra parte, es impostergable evaluar nuevas técnicas de mejoramiento genético de maíz como el uso de marcadores moleculares que permitan hacer más eficiente la obtención de nuevos híbridos. En este caso, se plantea que las pruebas de aptitud combinatoria tradicionales requieren cuando menos de dos ciclos de cultivo, uno para formar las cruzas y otro para evaluarlas, lo cual podría ser abreviado si se obtienen los mismos resultados a través del uso de la distancia genética determinada mediante el uso de marcadores moleculares. De esta forma, para la realización del presente trabajo se plantean los objetivos e hipótesis que se describen a continuación.

### 1.1. Objetivos

1. Estimar la aptitud combinatoria general (ACG), aptitud combinatoria específica (ACE) de 14 líneas de maíz QPM seleccionadas para ser usadas como progenitoras de híbridos.

2. Identificar las mejores cruzas simples de maíz QPM por medio de la aptitud combinatoria específica, en base en sus características agronómicas

3. Determinar las ventajas y desventajas que ofrece el uso de los marcadores moleculares en comparación con la técnica tradicional de estimar la aptitud combinatoria.

## 1.2. Hipótesis

1. Existe una respuesta diferencial para los efectos de aptitud combinatoria general entre las líneas de maíz evaluadas, así como para los efectos de aptitud combinatoria específica en las cruzas simples formadas.
2. El uso de la técnica de marcadores moleculares permite hacer más eficiente la selección de cruzas simples de maíz ahorrando tiempo y recursos, en comparación con la estimación tradicional de la aptitud combinatoria mediante diseños genéticos.
3. Es factible seleccionar híbridos de maíz con alta calidad de proteína, rendimiento de grano y características agronómicas superiores a los testigos regionales en diferentes ambientes.

## 2. REVISION DE LITERATURA

### 2.1- La calidad de la proteína en el endospermo de maíz

Mertz *et al* (1964) consignan que el maíz de alta calidad de proteína ó QPM (por sus siglas en inglés Quality Protein Maize) tiene su origen en el descubrimiento del denominado maíz Opaco-2, mutante de endospermo que es responsable del incremento en los niveles de lisina y triptófano.

A pesar de las ventajas asociadas con los altos niveles de lisina y triptofano, Nelson (1977) señala los problemas para el manejo comercial de este mutante de tipo recesivo ( $o_2/o_2$ ), particularmente su consistencia harinosa que lo hace susceptible al ataque de plagas y enfermedades en campo y almacén, además de reducir su densidad y peso volumétrico hasta en un 20 %.

Vasal (1977) propuso el uso de los denominados genes "modificadores del endospermo harinoso" que le confieren al grano de maíz Opaco-2 una mayor densidad, dureza y vitrosidad, lo que le permite resistir el ataque de plagas y enfermedades. Además planteó que la fracción dura del endospermo del fenotipo modificado difiere de la fracción harinosa que tiene más proteína y menos contenido de lisina y triptofano, pero que existe suficiente variación genética para que con esquemas adecuados de selección se logre modificar la textura y densidad del grano sin perder la calidad de proteína; también estableció que la forma en que se heredan estos genes modificadores es compleja y actúan poligénicamente.

Duddley *et al* (1977) explican que el esquema empleado para la incorporación de los genes modificadores a maíces con alto contenido de proteína fue la selección interpoblacional por endospermo duro en poblaciones convertidas a Opaco-2. En seguida, por medio de selecciones adicionales, sistematizadas y monitoreadas de laboratorio se logró obtener una frecuencia estable de genes modificadores que no alteran el efecto del gen Opaco-2; finalmente esta estrategia permitió obtener familias de apariencia cristalina

aceptable de acuerdo con su contenido de proteína y triptófano.

Según reportan Hallauer *et al.* (2000) Los países en desarrollo desean producir maíz de alta calidad de proteína (QPM) con más alto contenido de lisina y triptófano, para proporcionar comida altamente nutricional para su gente. Sin embargo, el principal problema es que la producción de maíz en la mayoría de los países en desarrollo no es suficiente para la demanda interna. Muchas de las importaciones dependen de la producción de maíz en Estados Unidos. Por lo tanto, podría ser estratégico para los Estados Unidos producir QPM para así exportar maíz nutritivo a estos países. El CIMMYT ha logrado una amplia matriz de germoplasma de maíz Opaco-2 de endospermo duro a través del uso combinado de dos sistemas genéticos: el gene para el mejoramiento de la calidad de proteína y los genes modificadores del fenotipo de grano y para reducir los defectos agronómicos asociados al Opaco-2. En base a lo anterior Hallauer *et al* plantearon como objetivo del estudio determinar el comportamiento fenotípico y la aptitud combinatoria de líneas endogámicas QPM tropicales y subtropicales e identificar germoplasma superior adecuado con propósito de mejoramiento para el desarrollo de híbridos. 13 progenitores (7 tropicales y 6 subtropicales) fueron utilizados en un estudio dialélico conducido cerca de Ames, Iowa, durante el verano 2001. Se registró información para rendimiento de grano por mazorca, tiempo de floración y altura de planta. Se tomaron solamente características de calidad, tales como contenido de proteína, lisina y triptofano, en 32 de las mejores cruzas para rendimiento. Los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) fueron altamente significativos para las 3 características. CML177 tuvo el más alto rendimiento de grano 62.8 gm/mazorca, y la craza CML144 x CML177 tuvo el más alto rendimiento con 132 gm/mazorca. CML186, una línea endogámica subtropical tuvo el más bajo rendimiento como progenitor, pero tuvo el mejor comportamiento en la craza con CML177. La heterosis progenitora más alta para el rendimiento de grano por mazorca fue contrastante; fue alta pero de ambos tipos, negativa en algunas cruzas (CML145 x CML173 y CML146 x CML176) y positiva en otras cruzas (CML149 x CML159 y CML158 x CML186). Las cruzas tropical X subtropical entre las líneas más rendidoras, también tuvieron el más alto

contenido de lisina y triptofano. El contenido de triptofano fue cerca de 47% más alto que el mejor testigo. El alto contenido de triptofano en la mayoría de las cruzas correspondió con el más alto contenido de lisina ( $r = 0.45$ ), pero la correlación de triptofano con proteína fue baja ( $r = 0.26$ ). Las cruzas de rendimiento más alto con los efectos positivos de ACE fueron: CML147 x CML177 (25.8) y CML173 x CML177 (17.5). Los resultados químicos y fenotípicos sugieren que los progenitores CML177, CML176 y CML158 podrían ser usados como fuentes de germoplasma blanco QPM en un programa de mejoramiento para el desarrollo de híbridos.

Pixley y Bjarnason (2002) señalan que la calidad de proteína en maíz (*Zea mays* L.) (QPM) puede ayudar a aliviar la desnutrición humana y reducir los costos la alimentación animal porque contiene la mutación Opaco-2 la cual resulta en el incremento de las concentraciones de lisina y triptofano y un valor biológico más alto como alimento en comparación al maíz normal. Sin embargo, para ser comercialmente exitosos los cultivares QPM podrían ser agronómicamente competitivos a través de la alternativa de endospermo normal que además de lograr consistentemente la calidad de proteína esperada consigan la modificación del endospermo (fenotipo casi normal ó traslucido) estándar. Para evaluar la estabilidad del rendimiento de grano, el contenido de proteína, la calidad de la proteína y la modificación del endospermo de cultivares QPM, evaluaron 18 cruzas simples, 18 cruzas triples 18 cruzas dobles y 8 cultivares de polinización abierta (OPCs) desarrollados en 13 localidades tropicales en cuatro continentes. Los híbridos promediaron 13% más rendimiento de grano que las OPCs (5.97 y 5.17 ton/ha), mientras que la concentración de proteína en grano fue 2% superior para las OPCs en relación a los híbridos (94.6 y 92.4 g/kg). La calificación de modificación de endospermo y la concentración de triptofano en proteína fueron similares para todos los tipos de cultivares. La interacción genotipo x ambiente y la suma de cuadrados para las desviaciones a partir de la regresión lineal ( $S^2_d$ ) para rendimiento de grano y concentración de proteína en grano fueron las más significativas (indicando menor estabilidad) para los híbridos simples, seguidos de los híbridos trilineales, híbridos dobles y OPCs, respectivamente. La tendencia a la inversa fue observada para la calificación de la modificación de endospermo,

sugiriendo que a mayor homogeneidad de los cultivares se tiene mayor estabilidad para esta característica. Los efectos medios de aditividad y el análisis de interacciones multiplicativas (AMMI) indicaron que los efectos de interacción genotipo x ambiente para rendimiento de grano y calificación de la modificación de endospermo fueron diferentes para híbridos y OPCs; ciertos ambientes favorecieron a los híbridos y otros a las OPCs. En conclusión: (i) la calidad de proteína y la calificación de la modificación de endospermo estuvieron siempre dentro de los valores esperados para QPM; (ii) la concentración de triptófano en proteína fue la característica más estable, seguida por la concentración de proteína en grano, la calificación de modificación de endospermo y finalmente el rendimiento de grano.

En esta nueva etapa de desarrollo de los maíces de alta calidad de proteína se puede anticipar un gran interés por parte de los países en desarrollo por adoptar esta importante tecnología que contribuiría de manera significativa a reducir la desnutrición de los pueblos, particularmente de aquellos donde el maíz forma parte importante de su dieta diaria como es el caso de México, que es uno de los líderes en producción de este tipo especial de maíz mejorado, como se aprecia en las proyecciones planteadas por el CIMMYT en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Proyecciones en producción de maíz de alta calidad de proteína QPM en países en desarrollo.

País	Año 2000	Año 2003
Oeste de África	5 000 ha	
Brasil	50 000 ha	50 000 ha
Norte de África	10 000 ha	
China	400 000 ha	400 000 ha
Colombia	Nuevo Desarrollo	50 000 ha
El Salvador	5 000 ha	120 000 ha
Etiopía	Nuevo Desarrollo	
Ghana	200 000 ha	100 000 ha
Guatemala	3 000 ha	100 000 ha
Guinea	5 000 ha	

Guinea	5 000 ha	
India	Nuevo Desarrollo	
Mali	10 000 ha	
México	300 000 ha	2 500 000 ha
Nicaragua	Nuevo Desarrollo	25 000 ha
Perú	Nuevo Desarrollo	50 000 ha
Sudáfrica	50 000 ha	
Venezuela	Nuevo Desarrollo	100 000 ha
Vietnam	Nuevo Desarrollo	
TOTAL	1 038 000 ha	3 495 000 ha

Fuente: CIMMYT

## 2.2. La aptitud combinatoria general y específica

La aptitud combinatoria se define como "el comportamiento relativo de líneas ó variedades usadas como progenitores" (Allard, 1975; Brauer, 1981 y Robles, 1982). Este comportamiento puede ser específico o general. El primero se evalúa por la capacidad de rendimiento de cada una de las cruzas así como por el potencial de cada combinación híbrida en particular. El segundo se mide por el promedio de rendimiento de una línea o variedad al aparearse con varias otras.

Sprague y Tatum (1942) clasifican dicha aptitud en general y específica y establecen que el término de aptitud combinatoria general (ACG) se usa para designar el comportamiento promedio de una línea en diferentes combinaciones híbridas, mientras que el término de aptitud combinatoria específica (ACE) es para aquellos casos en los cuales ciertas combinaciones son relativamente mejores o peores de lo que se esperaría en el comportamiento promedio de las líneas involucradas. Por otra parte, mencionan que la varianza de la ACG provee de información sobre la importancia de los genes con efectos principalmente aditivos, mientras que los

valores de varianza de ACE dependen de genes con efectos de dominancia o epistáticos del tipo aditivo por dominancia y dominancia por dominancia.

Previo a la definición de Sprague y Tatum (1942), normalmente se evaluaba la aptitud de las líneas cruzándolas con una variedad (mestizos) o con otras líneas formando las  $(n)(n-1)/2$  cruza simples; en uno y otro caso se descartaban las líneas que se consideraban como indeseables. Se tenía la desventaja de que el número de líneas a cruzar no debería ser grande debido a las limitaciones económicas al incrementar el número de cruza simples posibles por evaluar.

En su estudio, Sprague y Tatum,(1942) concluyeron que es preferible usar los mestizos para evaluar en forma preliminar las líneas en cuanto a su aptitud combinatoria general y que la prueba de cruza simples es más adecuada para evaluar las combinaciones específicas más promisorias ya que aunque esta prueba revela diferencias en ACG, la eliminación mayor en base a ACG puede hacerse en forma más económica con la prueba de mestizos.

Preciado *et al* (1998) formaron híbridos trilineales con valor agregado de calidad de proteína e hicieron una comparación de sus predicciones por ACE a través del método de Jenkins (1934) en base en un experimento dialélico con 10 líneas de maíz QPM, con los rendimientos de campo en localidades tropicales y subtropicales de México. Las medias de rendimiento más altas en 5 localidades fueron para 2 cruza simples CML 186 x CML 149 y CML 186 x CML 142 con 10.99 y 10.63 ton/ha respectivamente. En estabilidad, 3 cruza predichas como superiores, lo fueron en relación al testigo en las localidades subtropicales y 4 para las localidades tropicales.

García (2000) señala que la sequía en maíz es el factor que más pérdidas ocasiona en el rendimiento de grano después de la deficiencia de nitrógeno en las áreas tropicales y subtropicales de México lo cual justifica desarrollar variedades e híbridos resistentes a la sequía; ante esto es indispensable conocer la aptitud combinatoria de las líneas y evaluar la estabilidad de las cruza en ambientes contrastantes con estrés y sin estrés

para seleccionar las de comportamiento más estable. García (2000) se encontró que la varianza de la ACG para el rendimiento y otros 11 caracteres agronómicos estudiados fue mayor que la varianza de la ACE en todos los casos. La varianza de ACG para rendimiento se modificó y fue menor cuando se evaluó en condiciones con estrés que bajo condiciones normales. Mientras que la ACE mantuvo valores similares en los dos tipos de ambientes; aunque la tendencia fue similar al ser menor en condiciones de estrés que en condiciones normales. En relación a la estabilidad de las cruzas, se encontró que las líneas resistentes y las tolerantes participaron como era de esperarse con un mayor número de cruzas en el grupo de alto rendimiento y estables, en comparación con las líneas susceptibles a la sequía.

Yu y Tuinstra (2001) refieren que la siembra de sorgo para grano (*Sorghum bicolor* L. Moench) en etapas tempranas podría contribuir a alargar la estación de crecimiento y a la utilización más efectiva de la primavera tardía y el verano-otoño temprano. Pero la siembra temprana se dificulta por un pobre vigor de las plántulas en condiciones de temperatura fría. Se han identificado fuentes de tolerancia al frío, pero poco se conoce acerca de la herencia de esta característica. Con base en lo anterior este estudio se enfocó a determinar la aptitud combinatoria para características de crecimiento de plántulas en condiciones de temperatura fría en líneas de sorgo genéticamente divergentes usando un esquema de cruzas del diseño II. Las líneas progenitoras y sus híbridos fueron evaluados en condiciones de plantación normal y temprana en el campo. Las características medidas fueron: emergencia, índice de emergencia, número de hojas, vigor y peso seco. Se observaron diferencias significativa entre tratamientos. Entre híbridos las diferencias fueron principalmente debido a los efectos de la ACG. Estos resultados indican que la ACE es más importante que la ACE en el mejoramiento genético para vigor de plántula en sorgo. La heterosis tuvo efectos favorables en todas las características medidas en las plántulas.

Betran *et al.* (2002) explican que la contaminación por aflatoxinas en la precosecha es una de las principales limitantes para la producción de maíz (*Zea mays* L.) en el sur de Estados Unidos, causando enormes pérdidas

económicas y riesgos para la salud humana y animal; en base de esto realizaron un estudio al respecto donde los objetivos fueron: (i) evaluar y comparar híbridos de fuentes nuevas y potencial seleccionado de resistencia a AF para acumulación bajo condiciones de campo, (ii) identificar las líneas puras con la expresión más consistente de resistencia bajo diferentes combinaciones híbridas y condiciones de crecimiento y (iii) estimar la aptitud combinatoria de líneas puras blancas y amarillas para la acumulación de aflatoxinas y características secundarias. Se evaluaron 2 dialélicos entre seis líneas puras blancas locales y exóticas y 6 líneas puras amarillas de maíz en 3 localidades en Texas. Para la inoculación con *Aspergillus flavus* Link:Fr el aislado NRRL-3357 se colocó directamente en una parte del canal del tallo o a través de granos infectados sobre la superficie del suelo, lo cual fue efectivo en la promoción de la acumulación de AF en los híbridos. Los híbridos blancos con baja aflatoxina fueron CML269 x TxX24 y CML269 x CML176. Por otro lado CML269, CML176 y CML322 fueron las líneas puras blancas con los valores más bajos de AF y más consistentes en los híbridos y además tuvieron la mejor aptitud combinatoria general para la resistencia a aflatoxinas. Los híbridos amarillos con baja AF fueron FR2128 x Mp715, Tx772 x Mp715 y Tx772 x CML326. Tx772 y FR2128 que tuvieron la mejor aptitud combinatoria general para AF reducida a través de las localidades ó en localidades específicas. Las líneas puras CML326 y Tx772 presentaron consistencia en la baja acumulación de aflatoxina en híbridos a través de ambientes. Los contenidos de AF fueron correlacionados con cobertura de mazorca, tasa de pudrición de mazorca y daño por insectos. Las líneas puras exóticas tienen factores genéticos que pueden contribuir a la reducción de la contaminación por aflatoxinas.

Egesel *et al* (2003), para estimar la variación genética entre un grupo de líneas puras y su mejoramiento potencial, utilizaron la aptitud combinatoria de 2 tocoferoles y 4 carotenoides en un dialélico de 45 híbridos de maíz. Diez líneas endogámicas fueron seleccionadas por la variación en el color del endospermo (amarillo a naranja), niveles de tocoferol y contenido de aceites. Las cruas fueron evaluadas por 2 años (1998 y 1999) en Urbana, Illinois, en un diseño de bloques completamente al azar con 3 repeticiones. La

cromatografía con líquido de alta presión fue usada para ensayo de cuatro carotenoides (luteína, zeaxantina,  $\beta$ -criptoxantina y  $\beta$ -caroteno) y 2 tocoferoles ( $\alpha$ -tocoferol y  $\gamma$ -tocoferol). Se observó una buena concordancia entre las medias anuales para los 6 componentes lo que indica efectos ambientales menores. El análisis dialélico indicó que entre 72 y 87% del total de las sumas de cuadrados para los híbridos de los 6 componentes fueron atribuidas a los efectos de aptitud combinatoria general. Se encontraron efectos de aptitud combinatoria específica significativos para varias cruzas. Las estimaciones de los efectos de aptitud combinatoria general indicaron que A619 tenía altos valores para luteína,  $\beta$ -criptoxantina y carotenoides totales. La línea pura R84 fue un genotipo pobre para pigmentos xantofilicos pero un aportador significativo para  $\beta$ -caroteno y  $\gamma$ -tocoferol y tocoferol total. Estos híbridos de maíz indican reservas genéticas que pueden ser desarrolladas con altos niveles de provitamina A y vitamina E.

La selección recurrente (RS) es un método de mejoramiento poblacional que incrementa la frecuencia de los alelos favorables mientras que mantiene la variación genética en las poblaciones mejoradas. Doerksen *et al* (2003) utilizaron 12 poblaciones RS de maíz (*Zea mays* L.) de la universidad de Guelph, seleccionadas vía selección recíproca recurrente (RRS), selección recurrente de progenies autofecundadas (S) ó un método combinando RRS y S (COM), para evaluar los cambios en la estructura genética del rendimiento de grano, humedad de grano y tallos rotos, y 2 índices de selección asociados. La separación de las sumas de cuadrados a partir de las cruzas dialélicas de las poblaciones de los ciclos original ( $C_0$ ) y avanzado ( $C_A$ ) usando los análisis II y III de Gardner y Eberhart indicaron que ocurrió mejoramiento genético para el comportamiento de cruzas y de la mayoría de las poblaciones *per se*. Paralelamente los cambios favorables en el comportamiento poblacional fueron poco favorables a partir predominantemente de efectos genéticos aditivos en  $C_0$  para efectos genéticos no-aditivos en  $C_A$ ; estos cambios no lo son sustancialmente en la estimación de la aptitud combinatoria general ( $g_i$ ) de la mayoría de las poblaciones: sin embargo, para el rendimiento de grano los componentes subyacentes de los efectos de  $g_i$  fueron alterados en su importancia relativa. Los efectos de ACG en la  $C_0$  fueron causados

principalmente por los efectos *per se* de la población ( $v_i$ ), mientras que en  $C_A$  los efectos de ACE fueron causados predominantemente por los efectos heteróticos de los progenitores.

### 2.3. Diseño II de Carolina del Norte

El diseño genético II de Carolina del Norte fue descrito por Comstock y Robinson (1948). Sus características básicas son muy semejantes a las de los llamados sistemas dialélicos en cuanto a utilidad y resultados; sin embargo, resulta más simple y económico en su manejo. Si se consideran ambos diseños (dialélico y diseño genético II) con un mismo número de progenitores (8 para el ejemplo) en el sistema dialélico en forma directa se tendrían  $n(n-1)/2$  cruzas, esto es  $8(7)/2 = 28$  cruzas y si se consideran las recíprocas el doble o sea 56. Si se utiliza el sistema del diseño genético II se tendrían  $(n^2)/4$  cruzas, esto es  $(8)^2 / 4 = 16$ , que es la consecuencia de repartir a los 8 progenitores en 2 grupos de 4 donde un grupo actúa como hembras y el otro hace la función de machos. Cuando se consideran números grandes de progenitores resulta más manejable el diseño genético II que los dialélicos; en cuanto a el análisis de varianza ambos sistemas. Los valores esperados de los cuadrados medios de machos y hembras permiten estimar la ACG y la variación macho x hembra es equivalente a la ACE del análisis dialélico.

El diseño genético II no ha sido utilizado en maíz con tanta frecuencia como los dialélicos. Hallauer lo usó (1970) para estimar componentes genéticos de la varianza en poblaciones no mejoradas de maíz. El diseño II tiene las siguientes ventajas sobre los diseños dialélicos, si uno está interesado en estimar las componentes de varianza de una población determinada: (1) pueden ser incluidos más progenitores para un nivel dado de fuentes, (2) se dispone de dos estimaciones de la varianza genética aditiva  $\delta^2_A$  la de hembras y la de machos, (3) la estimación de la varianza de dominancia  $\delta^2_D$  está determinada directamente a partir de los cuadrados medios y (4) un gran número de progenitores puede ser incluido por la subdivisión de los progenitores en grupos. Las ventajas 1 y 4 están relacionadas y pueden ser utilizadas para incrementar el muestreo de la población determinada. El

agrupamiento de los progenitores permite combinar las sumas de cuadrados sobre grupos; en el presente trabajo se desea obtener estimaciones de los efectos de aptitud combinatoria más que la comparación de medias.

#### 2.4. Los marcadores genéticos y su utilización en el mejoramiento de plantas

Moreno (1997) señala que la eficiencia de la selección de plantas asistida por marcadores genéticos (MAS) es una estrategia para identificar QTL's (loci de características cuantitativas) responsables de la heterosis; esto ayuda a mejorar la ganancia genética en algunos esquemas de mejoramiento si se parte de germoplasma mejorado de tal forma que se localizan marcadores asociados a QTL's y se construye un índice que combine el comportamiento de la característica bajo selección y la manifestación del marcador asociado con el QTL.

Marsan *et al* (1998) indican que el reto para los mejoradores de maíz es identificar las líneas puras mejoradas que produzcan híbridos altamente heteróticos a través de métodos más eficientes y modernos; para ello realizaron un estudio en donde midieron la divergencia genética entre 13 líneas puras mejoradas de maíz usando marcadores de ADN y evaluaron la relación entre la distancia genética y el comportamiento de híbridos en un diseño dialélico con la serie de cruzas entre ellas mismas. Las líneas progenitoras ensayadas para polimorfismo de ADN usaron 135 polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (RFLP) (Restriction Fragment Length Polimorphism) y 209 polimorfismos de longitud de fragmentos amplificados (AFLP) (Amplified Fragment Length Polimorphism). Se detectó una variación considerable entre líneas endogámicas con marcadores RFLP y AFLP. Además los AFLPs detectaron más eficientemente polimorfismos en comparación con los RFLPs, debido al amplio número de loci ensayados en una reacción simple de PCR. Las distancias genéticas (GDs) calculadas a partir de la información de AFLP y RFLP, fueron muy amplias entre líneas pertenecientes a diferentes grupos heteróticos comparadas con las líneas del mismo grupo heterótico. El análisis de agrupamiento basado en distancias genéticas reveló asociaciones entre

líneas lo cual coincidió con las expectativas basadas en la información de pedigríe. Los valores de GD de las 78 cruzas  $F_1$  fueron repartidas dentro de los componentes general (GGD) y específico (SGD). Las correlaciones de GD con el comportamiento de las cruzas  $F_1$  para rendimiento de grano fueron positivas pero muy pequeñas para usarse como valores predictivos. Las correlaciones de SGDs, particularmente aquellas basadas en información de AFLP, con los efectos de aptitud combinatoria específica para el rendimiento pueden tener una utilidad práctica en la predicción del comportamiento de híbridos.

La técnica de RAPD-PCR fue usada por Joyce *et al* (1999) para caracterizar molecularmente una serie líneas endogámicas en generaciones avanzadas de trébol blanco (*Trifolium repens* L.). Se estimó la distancia genética entre las líneas y se comparó con la extensión de la heterosis positiva para rendimiento de materia seca en cruzas híbridas. El análisis separó claramente los cuatro grupos mayores (H,J,R y S), con pequeña variación dentro de grupo. La heterosis previamente mostró estar positivamente correlacionada con la variación fenotípica entre líneas progenitoras, siendo mayor entre líneas de los grupos que mostraron la menor distancia genética. La falta de correlación entre la heterosis y la divergencia genética se discutió en el contexto de los resultados a partir de otros sistemas. Además, la información permitió la comparación de la variación fenotípica para una característica bajo presión de selección con el grado de variación del nivel de ADN detectado con la técnica de RAPD.

Tracy *et al* (2000) explica que los marcadores moleculares RFLP y AFLP son una fuente ilimitada de marcadores genéticos en maíz, aprovechando esto se han hecho intentos para predecir el comportamiento de la  $F_1$  basada en la distancia genética; sin embargo, en las cruzas entre y dentro de grupos la capacidad predictiva ha sido baja. En este contexto hicieron un estudio de divergencia molecular y su relación con el comportamiento de la  $F_1$  con 7 familias derivadas de la población del CIMMYT P-39 basados en polimorfismos detectados con RFLP y AFLP. Los resultados indican que la variación de RFLP tuvo correlación altamente significativa con altura de planta ( $r = 0.75$ ) y altura de mazorca ( $r = 0.91$ ), mas no así con el peso de 10

mazorcas. Por su parte, la variación de AFLP se comportó a la inversa presentando correlación altamente significativa con el peso de 10 mazorcas ( $r = 0.82$ ) y no significativa para altura de planta y mazorca. Finalmente concluyen que las amplias diferencias genéticas están asociadas a los cambios morfológicos que resultan de aislar estas características y sus diferencias son suficientes para resultar en cambios significativos en la aptitud combinatoria.

Cheres *et al* (2000) describen que la heterosis es significativa para el rendimiento de semilla y es una de las fuerzas motrices que respalda la industria de la semilla híbrida en girasol (*Helianthus annuus* L.) cultivado. Los grupos heteróticos en girasol, (grupos de líneas endogámicas machos y hembras), no han sido suficientemente estudiados ó descritos, por lo cual se planteó un estudio para evaluar la utilidad y validez de una serie de grupos heteróticos propuestos y estimar las correlaciones entre la distancia genética, la heterosis y el comportamiento de híbridos para rendimiento de semilla en girasol. Se desarrollaron 42 hembras para cada grupo heterótico macho (A x R) y 81 hembras para cada grupo heterótico hembra (A x B) como híbridos de cruce simple, en Corvallis, Oregon y Casselton, Nueva Delhi, en 1996 y 1997. La heterosis fue significativa para rendimiento de semilla y altura de planta, pero no para concentración de aceite en semilla y días a floración. La distancia genética (GD) correlacionó significativamente con rendimiento de semilla híbrida; estimada a partir de la huella genética por AFLP se obtuvo un valor de  $r = 0.63$  con híbridos (A x R) y  $r = 0.79$  con híbridos (A x B), pero no correlacionó a partir de coancestrías ( $G_c$ ), en donde se obtuvo un valor de  $r = -0.02$  para híbridos (A x R) y  $r = 0.54$  para híbridos (A x B). La distancia genética (GD), presentó en general un coeficiente de determinación  $R^2 = 0.4$ , que fue un indicador pobre del rendimiento de semilla híbrida. Los grupos heteróticos propuestos en girasol parecen tener utilidad por no estar fuertemente diferenciados como sucede en maíz (*Zea mays* L.). Los híbridos de rendimiento alto fueron los que se formaron a partir de los patrones heteróticos B-C x R-B; sin embargo, varios híbridos B-C x B-C (híbridos dentro de grupo) estuvieron entre los híbridos más rendidores. El comportamiento destacado de ciertos híbridos B-C x B-C en la distribución deja algunas dudas de la validez de el

grupo B-C. Una diversidad genética sustancial se presenta aparentemente entre y dentro de los grupos heteróticos en girasol.

Wu y Dai (2000) analizaron la relación entre los marcadores y el cociente "Rendimiento del híbrido/heterosis" en maíz (*Zea mays* L). El material consistió en 17 líneas endogámicas y sus 136 híbridos de cruce simple en un diseño de cruces dialélicas. Los resultados indicaron que la distancia genética (GD) basada en información de AFLP correlacionó significativamente con el cociente "Rendimiento del híbrido/heterosis"; los coeficientes de correlación fueron 0.4503 y 0.3714, respectivamente, en 1997, y 0.4352 y 0.3253, respectivamente, en 1998; pero el coeficiente de determinación  $R^2$  fue bajo. La correlación entre distancia genética y el cociente "Rendimiento del híbrido/heterosis" fue diferente cuando los materiales progenitores probados fueron otros. En particular, los materiales progenitores no estuvieron relacionados con las líneas, la distancia genética no estuvo relacionada con el cociente "Rendimiento híbrido/heterosis del rendimiento". Los resultados sugieren que los AFLP con alto polimorfismo pueden ser usados para investigar la relación entre líneas autofecundadas de maíz, aunque ellas sean de valor limitado para predecir el rendimiento híbrido y el rendimiento de heterosis de maíz.

En un trabajo realizado por Warburton *et al* (2002) 7 poblaciones de CIMMYT y 57 líneas endogámicas fueron caracterizadas por medio de marcadores de repetición de secuencias simples (SSR). Los SSR se escogieron a partir de casi todos los contenidos en el mapa genético del maíz, por su repetibilidad, facilidad de automatización en identificación alélica, y discriminación (contenido de información). 85 SSR resultaron deseables y fueron corridos en todo el material estudiado. 53 de estos SSRs resultaron los más. Las 7 poblaciones mejoradas serían predichas en base a su agrupamiento de pedigríe y heterótico. La diversidad genética dentro de cada población fue significativamente superior a la diversidad entre las poblaciones, indicando que las poblaciones son heterogéneas en el nivel molecular. Las líneas endogámicas mostraron también un alto nivel de diversidad genética, indicando que los mejoradores de CIMMYT han tenido éxito en la incorporación

de considerable diversidad genética dentro del germoplasma de maíz. Solamente se agruparon las líneas estrechamente relacionadas por pedigríe. La población de origen y el agrupamiento heterótico no se asociaron con los agrupamientos formados en base a los marcadores SSR, un resultado consistente con el alto nivel de diversidad dentro las poblaciones fuente de las líneas endogámicas. Aunque esto hará más difícil asignar por medio de marcadores líneas endogámicas a los grupos heteróticos que actualmente existen, los marcadores pueden ser útiles en el refinamiento de los grupos heteróticos introduciendo adicionalmente más uniformidad a los grupos

## 2.5. La distancia genética y su relación con la diversidad genética

La distancia genética, por semejanza entre dos genotipos, poblaciones ó individuos puede ser calculada con varias medidas dependiendo de la serie de datos. La discusión sobre varias medidas de la distancia están disponibles en la literatura (Nei, 1987; Weir, 1996; Beaumont et al, 1998).

La distancia euclidiana es la forma más comúnmente usada para la estimación de la GD entre individuos (genotipos o poblaciones) en datos morfológicos. La distancia euclidiana entre dos individuos  $i$  y  $j$  teniendo observaciones sobre caracteres morfológicos ( $p$ ) simbolizado por  $x_1, x_2, \dots, x_p$  y  $y_1, y_2, \dots, y_p$  para  $i$  y  $j$  respectivamente, puede ser calculada por la siguiente formula:

$$d_{(i,j)} = [(x_1 - y_1)^2 + (x_2 - y_2)^2 + \dots + (x_p - y_p)^2]^{1/2}$$

Con base a los datos obtenidos por medición de características cuantitativas en líneas mejoradas. Smith et al; (1991) aplican otra medida de distancia como sigue:

$$d_{(i,j)} = \sum [(T_{1(i)} - T_{2(i)})^2 / \text{var}T_i]^{1/2}$$

Donde  $T_{1(i)}$  y  $T_{2(i)}$  son los valores de la  $i$ -ésima característica las líneas mejoradas 1 y 2, respectivamente, y la  $\text{var}T_i$  es la varianza para la  $i$ -ésima característica sobre todas las líneas mejoradas.

Gower (1991) describió un coeficiente general para la medición de la distancia genética entre individuos en base a dos tipos de características las cualitativas y las cuantitativas. Para características cualitativas la distancia genética entre dos individuos es registrada como 0 (para el heterocigote) y 1 (para el homocigote). Para caracteres cuantitativos la distancia entre dos individuos es calculada como la diferencia en los valores de la característica divididos entre el rango total para la característica.

Este método convierte las distancias para caracteres cuantitativos a valores específicos en una escala de 0 a 1; esto permite al mismo tiempo usar ambos tipos de datos cuantitativos y cualitativos en la generación de una matriz de distancia. Para este propósito las distancias de los caracteres individuales para cada par de individuos se suman y luego se dividen entre el número de caracteres registrados en ambos individuos.

La medición de la distancia de Gower entre individuos ( $i$  y  $j$ ) se define como  $DG_{ij} = 1/p \sum w_k d_{ijk}$ , donde  $p$  es el número de caracteres,  $d_{ijk}$  es la contribución de la  $k$ -ésima característica a la distancia total entre dos individuos;  $d_{ijk} = x_{ik} - x_{jk}$  donde  $x_{ik}$  y  $x_{jk}$  son los valores del  $k$ -ésimo carácter de los individuos  $i$  y  $j$  respectivamente y  $w_k = 1/R_k$  donde  $R_k$  es el rango de la  $k$ -ésima característica en la muestra (Franco et al, 1997). Varias mediciones de la distancia genética han sido propuestas para el análisis de la información de marcadores moleculares con el propósito de analizar la diversidad genética. Para la información de marcadores moleculares donde los productos amplificados pueden ser igualados a los alelos, como en el caso de la repetición secuencias simples (SSR) y los polimorfismos de la longitud de los fragmentos de restricción (RFLP) las frecuencias de los alelos, se pueden calcular. La distancia genética entre el individuo  $i$  y el  $j$ , puede ser estimada usando la fórmula:

$$d_{(i,j)} = Constante \left[ \sum_{a=1}^n (X_{ai} - X_{aj})^{1/r} \right]$$

Donde  $X_{ai}$  es la frecuencia del alelo  $a$  para el individuo  $i$ ,  $X_{aj}$  es del alelo  $a$  para el individuo  $j$   $n$  es el número de alelos por locus y  $r$  es la constante

basada en el coeficiente usado. En la forma mas simple (cuando  $r = 1$ ) la distancia genética puede ser calculada como

$$d_{i,j} = \frac{1}{2} \sum_{a=1}^n (X_{ai} - X_{aj})$$

Cuando  $r = 2$ ,  $d_{ij}$  es referenciada como la medición de la distancia de Rogers (1972) (RD), donde

$$RD_{ij} = \frac{1}{2} \left[ \sum (X_{ai} - X_{aj})^2 \right]^{1/2}$$

Aunque las frecuencias de los alelos pueden ser calculadas por alguno de los marcadores moleculares, la información se emplea más ampliamente para generar una matriz binaria para su análisis estadístico. Las mediciones comúnmente usadas de la distancia genética ó de la semejanza genética (GS) usando tal información binaria son: (i) el coeficiente de Nei y Li (1979) ( $GD_{NL}$ ), (ii) el coeficiente de Jaccard (1908) ( $GD_J$ ), (iii) el coeficiente de emparejamiento simple ( $GD_{SM}$ ) (Sokal y Michener, 1958) y (iv) distancia modificada por Rogers ( $GD_{MR}$ ). Las distancias genéticas determinadas por estas mediciones se estiman como sigue:

$$GD_{NL} = 1 - [2N_{11} / (2N_{11} + N_{10} + N_{01})]$$

$$GD_J = 1 - [N_{11} / (N_{11} + N_{10} + N_{01})]$$

$$GD_{SM} = 1 - [(N_{11} + N_{00}) / (N_{11} + N_{10} + N_{01} + N_{00})]$$

$$GD_{MR} = [(N_{10} + N_{01}) / 2N]^{1/2}$$

donde  $N_{11}$  es el número de bandas (alelo presente en ambos individuos),  $N_{00}$  es el número de bandas (alelo ausente en ambos individuos),  $N_{10}$  es el número de bandas (alelo presente solo en el individuo  $i$ ),  $N_{01}$  es el número de bandas (alelo presente solo en el individuo  $j$ ) y  $N$  representa el total del número de bandas (alelos)

$GD_J$  toma en consideración sólo apareamientos entre bandas (alelos que están presentes y pares ignorados en los cuales una banda (el alelo esta ausente en ambos individuos). En contraste,

$GD_{NL}$  mide la proporción de bandas (alelos compartidos como resultado ser heredados a partir de un ancestro común), y representa la proporción de bandas (alelos presentes y compartidos en ambos individuos divididos por el promedio de proporción de bandas) (alelos presentes en cada uno de los individuos).

$GD_{SM}$  es una medida euclidiana de distancia se toma dentro de la descripción apareados y no apareados y les da igual peso a ambos en la estimación de la distancia genética.

$GD_{MR}$  es otra medición de distancia euclidiana, considera cada uno de los locus registrados como una dimensión ortogonal (Link et al, 1995; Johns et al, 1997).

Dillmann y Guerin (1998) señalan que en Francia para que una nueva variedad sea registrada en el listado nacional de protección de patentes tiene que ser distinta de todas las variedades ya registradas, uniforme y estable. Para ello, se efectúa la distinción en relación con las características morfológicas, pero la decisión final se toma por un comité de expertos, por ello señalan que en el futuro, los marcadores moleculares podrían también usar, como nueva estrategia para la administración de colecciones de referencia. El principal objetivo de su trabajo fue investigar las relaciones entre las distancias moleculares y morfológicas y la opinión de los expertos en maíz. Los expertos respondieron dando una estimación visual del grado de parentesco entre las líneas puras mejoradas. Los resultados validaron el enfoque francés de distinción a través de un índice de distancia morfológica como primer cálculo, y después usarlo como un tamiz para observar cuidadosamente solo las variedades más cercanamente emparentadas. Los expertos mostraron también que son capaces de reconstruir el parentesco entre dos líneas a partir de sus fenotipos. En este sentido, ellos fueron mucho mejores que los índices de distancia morfológica y molecular.

Benchimol *et al* (2000) evaluaron 8 líneas endogámicas de maíz tropical derivadas a partir de la población sintética Thai (BR-105) y 10 líneas a partir de la población compuesto Brasileño (BR-106), a través RFLP con 185 combinaciones de clones-enzima. El objetivo de este estudio fue investigar las

distancias genéticas entre el material de maíz tropical y su relación con la distribución de los grupos heteróticos y el desarrollo de híbridos. Las GD fueron en promedio superiores para las líneas BR-105 x BR-106 (0.77) en comparación con líneas BR-106 x BR-106 (0.71) y las líneas BR-105 x BR-105 (0.69). El análisis de agrupamiento dio como resultado una clara separación de las poblaciones BR-105 x BR-106 y se comportó de acuerdo con la información de pedigríe. Las correlaciones de GD de los progenitores con las cruzas simples y su heterosis para rendimiento de grano fueron altas para cruzas de líneas a partir del mismo grupo heterótico y bajas para la combinación de líneas a partir de diferentes grupos heteróticos. Los resultados sugieren las GD basada en RFLP son eficientes y confiables para evaluar y discriminar genotipos a partir poblaciones de maíz tropical hacia los grupos heteróticos. Sin embargo, las GD basadas en RFLP no fueron adecuadas para la predicción del desarrollo de cruzas de líneas a partir de grupos heteróticos genéticamente diferentes.

Shieh y Thseng (2002) emplearon la técnica RAPD basada en PCR para evaluar la diversidad genética de 13 líneas autofecundadas de maíz, y para determinar la correlación entre la distancia genética y el rendimiento de los híbridos de cruza simple desarrollados. Seis de estas líneas provienen de la población Taichung y las otras se derivaron de 7 fuentes diferentes. Se usaron 40 primers diferentes para dar un total de 646 productos amplificados reproducibles, 547 (84.7%) de estos fueron polimórficos. Se estimó la GD usando el coeficiente de similitud de Jaccard y se construyó un dendograma con base en el método de agrupamiento UPGMA (Unweighted pair-group method with arithmetical averages) del sistema SAS. El análisis RAPD fue una herramienta útil en la determinación de la magnitud de la diversidad genética entre las líneas autofecundadas de maíz blanco Tainan, en el presente estudio. El análisis *cluster* (de agrupamiento) mostró que las 13 líneas podrían ser clasificadas dentro de grupos heteróticos diferentes. No hubo significancia en la regresión lineal del valor de heterosis de peso seco de grano de los híbridos sobre la distancia genética, además de que sus coeficientes de determinación ( $R^2$ ) fueron pequeños, por lo cual su valor de predicción es limitado. Los presentes resultados de este estudio mostraron que el coeficiente

de similitud de Jaccard basado en información de marcadores RAPD no puede ser usada para predecir con precisión el rendimiento de los híbridos  $F_1$  y los valores de heterosis.

Casa *et al* (2002) reportan que recientemente ha sido desarrollado un nuevo tipo de marcador molecular en base a la presencia ó ausencia de los elementos transposables de repetición en miniatura invertida (MITE) familia rompecorazones (Hbr) en el genoma de maíz. Estos han sido llamados marcadores Hbr y han sido mostrados como estables, altamente polimórficos, fácilmente maleables, y uniformemente distribuidos en el genoma de maíz. En un estudio usaron marcadores derivados de Hbr para la caracterización genética de una serie de líneas endogámicas de maíz pertenecientes a los grupos heteróticos tallos rígidos (SS) y tallo no-rígido (NSS). En total se evaluaron 111 marcadores a través de 62 líneas SS y NSS. Setenta y seis marcadores (68%) fueron compartidos entre los dos grupos, y 25 de los marcadores comunes ocurrieron con una frecuencia bastante baja (menor ó igual a 0.20); solamente dos marcadores (3%) fueron monomórficos en todas las muestras. Aunque la secuenciación del ADN indicó que 5.5% de fragmentos de ADN de igual tamaño fueron no-homólogos, estos resultados no afectaron el análisis de agrupamiento (por ejemplo: las relaciones obtenidas a partir de la información Hbr fue congruente con aquella derivada de la información de pedigríe). Las matrices de distancia generadas a partir los marcadores Hbr estuvieron correlacionadas, significativamente ( $p < 0.001$ ) con las obtenidas a partir de pedigríe ( $r = 0.782$ ), con RFLP ( $r = 0.747$ ), y con SSR ( $r = 0.719$ ). En general, estos resultados indicaron que los marcadores Hbr podrían ser usados en combinación con otros marcadores moleculares para identificar genotipos y para el estudio de las relaciones de líneas endogámicas de maíz emparentadas.

Mohammadi y Prasanna (2003) establecen que el conocimiento acerca de la diversidad del germoplasma y las relaciones genéticas entre materiales mejorados podría ser un auxiliar invaluable en estrategias de mejoramiento genético. Actualmente se dispone de un buen número de métodos para el análisis de la diversidad genética en accesiones de germoplasma, líneas mejoradas y poblaciones. Estos métodos tienen relación con la información de

pedigríe, datos morfológicos, datos del rendimiento agronómico, información bioquímica y más recientemente, información molecular (basada en ADN). Para estimaciones razonablemente correctas e imparciales de la diversidad genética, se debería prestar especial atención a; (i) estrategias de muestreo; (ii) utilización de varios grupos de datos sobre las bases del conocimiento de sus fortalezas y limitaciones; (iii) selección de medidas de distancia genética, procedimientos de agrupación y otros métodos de análisis multivariado de datos; y (iv) determinación objetiva de las relaciones genéticas. Una combinación prudente y la utilización invaluable de las técnicas y herramientas estadísticas, tales como bootstrapping (boot = ventaja, strap = tira) es vital para abordar cuestiones complejas relacionadas con el análisis de la información y la interpretación de los resultados a partir de diferentes tipos de datos, particularmente en procedimientos de agrupación. Esta revisión se enfoca a la aplicación de herramientas estadísticas y técnicas en análisis de la diversidad genética en el nivel intraespecífico en cultivos de plantas

Betran *et al* (2003) señalan que la estimación de la diversidad genética y la distancia entre líneas de maíz (*Zea mays* L.) tropical y la correlación entre la GD y el comportamiento de híbridos determinará la estrategia de mejoramiento; las líneas autofecundadas élite permiten definir grupos heteróticos y se puede predecir el comportamiento de futuros híbridos. Los objetivos del estudio fueron la estimación de (i) la heterosis y aptitud combinatoria específica (ACE) para rendimiento de grano bajo ambientes con estrés y sin estrés, (ii) la diversidad genética a través de RFLP dentro de un grupo de líneas tropicales, (iii) la distancia genética y la clasificación de las líneas de acuerdo a su GD, y (iv) la correlación entre GD y el comportamiento de híbridos, heterosis y ACE. Diecisiete líneas autofecundadas blancas tropicales de tierra baja fueron representadas en un diseño dialélico. Las líneas autofecundadas e híbridos fueron evaluados en 12 ambientes con y sin estrés. La expresión de la heterosis fue mayor bajo estrés por sequía y muy poca en ambientes con bajo nitrógeno en comparación con ambientes sin estrés. Un grupo de marcadores de ADN permitieron la identificación de 81 loci, que se usaron para la huella genética de las 17 líneas. El nivel de diversidad genética fue alto, con 4.65 alelos por locus y los valores del contenido de información polimórfica (PIC)

tuvieron un rango de 0.11 a 0.82. Las regiones genómicas con loci de características cuantitativas (QTL) para tolerancia a la sequía previamente identificados mostraron la mas baja diversidad genética. La GD basada en la información de marcadores RFLP clasificó las líneas autofecundadas de acuerdo con su pedigríe. Se encontró una correlación positiva entre GD y el comportamiento de las  $F_1$ , ACE, heterosis sobre el progenitor medio (MPH) y heterosis sobre el progenitor superior (HPH). La ACE tuvo la correlación más fuerte con GD. El medio ambiente afectó significativamente las correlaciones entre  $F_1$ , aptitud combinatoria específica, MPH y HPH, con los valores más bajos de GD revelados en la mayoría de las condiciones de estrés.

## 2.6. Método jerarquizado de rendimiento, estabilidad de Langer y consistencia de Wricke.

Eberhart y Russell (1966) definen como variedades estables a aquellas con coeficientes de regresión igual a uno y pocas desviaciones de las observaciones con respecto la recta de regresión ajustada. Su método fue muy utilizado pero algunos investigadores encontraron que no era tan exacto en sus determinaciones; aunado a esto se demostró que aunque algunos índices correlacionan estos parámetros, resultan más simples en su calculo; tal es el caso de Langer *et al* (1979) que propusieron el uso de los rangos de rendimiento de las variedades (rendimiento más alto menos rendimiento más bajo) a través de los ambientes de prueba. Al correlacionar los coeficientes de regresión y los rangos de rendimiento de las variedades, éstas resultaron altas (con  $r = 0.76$  a  $0.90$ ) por lo que pueden utilizarse indistintamente como indicadores de la estabilidad de las variedades probadas. Por otro lado, Crossa y Edmeades (1997) y Diallo *et al* (1997), para caracterizar la interacción genotipo-ambiente, probaron entre otros el método de ecovalencia de Wricke (1960) ( $W^2$ ) que consiste en la suma de los cuadrados de las desviaciones de la media de cada localidad con respecto la media de todas las localidades y demostraron que estima al igual que las desviaciones de regresión la consistencia de una variedad a través de diferentes ambientes. En función de lo anterior se considera que la utilización del índice de estabilidad de Langer y

Wricke (1960), constituye una estrategia sencilla de aplicar y proporciona una idea clara de la estabilidad y consistencia de las variedades probadas.

De acuerdo con Carrizales (2000) y García (2000) se eligen las mejores variedades de acuerdo a la diferencia mínima significativa, enseguida por Langer para estabilidad y finalmente a través de la ecovalencia de Wricke por su consistencia.

### 3.- MATERIALES Y METODOS

#### 3.1. Materiales genéticos

El material genético que se utilizó en el presente trabajo fue proporcionado por el Centro Internacional de Mejoramiento en Maíz y Trigo (CIMMYT), como parte de un convenio de colaboración científica y consistió en dos grupos de líneas pertenecientes a grupos heteróticos complementarios, las líneas fueron derivadas a partir de la generación F<sub>2</sub> de cruzas entre líneas élite QPM x líneas élite normales.

Fueron:

(CML 147 x CL-RCW01) F<sub>2</sub> grupo heterótico A.

(CML 173 x CL-RCW01) F<sub>2</sub> grupo heterótico A

(CLQ-6203 x CL-04321) F<sub>2</sub> grupo heterótico AB

(CLQ-6203 x CL-04374) F<sub>2</sub> grupo heterótico AB

CML 147 fue derivada de la población 63QPM tropical de grano blanco dentado y CML 173 fue derivada de la población 68QPM subtropical de grano blanco dentado.

CL-RCW01 es una línea élite tropical de grano blanco semi-dentado de endospermo normal.

CLQ-6203 es una línea élite derivada de la población 62QPM tropical de grano blanco cristalino.

CL-04321 es una línea élite tropical de grano blanco semi-cristalino de endospermo normal.

CL-04374 es una línea élite tropical de grano blanco semi-cristalino de

endospermo normal.

Las dos últimas líneas fueron derivadas de la población 43 La Posta.

En el Cuadro 2 se enlistan las líneas derivadas por reciclaje, por selección genealógica y seleccionadas para el presente trabajo.

Cuadro 2. Líneas que participaron en cada uno de los grupos heteróticos.

Líneas del grupo heterótico "A"	Líneas del grupo heterótico "AB"
L1. (CML147 x CL-RCW01)-B-4-1	L8. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1
L2. (CML147x CL-RCW01)-B-10-2	L9. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1
L3. (CML147x CL-RCW01)-B-39-1	L10. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1
L4. (CML147xCL-RCW01)-B-61-2	L11. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1
L5. (CML173 x CL-RCW01)-B-15-3	L12. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1
	L13. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1
	L14. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3
	L15. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1
	L16. (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2

CML = CIMMYT Maize Line ; CLQ = CIMMYT Line Quality ;  
RCW = Recycled Population White B = selfed and Bulked

### 3.2. Diseño genético y diseño experimental

En base al diseño II de Carolina del Norte, las 5 líneas pertenecientes al grupo heterótico "A" que actuaron como progenitores masculinos y las 9 líneas pertenecientes al grupo heterótico "AB" se usaron como progenitores femeninos. Los cruzamientos entre los 2 grupos de líneas fueron obtenidos durante el ciclo agrícola otoño/invierno 2001-2002 en la Huerta, Jalisco. Los 45 cruzamientos entre las líneas del grupo heterótico A y las del grupo heterótico AB se evaluaron en 6 localidades durante el ciclo agrícola primavera/verano 2002. Como testigos se incluyeron varios cruzamientos del CIMMYT, 2 de ellos comunes en los dos experimentos. El diseño experimental fue de bloques completos al azar con dos repeticiones y la unidad experimental fue de 2

surcos de 5 m, por 80 cm, con una distancia entre plantas de 25 cm, para cosechar un total de 40 plantas por unidad experimental.

### 3.3. Localidades de evaluación

Los materiales experimentales se evaluaron en seis localidades (3 en México: Veracruz, Puebla, Jalisco y 3 en otros países: Colombia, Guatemala y la India), a continuación se describen las características principales de cada uno de los sitios de evaluación.

Cotaxtla, Ver. México. Clima tropical lluvioso de sabana con estación seca definida en el invierno, con una variación entre 5 y 7 °C entre el mes más frío y el más cálido, con una temperatura promedio de 25 °C y una precipitación pluvial anual promedio de 1667 mm y una altitud de 16 msnm, localizada a 19° 32' latitud Norte y 96° 43' longitud Oeste.

Agua Blanca, Pue. México; Clima tropical lluvioso de sabana con estación seca definida en el invierno, con una variación entre 7 y 14 °C entre el mes más frío y el más cálido, con una temperatura promedio de 24 °C y una precipitación pluvial anual promedio de 1156 mm y una altitud de 60 msnm, localizada a 20° 17' latitud Norte y 97° 28' longitud Oeste.

La Huerta, Jal. México; Clima tropical lluvioso de sabana con estación seca definida en el invierno, con una variación menor a 5 °C entre el mes más frío y el más cálido, con una temperatura promedio de 25 °C y una precipitación pluvial anual promedio de 1935 mm y una altitud de 450 msnm, se ubica a 19° 28' latitud Norte y 104° 38' longitud Oeste.

Nueva Delhi, La India; Clima tropical monzónico, donde predomina la sabana con precipitaciones estivales y temperatura media anual de 24°C, con precipitaciones pluviales arriba de 3000 mm anuales, se ubica a 28° 53' latitud Norte y 78° 12' longitud Este.

Turipana, Colombia; Clima tropical con lluvias abundantes (más de 3000 mm anuales), con una temperatura media de 27° C, se ubica a los 7° 39' latitud Norte y 77° 21' longitud Oeste.

Cuyutla, Guatemala; Clima tropical húmedo muy lluvioso con una temperatura media anual de 26 ° C y precipitaciones de 2000 mm anuales, se ubica a 15° 24' latitud Norte y 92° 47' longitud Oeste.

### 3.4. Variables del estudio

Rendimiento de grano, se calculó a partir del peso de grano de la parcela corregido en base al 15% de humedad y fue ajustado a rendimiento en toneladas por hectárea (ton/ha).

Días a floración masculina, se contaron los días transcurridos desde la siembra hasta que el 50% de las espigas estuvieran maduras y produciendo polen.

Días a floración femenina, se contaron los días transcurridos desde la siembra hasta que el 50% de los estigmas fueron expuestos por los jilotes.

Altura de planta, se midió en centímetros desde el nivel del suelo hasta la base de la espiga.

Altura de mazorca, se midió en centímetros desde el nivel del suelo hasta el nudo de la mazorca principal.

Mazorcas por planta, se calculó por medio del cociente resultante de dividir número de mazorcas/numero de plantas.

Pudrición de mazorca, se tomó como calificación en una escala de 1 a 5, donde 1 = mazorca sana, 2 = mazorca con poca pudrición, 3 = mazorca con pudrición regular, 4 = mazorca con mucha pudrición y 5 = mazorca totalmente podrida.

Asincronía de la floración (ASI), se calculó como la diferencia entre los días a floración femenina y los días a floración masculina.

### 3.5. Análisis estadísticos

Se efectuaron los análisis de varianza general para todos los tratamientos y análisis factorial para aptitud combinatoria de acuerdo a los modelos de bloques completos al azar y del diseño II de Carolina del Norte.

#### 3.5.1. Análisis de varianza por el diseño de bloques al azar

El modelo estadístico para los experimentos en bloques completos al azar en cada localidad fue:

$$X_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \epsilon_{ij}$$

donde:

$X_{ij}$  = valor de una variable en una unidad experimental

$\mu$  = media de todas las unidades experimentales del diseño

$\alpha_i$  = efecto del  $i$ ésimo tratamiento

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

$\epsilon_{ij}$  = error experimental de la  $i$ ésima y  $j$ ésima unidad experimental

Prueba de hipótesis para tratamientos ó cruzamientos:

$$H_0 : \alpha_1 = \alpha_2 = \alpha_3 = \dots \dots \dots \alpha_t$$

Y

$H_A$  : al menos un cruzamiento es diferente al resto,

Se prueba con  $F_c = C. M._{cruzas} / C. M._{error}$ .  $F_c$  se compara con la F de tablas

con  $n-1$  grados de libertad para cruzas y los grados de libertad del error;

de la misma manera se llevan a cabo las pruebas de hipótesis a través de

ambientes:

En el caso del análisis combinado las pruebas de hipótesis para ambientes e interacciones cruzas (tratamientos) por ambientes, se hicieron mediante la prueba de F como se describe a continuación.

$$H_0 = A_1 = A_2 = A_3 \dots = A_n \quad F = \text{CM \{Ambientes\}} / \text{CM \{Error conjunto\}},$$

con  $a-1$  grados de libertad de ambientes y los grados de libertad del error.

Para la interacción se planteó:

$$H_0: \text{interacción cruza x ambiente} = 0 \quad \text{y}$$

$$H_A: \text{interacción cruza x ambiente} \neq 0$$

$$F = \text{C M interacción} / \text{C M error conjunto}$$

### 3.5.2. Análisis de varianza de aptitud combinatoria general y específica

Los análisis de varianza, comparación de medias y prueba de hipótesis de los efectos de aptitud combinatoria se llevaron a cabo con base en los procedimientos ANOVA y GLM del sistema estadístico (SAS)

El modelo estadístico para el diseño II en una localidad se expresa como:

$$X_{ijk} = \mu + H_i + M_j + (HM)_{ij} + B_k + E_{ijk}$$

donde:  $H_i$  y  $M_j$  corresponden a los efectos de hembras y machos respectivamente. El resto de términos fueron definidos con anterioridad.

Prueba de hipótesis de los efectos de aptitud combinatoria.

a) para los efectos de aptitud combinatoria general  $H_0 = h_i = 0$

$H_A$  al menos uno de los efectos estimados de  $h_i$  son diferentes de 0

$$F = \text{C M hembras} / \text{C M error}$$

b) para los efectos de aptitud combinatoria general  $H_0 = m_j = 0$

$H_A$  al menos uno de los efectos estimados de  $m_j$  son diferentes de 0

$$F = C M \text{ machos} / C M \text{ error}$$

c) para los efectos de aptitud combinatoria específica  $H_0 = (hm)_{ij} = 0$

$H_A$  al menos uno de los efectos estimados de  $(hm)_{ij}$  son diferentes de 0

$$F = C M \text{ cruza} / C M \text{ error}$$

Cuadro 3. Análisis de varianza del diseño II de Carolina del Norte en una localidad

Fuente de variación	G.L.	C. M.	Esperanza de C. M.
Repeticiones	r-1		
Machos	m-1	$M_4$	$\delta^2 + r \delta_{fm}^2 + rf \delta_m^2$
Hembras	f-1	$M_3$	$\delta^2 + r \delta_{fm}^2 + rm \delta_f^2$
Machos x Hembras	(m-1)(f-1)	$M_2$	$\delta^2 + r \delta_{fm}^2$
Error	(r-1)(mf-1)	$M_1$	$\delta^2$
Total	(rmf-1)		

\* r, m y f se refieren al numero de repeticiones, machos y hembras, respectivamente y  $\delta^2 =$  Varianza

donde:

$\delta_{mf}^2 =$  varianza de machos x hembras

$\delta_m^2 =$  varianza de machos

$\delta_f^2 =$  varianza de hembras

$\delta^2 =$  varianza del error combinado

### 3.5.3. Estimaciones de la distancia genética

La distancia genética se calculó con el coeficiente de Jaccard que es una medida similar al coeficiente de correlación donde el valor máximo de uno se da cuando la similitud de los genotipos comparados es total y cero cuando difieren completamente, de tal manera que valores bajos expresan distancias genéticas grandes y viceversa.

El cálculo del coeficiente de semejanza de Jaccard se hizo entre las líneas que participaron en cada cruce; cabe aclarar que en este análisis solo fue posible incluir 9 de las 14 líneas participantes (3 del grupo heterótico "A" y 6 del grupo heterótico "AB"); para la caracterización de dichas líneas se utilizaron 40 marcadores SSR. El coeficiente de asociación de Jaccard se basa en caracteres con presencia ó ausencia. Si se tienen dos líneas  $L_i$  y  $L_j$  y se definen las cantidades  $a_{ij}$  como el número de bandas en común entre las dos líneas,  $b_{ij}$  el número de bandas presentes en la línea  $L_i$  y ausentes en la línea  $L_j$ ,  $C_{ij}$  el número de bandas ausentes en  $L_i$  y presentes en  $L_j$ , el coeficiente de Jaccard se define como:

$$S_J = a_{ij} / a_{ij} + b_{ij} + C_{ij}$$

### 3.5.4. Método de agrupamiento

Método de agrupamiento. Esta técnica fue diseñada para formar grupos o clases de individuos; con base en una muestra de  $n$  objetos, cada uno de los cuales ha sido descrito en base a  $p$  variables. El análisis de agrupamiento intenta agrupar los objetos en clases, de tal manera que los individuos dentro de un grupo son más similares en alguna forma, que los individuos de los grupos diferentes. Las técnicas de análisis de agrupamiento inician con una matriz de similitudes y los resultados por lo general se presentan en forma de dendogramas, un diagrama que ilustra las uniones que se llevan a cabo en cada etapa del procedimiento. Al inicio, los objetos representan, cada uno, un grupo; gradualmente, se van formando grupos, hasta que se llega a un grupo que incluye todos los objetos. Las estrategias más comunes de análisis de agrupamiento fueron descritas por Lance y Williams (1967) con base en un

algoritmo, dichas estrategias se presentan en varios textos (Everitt, 1978; Clifford y Stephenson, 1975).

El método de UPGMA (Unweighted Paired Group Method Arithmetic) por sus siglas en inglés es un algoritmo de agrupamiento, tal vez el más utilizado, trabaja en base a promedios aritméticos de grupo, muestra buena concordancia con el pedigree por lo que proporciona buenos resultados con grupos heteróticos conocidos. En este estudio se correlacionaron los coeficientes de Jaccard obtenidos con el rendimiento de los cruzamientos y la aptitud combinatoria general para definir si es factible predecir el comportamiento de estos parámetros a través de la distancia genética.

## 4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 4.1. Análisis de varianza de cruzamientos

Los cuadrados medios de cruza de los análisis de varianza (ANOVA) individuales de las distintas variables de estudio se presentan en el Cuadro 4. Se indica el nivel de significancia de las pruebas de F y se consigna el coeficiente de variación correspondiente a cada experimento. En el Cuadro 5 se presenta el análisis de varianza combinado de las 6 localidades de evaluación para cada variable, así como los niveles de significancia de los cuadrados medios para cada una de las fuentes de variación y el coeficiente de variación resultante del análisis combinado.

#### 4.1.1 Rendimiento de grano

Para la variable rendimiento de grano, (Cuadro 4) en La Huerta y Nueva Delhi, se detectó significancia al 1% en las diferencias entre cruza, en Cotaxtla y Agua Blanca los valores fueron significativos al 5%, mientras que en Turipana y Cuyutla, no se registró significancia estadística. Los coeficientes de variación más altos se presentaron en Turipana y Cuyutla (38% y 21%, respectivamente) en contraste en La Huerta y Nueva Delhi se registraron los coeficientes de variación más bajos (14% y 12%, respectivamente).

El análisis de varianza combinado de los 6 experimentos (Cuadro 5) indica que se presentaron diferencias altamente significativas para las diferencias entre las cruza, entre los ambientes y para la interacción ambiente x cruza. El coeficiente de variación fue de 20%, el cual se considera aceptable para este tipo de estudios debido a la gran diversidad de los ambientes de prueba.

Al aplicarse la prueba de comparación múltiple de medias (DMS al 5 %) para identificar las mejores cruza para la variable rendimiento de grano (Cuadro 6) definió un grupo de 18 cruza como las más destacados, la lista incluye 8 testigos y 10 cruza que forman parte del diseño II.

Cuadro 4. Cuadrados medios de cruizas de los ANOVA para cada localidad y coeficiente de variación por experimento.

Localidad	Rend	AP	AM	FM	FF	Pud	M/P	ASI
Cotaxtla	1.12*	363.05*	188.59**	2.84**	3.39**	50.47 <sup>NS</sup>	0.009*	2.01**
<b>C.V.</b>	<b>15.47</b>	<b>4.66</b>	<b>5.25</b>	<b>1.76</b>	<b>2.24</b>	<b>93.61</b>	<b>8.40</b>	<b>9.79</b>
Agua Blanca	2.94*	318.89**	231.79**	1.95**	2.47**	55.12 <sup>NS</sup>	0.020 <sup>NS</sup>	0.80**
<b>C.V.</b>	<b>19.17</b>	<b>4.27</b>	<b>6.61</b>	<b>1.18</b>	<b>1.26</b>	<b>59.51</b>	<b>14.56</b>	<b>6.22</b>
La Huerta	1.44**	470.64**	175.86**	2.30**	1.60**	1.41 <sup>NS</sup>	0.509 <sup>NS</sup>	0.63 <sup>NS</sup>
<b>C.V.</b>	<b>13.71</b>	<b>5.18</b>	<b>8.09</b>	<b>1.80</b>	<b>1.45</b>	<b>517.25</b>	<b>69.39</b>	<b>6.99</b>
Nueva Dehli	1.04**	154.82 <sup>NS</sup>	87.83**	0.93**	1.93**	18.73 <sup>NS</sup>	0.007 <sup>NS</sup>	0.17 <sup>NS</sup>
<b>C.V.</b>	<b>12.04</b>	<b>6.11</b>	<b>8.85</b>	<b>1.00</b>	<b>0.87</b>	<b>89.79</b>	<b>7.38</b>	<b>3.89</b>
Turipana	2.29 <sup>NS</sup>	149.49**	102.59 <sup>NS</sup>	2.03**	3.61*	0.00	0.071 <sup>NS</sup>	0.78 <sup>NS</sup>
<b>C.V.</b>	<b>37.97</b>	<b>5.25</b>	<b>12.08</b>	<b>2.49</b>	<b>2.21</b>	<b>0.00</b>	<b>17.70</b>	<b>7.69</b>
Cuyutla	1.58 <sup>NS</sup>	362.92 <sup>NS</sup>	167.08 <sup>NS</sup>	1.62*	4.34 <sup>NS</sup>	268.55 <sup>NS</sup>	0.008 <sup>NS</sup>	1.28 <sup>NS</sup>
<b>C.V.</b>	<b>21.00</b>	<b>9.72</b>	<b>11.91</b>	<b>3.53</b>	<b>3.73</b>	<b>53.24</b>	<b>8.88</b>	<b>12.65</b>

\* = Significativo al nivel de 5%

\*\* = Significativo al nivel de 1%

<sup>NS</sup> = No significativo

Cuadro 5. Cuadrados medios del ANOVA combinado para cada una de las variables de estudio en 6 localidades en el ciclo primavera-verano 2002B

F. de V.	REND	AP	AM	FM	FF	Pud	M/P	ASI
Cruzas	3.087**	868.55**	1701.41 <sup>NS</sup>	8.01**	8.36**	80.87 <sup>NS</sup>	0.117 <sup>NS</sup>	1.15 <sup>NS</sup>
Repet.	8.724**	4113.06**	1625.75 <sup>NS</sup>	16.41*	35.99**	519.97**	0.113 <sup>NS</sup>	5.47**
Amb.	137.01**	151134.0**	74133.12**	3618.2**	4482.89**	17871.94**	0.219*	94.36**
A x C	1.465**	190.25 <sup>NS</sup>	1391.66 <sup>NS</sup>	2.23**	1.65 <sup>NS</sup>	78.39 <sup>NS</sup>	0.101 <sup>NS</sup>	0.91 <sup>NS</sup>
C. V.	19.5	6.0	34.9	2.1	2.2	92.7	31.5	8.61

\* = Significativo al nivel de 5%

\*\* = Significativo al nivel del 1%

<sup>NS</sup> = No significativo.

Cuadro 6. Medias de las características agronómicas de las mejores cruzas para rendimiento de grano en 6 localidades según la prueba de DMS al 5 % en el ciclo primavera-verano 2002B.

Cruza	Rendimiento	Floración masculina	Floración femenina	Altura de planta	Altura de mazorca	# maz / # plantas	Acame	% Triptófano
	t/ha	días	días	cm	cm		%	
L1 x L11	6.77	55	55	233	115	0.98	4.4	0.093
CML 448 x CML 449	6.63	53	53	220	103	1.03	6.8	0.050
L2 x L11	6.61	56	56	237	113	0.97	9.5	0.093
TESTIGO LOCAL # 1	6.58	55	56	215	111	0.96	12.6	----
L4 x L11	6.44	54	55	232	108	0.98	1.5	0.095
L1 x L14	6.42	54	54	221	105	0.99	5.7	0.087
L1 x L9	6.40	54	55	223	108	1.00	11.4	0.089
B53 x L11	6.39	55	55	238	116	0.94	12.6	----
L1 x L15	6.38	54	54	227	109	0.97	18.1	0.088
L2 x L10	6.33	55	56	230	114	1.02	3.5	0.090
B27 x L10	6.30	55	56	224	112	0.97	16.1	----
B27 x L14	6.25	56	56	224	113	0.95	14.3	----
B27 x L9	6.19	54	55	225	108	0.95	16.1	----
L2 x L9	6.19	56	56	228	107	0.98	4.0	0.091
B53 x L13	6.17	53	54	228	106	0.96	8.5	----
L4 x L10	6.15	55	55	221	104	1.00	0.9	----
B27 x L15	6.13	55	56	233	112	0.93	19.2	----
L4 x L13	6.12	55	55	235	106	1.04	1.8	----
Valor de DMS	0.69	0.8	0.7	7.3	21.2	0.1	10.4	

La cruz a Línea 1 x Línea 11 fue la que mostró el rendimiento de grano más alto (6.77 ton/ha), pero fue estadísticamente igual al resto del grupo. Cabe destacar que la línea 11 y la línea 1 participan en tres y cuatro de las mejores diez cruza, respectivamente.

#### 4.1.2. Altura de planta y altura de mazorca

Para la variable altura de planta (Cuadro 4) los cuadrados medios de cruza de los análisis de varianza individuales, fueron significativos en Agua Blanca, La Huerta y Turipana, mientras que en Cotaxtla, Nueva Delhi y Cuyutla, no fueron significativos. Los coeficientes de variación de 4 a 10% estuvieron en un rango aceptable.

En lo que se refiere al análisis de varianza combinado (Cuadro 5) los cuadrados medios de las cruza y ambientes resultaron significativas al 1% de probabilidad, mientras que la interacción ambiente por cruza no fue significativa. Estos resultados indican que al menos un cruzamiento difiere del resto y que las condiciones ambientales de los sitios de prueba fueron diferentes, pero los genotipos no reaccionaron de manera diferencial a los cambios ambientales. El coeficiente de variación fue de sólo 6%.

Los análisis de varianza para altura de mazorca (Cuadro 4), detectaron diferencias altamente significativas entre cruza en Cotaxtla, Agua Blanca, La huerta y Nueva Delhi, y no significativas en Turipana y Cuyutla. Los coeficientes de variación fueron bajos en el rango de 5 a 12%.

El análisis combinado de los seis experimentos (Cuadro 5) no detectó diferencias significativas entre cruza, ni en la interacción cruza por ambientes; sin embargo, las diferencias entre ambientes fueron significativas al 1%. Estos resultados indican que la expresión de altura de mazorca de las cruza depende de los ambientes. En el análisis combinado de los 6 ambientes aumenta la variación entre las unidades experimentales involucradas lo cual se refleja en el coeficiente de variación de 35% que resulta alto.

#### 4.1.3. Días a floración masculina y floración femenina.

En lo que respecta a la floración masculina (Cuadro 4) los cuadrados medios de cruzas fueron significativos en todas las localidades, observándose en todas ellas coeficientes de variación muy bajos que van de 1.0 a 3.53 lo cual denota poca variación entre las unidades experimentales. El análisis combinado (Cuadro 5) detectó diferencias altamente significativas entre cruzas, al igual que entre ambientes y en la interacción ambiente por cruzas; el coeficiente de variación fue bajo (2.17%).

Con relación a la variable días a floración femenina se aprecia un comportamiento similar a la floración masculina ya que los cuadrados medios de los experimentos individuales (Cuadro 4) resultaron significativos para las diferencias entre cruzas a excepción de Cuyutla. Los coeficientes de variación son considerados bajos pues van de 0.87 a 3.73 indicando que las lecturas no tuvieron variación de repetición. El análisis de varianza combinado (Cuadro 5) detectó diferencias significativas al 1% entre cruzas y ambientes, mientras que la interacción ambiente por cruzas no resultó significativa. Como se podrá apreciar en el Cuadro 5, los cuadrados medios de ambientes son entre 450 y 530 veces de mayor magnitud que los de las cruzas para las variables días a floración masculina y floración femenina, respectivamente, lo cual indica que los valores observados se pueden explicar casi en su totalidad por las diferencias entre los sitios de evaluación.

#### 4.1.4 Pudrición de mazorca.

En lo que se refiere a la pudrición de mazorca, los análisis de varianza que se presentan en el Cuadro 4 muestran que las diferencias entre los valores que manifestó esta característica no fueron significativas en ninguna de las localidades, además de que el coeficiente de variación exhibió valores muy altos que van de 53 a 517%. En el análisis de varianza combinado de las seis localidades (Cuadro 5) no detectó diferencias entre las cruzas ni para la interacción ambientes por cruzas, mientras que la variación entre ambientes de

prueba resulta altamente significativa. El coeficiente de variación calculado fue alto (92.8%). Los resultados anteriores reflejan por una parte la influencia de los diferentes ambientes en la expresión de las pudriciones de mazorca y por otra las dificultades en obtener lecturas consistentes en las diferentes condiciones de evaluación.

#### 4.1.5 Mazorcas por planta

El número de mazorcas por planta (Cuadro 4), entre cruzas fue muy similar en las diferentes localidades y solo se detectaron diferencias significativas al 5% en Cotaxtla. El análisis combinado de las 6 localidades que se presenta en el Cuadro 5 detectó diferencias significativas al 5% entre los ambientes de prueba, mas no entre cruzas, ni para los efectos de interacción ambientes por cruzas. Lo anterior indica que no hubo variación significativa en el número de mazorcas por planta entre cruzas y las diferencias observadas son debidas al efecto ambiental de los sitios de prueba. Por otro lado el coeficiente de variación (31.5%) resulta mas bien alto en comparación con los análisis de varianza individuales a excepción del de La Huerta.

#### 4.1.6 Asincronía de la floración (ASI)

Los análisis de varianza para la variable asincronía de la floración (ASI) sólo detectaron diferencias significativas al 1% entre cruzas en Cotaxtla y Agua Blanca. El análisis combinado de las seis localidades para la asincronía de la floración no detectó diferencias significativas entre cruzas, mientras que las diferencias entre ambientes resultaron significativas. Por su parte, no se detectaron diferencias significativas para la interacción cruzas por ambientes.

Al analizar las medias de las características agronómicas de las mejores cruzas para rendimiento de grano (Cuadro 6) se advierte que la cruz a con el rendimiento más alto (L1 x L11) presenta características agronómicas deseables, como la coincidencia en ambos tipos de floración, un porte de planta regular, buena relación de mazorcas/planta y bajo porcentaje de acame (4.4). En general el grupo presenta características agronómicas adecuadas

excepto las cruzas testigo donde participa la línea B-27 que presentaron valores altos para acame. La línea 1 participa en dos cruzas con alto porcentaje de acame, L1 x L9 con 11.4 y L1 x L15 con 18.1, lo cual es de tomar en cuenta si se pretende aprovechar la cruce L1 x L11 por su alto rendimiento como se planteó en los objetivos 1 y 2 de este trabajo.

#### 4.2. Análisis de la aptitud combinatoria general de acuerdo al Diseño II de Carolina del Norte.

Se presenta el análisis del comportamiento de las 14 líneas participantes (5 del grupo heterótico "A" y 9 del grupo heterótico "AB") únicamente para la variable rendimiento de grano. Los análisis de aptitud combinatoria se usaron para tomar decisiones acerca del aprovechamiento de las líneas tanto en la formación de poblaciones como de híbridos de alta calidad de proteína. Por otra parte, los resultados se usarán para determinar la relación entre el comportamiento de los híbridos y la distancia genética calculada con marcadores moleculares.

Los cuadrados medios del análisis de varianza para cada localidad se presentan en el Cuadro 7. Se detectaron diferencias significativas al 1% en Cotaxtla y al 5% en La Huerta, entre las líneas usadas como hembras (grupo heterótico "AB"), mientras que en el resto de las localidades, los cuadrados medios no resultaron significativos. Por su parte, respecto a las líneas del grupo heterótico "A" usadas como machos, los análisis de varianza detectaron diferencias significativas al 1% únicamente en Agua Blanca, La Huerta y Nueva Delhi. La interacción hembras por machos, asociada a la aptitud combinatoria específica mostró diferencias significativas al 5% solo en Nueva Delhi. Los coeficientes de variación calculados estuvieron en el rango de 15 a 36%. El valor de mayor magnitud se observó en Turipana, en que ninguna de las fuentes de variación resultó significativa.

En el análisis de varianza combinado de las 6 localidades para rendimiento de grano de acuerdo al diseño II (Cuadro 8), se puede observar que existen diferencias significativas al 1% entre los ambientes de prueba lo

Cuadro 7. Cuadrados medios para la variable rendimiento de grano con el diseño II de Carolina del Norte en seis localidades en el ciclo primavera-verano 2002.

F de V	Ver	Pue	Jal	Ind	Col	Gua
Repet.	25.15**	5.32 <sup>NS</sup>	1.70 <sup>NS</sup>	3.19*	3.74 <sup>NS</sup>	7.46 <sup>NS</sup>
Hembras	2.98**	5.19 <sup>NS</sup>	2.47*	0.79 <sup>NS</sup>	4.67 <sup>NS</sup>	4.43 <sup>NS</sup>
Machos	1.62 <sup>NS</sup>	14.71**	5.56**	6.52**	7.45 <sup>NS</sup>	3.82 <sup>NS</sup>
H x M	1.38 <sup>NS</sup>	2.52 <sup>NS</sup>	1.42 <sup>NS</sup>	1.31*	4.51 <sup>NS</sup>	2.08 <sup>NS</sup>
C. V.	15.08	17.74	15.67	12.76	35.87	21.48

que era de esperarse por el comportamiento de Turipana y Cuyutla en relación al resto de las localidades.

Las hembras resultaron con diferencias altamente significativas lo que significa que es factible encontrar diferencias en los efectos de ACG de las líneas que actuaron como hembras a través de localidades; lo mismo sucede con los machos que también presentan diferencias altamente significativas. En el caso de la interacción hembras x machos (H x M) las diferencias entre las cruza resultaron no significativas por lo que se espera no encontrar efectos importantes de aptitud combinatoria específica en los cruzamientos formados de acuerdo al diseño II. Lo anterior concuerda con los resultados obtenidos por García (2000) que señala que la varianza para la ACG para el rendimiento y otros once caracteres agronómicos probados fue mayor que la varianza para la ACE en todos los casos.

Cuadro 8. Análisis de varianza del Diseño II de Carolina del Norte combinado a través de seis localidades en el ciclo primavera-verano 2002.

F.V.	G. L.	S: C.	C. M.	F. C.	P > F
AMB	5	866.40	173.28	92.15	.001
Rep (AMB)	6	46.56	7.76	4.13	.001
Hembras	8	57.81	7.22	3.84	.001
Machos	4	93.29	23.32	12.40	.001
H x M	32	73.94	2.31	1.23	.193
AMB x H	40	106.55	2.66	1.42	.058
AMB x M	20	59.43	2.97	1.58	.057
AMB x H x M	160	349.45	2.18	1.16	.142
Error	264	496.44	1.88		
Total	539	2149.88			
C V = 19.77					

Al analizar el comportamiento de las líneas del grupo heterótico "A" que se presentan en el Cuadro 9 se aprecia que la que exhibe los valores más altos de ACG son la línea 1 (L1) en tres de los ensayos; Agua Blanca (1.07), La Huerta (0.57) y Cuyutla (0.70) lo que la convierte en la más consistente a través de los ensayos; enseguida la línea 2 (L2) que presenta el valor más alto en el ensayo de Nueva Delhi (0.83); también es importante destacar el comportamiento de la línea 4 que obtuvo el valor de ACG más alto en los ensayos de Cotaxtla (0.36) y de Turipana (0.61). Se puede concluir que las líneas con tendencia a mayor ACG son las líneas 1 y 2, lo que permite confirmar la primera hipótesis planteada en este trabajo.

Cuadro 9. Valores de aptitud combinatoria general por localidad (grupo heterótico "A"), ciclo 2002 B

	Ver	Pue	Jal	Ind	Col	Gua
<b>L1</b>	0.09	1.07*	0.57*	0.17	0.61	0.70*
<b>L2</b>	0.07	0.19	0.29	0.83*	-0.36	0.14
<b>L3</b>	-0.07	-0.95*	-0.81*	-0.44*	0.31	-0.53
<b>L4</b>	0.36	0.59	0.25	-0.16	0.61	-0.20
<b>L5</b>	-0.46*	-0.90*	-0.31	-0.40*	-0.88*	-0.09

\* = efecto de aptitud combinatoria general diferente de cero ( $p < 0.05$ )

Al revisar la misma información para las líneas del grupo heterótico "AB", el Cuadro 10 destaca por su comportamiento; la línea 11 (L11) que es la que alcanza los valores de ACG más altos en 4 de las 6 localidades de evaluación (excepto en Nueva Delhi y Turipana); en Cotaxtla (0.65), en Agua Blanca (1.16), en La huerta (1.03) y en Cuyutla (1.02). El valor mas alto de ACG (1.37) lo tiene la línea 14 (L14) en el ensayo de Turipana. La línea 9 presentó un valor positivo y significativo en Cotaxtla (0.63), similar al de L11 por lo que podría ser de utilidad en programas de mejoramiento de maíz tropical, al igual que L14.

Es importante destacar que en ambos grupos existe una línea que presenta valores negativos en los ensayos de todas las localidades, tal es el caso de la línea 5 perteneciente al grupo heterótico "A" que además exhibe los valores negativos más altos en 3 de las 6 localidades de evaluación (Cotaxtla, Agua Blanca y Turipana). En el grupo heterótico "AB" la línea 16 asume un comportamiento similar pues presenta valores negativos en todas las localidades de evaluación y también exhibe los valores negativos más altos de ACG a través de 4 de los ensayos de las 6 localidades de evaluación (Agua Blanca, La Huerta, Nueva Delhi y Turipana) por lo anterior se consideran como las líneas de menor potencial para un programa de mejoramiento genético.

Cuadro 10. Valores de aptitud combinatoria general por localidad (grupo heterótico "AB"), ciclo 2002 B

	Ver	Pue	Jal	Ind	Col	Gua
<b>L8</b>	-0.73	-0.11	-0.50	-0.17	-0.83	0.72
<b>L9</b>	0.63	-0.80	-0.08	-0.26	-0.13	0.22
<b>L10</b>	-0.44	0.86	0.24	0.41	-0.20	0.02
<b>L11</b>	0.65	1.16	1.03	-0.05	0.49	1.02
<b>L12</b>	0.13	-0.51	-0.07	0.27	0.22	-0.17
<b>L13</b>	0.23	0.41	0.33	0.34	-0.49	-1.07
<b>L14</b>	0.17	-0.30	-0.23	-0.03	1.37	0.28
<b>L15</b>	-0.83	0.20	-0.08	-0.17	0.29	-0.25
<b>L16</b>	-0.20	-0.91	-0.63	-0.36	-0.69	-0.77

\* = efecto de aptitud combinatoria general diferente de cero ( $p < 0.05$ )

Al efectuar el análisis combinado de las 6 localidades para la estimación de la ACG de cada una de las líneas participantes de acuerdo al diseño II se aprecia en el Cuadro 11 que la línea macho que obtuvo el valor más alto de ACG fue la línea 1 con 0.538 y la línea hembra con el valor más alto fue la línea 11 (L11) con 0.717, coincidentemente la cruce de ambas fue la cruce que

exhibió el rendimiento de grano más elevado con 6.77 ton/ha de peso como se presentó en el Cuadro 6; le sigue la cruce de las líneas L2 x L11 con 6.61 ton/ha aunque estadísticamente son iguales pues ambas junto con otras 8 forman el grupo de las mejores cruzas en la prueba de DMS como se mostró con antelación en el Cuadro 6.

Cuadro 11. Rendimiento de grano de las cruzas, promedio de rendimiento de grano de las líneas y valores de aptitud combinatoria general, a través de 6 localidades ciclo 2002 B

	<b>L1</b>	<b>L2</b>	<b>L3</b>	<b>L4</b>	<b>L5</b>	<b>Med</b>	<b>A.C.G.</b>
<b>L8</b>	5.15	6.01	5.08	5.96	4.97	5.43	-0.272
<b>L9</b>	6.40	6.19	5.53	5.59	4.57	5.65	-0.073
<b>L10</b>	6.07	6.34	5.42	6.15	5.24	5.84	0.148
<b>L11</b>	6.77	6.61	5.61	6.44	5.82	6.25	0.717
<b>L12</b>	6.04	5.74	5.25	6.01	5.22	5.65	-0.022
<b>L13</b>	5.93	5.62	5.99	6.12	5.00	5.73	0.040
<b>L14</b>	6.42	5.80	4.92	5.88	5.66	5.74	0.212
<b>L15</b>	6.38	5.89	4.66	5.36	5.22	5.50	-0.139
<b>L16</b>	5.81	5.04	5.19	5.27	4.39	5.14	-0.530*
<b>Med</b>	6.11	5.91	5.29	5.86	5.12		
<b>ACG</b>	0.538*0.195 -0.468*0.243 -0.508						

\* = efecto de aptitud combinatoria general diferente de cero ( $p < 0.05$ )

Por otro lado, es importante señalar que las líneas L1 y L11 son las que muestran las mejores estimaciones de ACG a través de todos los ambientes de evaluación como se observó en los Cuadros 9 y 10, por lo que el alto rendimiento de la cruce podría deberse a una aptitud combinatoria específica, como lo consignan Preciado *et al* (1999) al considerar a las cruzas simples con las medias de rendimiento mas altas a través de 5 localidades de evaluación como las de mayor ACE; por lo tanto, es importante considerar estas dos líneas

de manera intensiva en programas de mejoramiento de QPM y como probadoras de nuevas líneas. En otro sentido, conviene señalar que el comportamiento de las líneas L5 y L16 a través de los ensayos individuales por localidad se confirma en el análisis combinado pues son las líneas que obtienen los valores de ACG negativos más altos -0.508 y -0.530, respectivamente; de la misma forma las que presentan el rendimiento medio de grano más bajo a través de las localidades de evaluación con 5.12 y 5.14 ton/ha.

#### 4.3. Estimación de la distancia genética por marcadores moleculares

La estimación de las distancias genéticas con marcadores moleculares se llevó a cabo en 9 de las 14 líneas que se usaron en los experimentos. Tres líneas del grupo heterótico A (L1, L2 y L5) y 6 del grupo heterótico AB (L8, L9, L11, L12, L13 y L15). Se usaron 40 marcadores SSR, 7 de los cuales no mostraron amplificación y tres más se eliminaron por mostrar gran cantidad de datos perdidos.

La base de datos restante, es decir, 9 líneas y 30 SSR incluyó 3.3% de datos perdidos y se detectó un 7.3% de loci con heterocigocidad. De acuerdo al personal responsable del laboratorio de marcadores moleculares del CIMMYT, los datos anteriores son apropiados para este tipo de estudios, basados en análisis de una gran cantidad de materiales genéticos. En cada uno de los análisis de SSR se incluyeron líneas de control con el fin de comparar los resultados con otros estudios (CML 51 y CML 292).

De los 30 SSR empleados, 6 fueron monomórficos, y en promedio se observaron 2.2 alelos por locus. Estos valores son bajos para el tipo de marcadores, lo que puede atribuirse al número reducido de líneas incluidas y a las relaciones genéticas cercanas entre algunas de dichas líneas.

#### 4.3.1. Coeficiente de semejanza de Jaccard ( $S_J$ ).

El coeficiente de semejanza de Jaccard fue calculado para todos los pares de líneas, incluyendo las líneas usadas como control (CML 51 y CML 292). Dado que los valores cercanos a 1 indican semejanza completa, los valores bajos, cercanos a cero, reflejaran en consecuencia gran diversidad genética. En el Cuadro 12 se presenta la matriz diagonal de coeficientes de Jaccard para las 11 líneas analizadas con SSR. Como podrá notarse, los valores dentro de grupos son notoriamente superiores a los valores entre grupos. Dentro de las líneas del grupo heterótico "A" el valor promedio de  $S_J$  es igual a 0.54, mientras que entre líneas del grupo heterótico "AB" el promedio de  $S_J$  fue igual a 0.56. Por su parte, los valores de  $S_J$  entre grupos heteróticos A y AB tuvieron en promedio un valor de 0.37.

Si existiera una relación lineal perfecta entre los valores de  $S_J$  y el rendimiento, heterosis y aptitud combinatoria específica, entonces se esperaría que la combinación de L5 x L13 diera los máximos valores de rendimiento, heterosis y ACE, mientras que la combinación L5 x L8 diera los peores valores. En promedio los 5 mejores cruzamientos (L1 x L11, L2 x L11, L1 x L9, L1 x L15 y L2 x L9) tuvieron un valor de  $S_J$  de 0.36 y un rendimiento de 6.47 ton/ha; por su parte, los peores cruzamientos (L5 x L9, L5 x L8, L5 x L13, L5 x L12 y L1 x L8) tuvieron en promedio un valor de  $S_J$  de 0.38 y un rendimiento de 4.98 ton/ha. Como podrá notarse, los rendimientos entre los mejores y peores cruzamientos difieren notablemente; sin embargo, no hay una clara correspondencia con los valores de semejanza de Jaccard. La correlación entre los valores de  $S_J$  y el rendimiento de grano de los 18 cruzamientos fue de  $r = -0.1830$ , no significativa, Cuadro 13. De acuerdo a lo anterior, se puede decir que en este estudio la distancia genética calculada con base en marcadores moleculares no explica de manera satisfactoria el comportamiento de las cruas, de tal manera que no sería posible predecir los mejores híbridos.

Es conveniente resaltar que los resultados anteriores pudieran deberse al bajo número de marcadores utilizados, ya que en otros estudios como el de Benchimol *et al* (2000) se observan tendencias positivas por lo que la segunda

Cuadro 12. Coeficientes de semejanza de Jaccard calculado para cada par de líneas del estudio incluidas dos líneas de control (CMLs) en el ciclo primavera verano 2002

	L1	L2	L5	L8	L9	L11	L12	L13	L15	CML51	CML292
L1	1.00										
L2	0.61	1.00									
L5	0.50	0.51	1.00								
L8	0.35	0.36	0.45	1.00							
L9	0.40	0.33	0.41	0.46	1.00						
L11	0.33	0.38	0.40	0.57	0.51	1.00					
L12	0.44	0.42	0.38	0.54	0.56	0.55	1.00				
L13	0.34	0.33	0.31	0.61	0.48	0.54	0.55	1.00			
L15	0.38	0.31	0.38	0.54	0.60	0.63	0.60	0.59	1.00		
CML51	0.32	0.43	0.36	0.32	0.29	0.36	0.29	0.37	0.27	1.00	
CML292	0.26	0.31	0.25	0.26	0.24	0.25	0.27	0.26	0.27	0.30	1.00

hipótesis de este estudio no podrá ser aceptada. Sin embargo, el análisis de marcadores fue útil en la separación de grupos por pedigríe de las líneas bajo estudio, lo que coincide con Warburton *et al* (2002) quienes lograron agrupar en base a marcadores SSR las líneas estrechamente relacionadas por pedigríe.

Cuadro 13. Series de datos del "coeficiente de Jaccard" y "rendimiento de cruza individuales" y valor del coeficiente de correlación, ciclo 2002 B

Cruza	Coef. Jaccard	Rend. (t/h)	A.C.E.
1 x 8	0.35	5.15	0.49
1 x 9	0.40	6.40	0.07
1 x 11	0.33	6.77	0.27
1 x 12	0.44	6.04	-0.09
1 x 13	0.34	5.93	-0.38
1 x 15	0.38	6.38	0.50
2 x 8	0.36	6.01	0.03
2 x 9	0.33	6.19	0.45
2 x 11	0.38	6.61	-0.07
2 x 12	0.42	5.74	-0.17
2 x 13	0.33	5.62	-0.23
2 x 15	0.31	5.89	-0.02
5 x 8	0.45	4.97	0.36
5 x 9	0.41	4.57	-0.70
5 x 11	0.40	5.82	0.38
5 x 12	0.38	5.22	0.15
5 x 13	0.31	5.00	-0.47
5 x 15	0.38	5.22	0.51
$r_{\text{Jaccard/rendimiento}} = -0.1830$		$T_c = 0.7676$	$T_{0.05} = 1.73$
$r_{\text{Jaccard/ACE}} = 0.0489$		$T_c = 0.8333$	$T_{0.05} = 1.73$

Al analizar la información de la ACE de cada uno de los experimentos individuales y correlacionarla con los coeficientes de semejanza de Jaccard para cada una de los pares de líneas comparadas en el estudio se obtuvieron los valores de correlación ( $r$ ) que se presentan en el Cuadro 14 en donde se aprecia que el valor más alto se obtuvo en La Huerta que fue de 0.2930 que no es diferente de cero, lo que confirma la conclusión del párrafo anterior con respecto a la segunda hipótesis; obviamente el resto de los valores de correlación obtenidos en las demás localidades son menores y siguen la misma tendencia que en La Huerta. Estos resultados difieren con el punto de vista de Betran *et al* (2003) quienes encontraron una correlación positiva entre la GD y el comportamiento de las  $F_1$ . Sin embargo, no hay que perder de vista que el reducido número de líneas incluidas en la determinación de los coeficientes de Jaccard (3 y 6 ) es una limitante importante para considerar los resultados como definitivos.

Cuadro 14. Coeficientes de correlación entre los valores estimados de aptitud combinatoria específica de cada localidad y los coeficientes de Jaccard para cada par de líneas comparadas, ciclo primavera-verano 2002 .

Localidad de evaluación	Coefficiente de correlación
Cotaxtla	$r = -0.1383$
Agua Blanca	$r = 0.2661$
La Huerta	$r = 0.2930$
Nueva Delhi	$r = -0.2561$
Turipana	$r = 0.1387$
Cuyutla	$r = 0.0578$

#### 4.3.2. Distancias genéticas y agrupamiento de las líneas

Las interrelaciones entre las líneas estudiadas se presentan gráficamente en el dendograma de la Figura 1. Como podría esperarse se formaron dos grandes grupos. El primero quedó constituido por las tres líneas del grupo heterótico "A" y el otro por las 6 líneas del grupo heterótico "AB" y las líneas incluidas como control. La CML51 es más similar a las líneas del grupo heterótico "A", mientras que la CML292 es muy distinta de cualquier grupo. Estos resultados concuerdan con los obtenidos por Benchimol *et al* (2000) en el sentido que la distancia genética basada en marcadores moleculares es eficiente y confiable para clasificar los genotipos derivados de poblaciones de maíz, dentro de grupos heteróticos.

Así mismo, los resultados concuerdan con las conclusiones de Shieh y Thseng (2002) quienes señalan que el coeficiente de semejanza de Jaccard basado en información de marcadores moleculares no puede ser usado para predecir con precisión el rendimiento de los híbridos F<sub>1</sub> desarrollados.

#### 4.4. Método jerarquizado para rendimiento, estabilidad y consistencia.

La aplicación de este método al grupo de cruzas mejores detectadas por la prueba de DMS al 5% permite distinguir dentro del grupo de tratamientos considerados de mayor rendimiento, cuáles presentan estabilidad a través del índice de Langer, que se ha demostrado que está correlacionado con el coeficiente de regresión  $bi$  y la ecovalencia de Wricke ( $W^2$ ) que es un indicador de la consistencia, y está correlacionado con la desviación de regresión  $S^2_{di}$  del análisis de parámetros de estabilidad de Eberhart y Russell (1966). Como se observa en el Cuadro 15, de las 18 cruzas que manifestaron el más alto rendimiento al aplicar el índice de Langer, 8 de ellas resultaron estables de las cuales 6 son cruzas del estudio, mientras que para la ecovalencia de Wricke resultan 11 las cruzas que se pueden calificar como consistentes y de ellas 6 son cruzas del estudio. De los resultados anteriores se desprende que la craza que obtuvo el valor más alto (L1 x L11) con 6.77

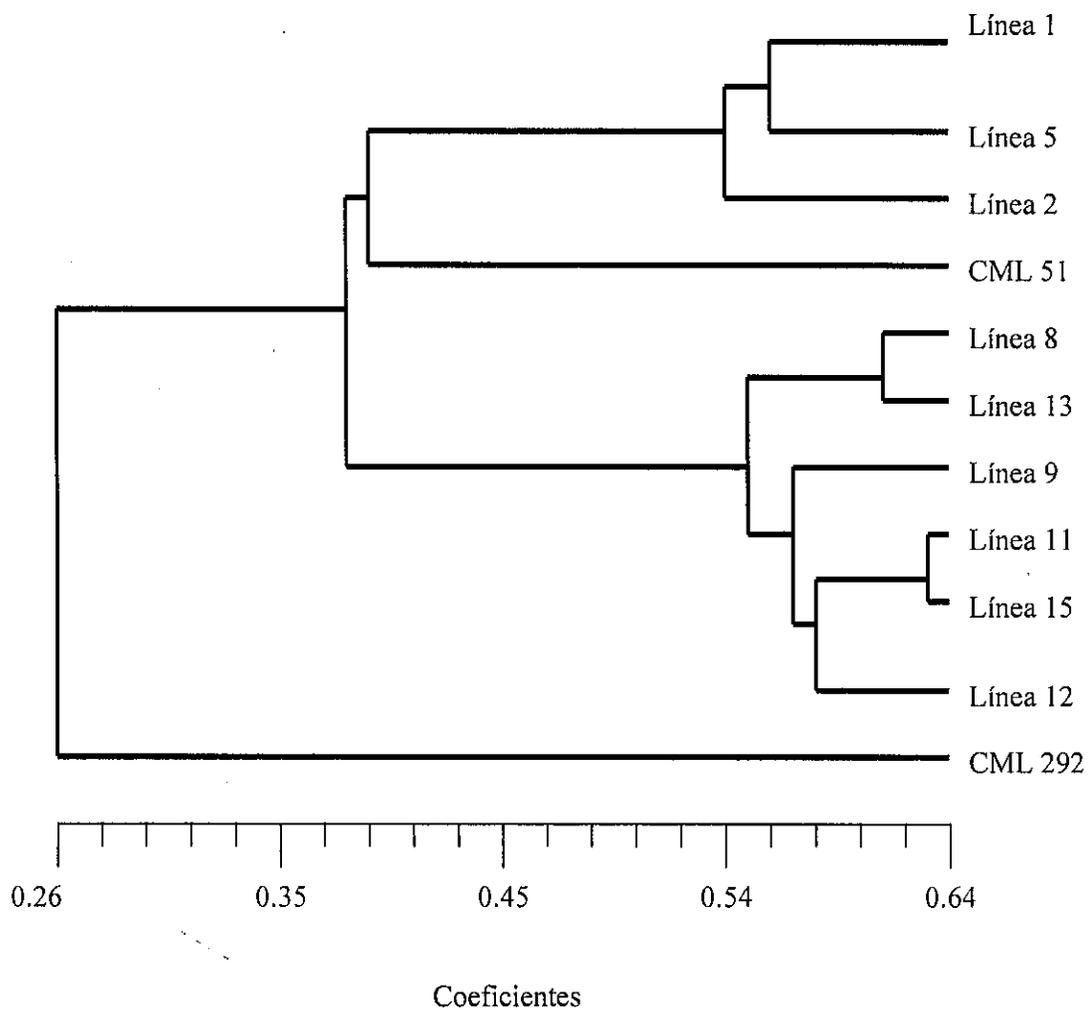


Figura 1. Dendrograma UPGMA de distancias genéticas de acuerdo a los valores del coeficiente de semejanza de Jaccard para nueve líneas endocriadas y dos líneas de control (CMLs) de maíz en el ciclo primavera-verano 2002

ton/ha se consideró inestable e inconsistente, por lo que pudiera ser útil en los ambientes donde manifestó buen comportamiento pero no en forma amplia. Sin embargo, 5 cruzas (L2 x L11, L1 x L15, L2 x L9, L1 x L14 y L4 x L10) con alto rendimiento resultaron además estables y consistentes por lo que pueden ser utilizadas en un amplio rango de localidades en programas de mejoramiento genético con altas probabilidades de éxito. Es importante mencionar que 2 de los testigos utilizados (entradas 61 y 62) se ubicaron dentro del grupo de tratamientos con más alto rendimiento, pero se calificaron como inestables e inconsistentes. Con lo anterior se acepta la tercera hipótesis respecto a que es factible obtener híbridos de maíz con alta calidad de proteína de buen rendimiento de grano y que compitan con los testigos regionales en diferentes ambientes. Es importante señalar que otras 2 cruzas del grupo de DMS al 5% también fueron estables y consistentes y en ellas participa la línea B-27 (que no forma parte del sistema de cruzas estudiadas) cruzándose con L9 y L15 (que sí forman parte del estudio), con rendimientos de 6.19 y 6.13 ton/ha, respectivamente.

Cuadro 15. Resultados del método jerarquizado de rendimiento, estabilidad y consistencia de cruzas del diseño genético II de Carolina del Norte en el ciclo 2002 B.

Entrada	Rendimiento (Ton/ha)	Langer	W <sup>2</sup>
2 (L1 x L11)	6.77*	3.80	4.79
61 (TEST)	6.63*	5.53	3.92
11 (L2 x L11)	6.61*	1.74 <sup>a</sup>	1.19 <sup>b</sup>
62 (TEST)	6.58*	4.10	7.37
37 (L4 x L11)	6.44*	4.36	2.52 <sup>b</sup>
6 (L1 x L14)	6.42*	1.82 <sup>a</sup>	2.85 <sup>b</sup>
7 (L1 x L9)	6.40*	2.03 <sup>a</sup>	5.18
29	6.39*	4.33	2.46 <sup>b</sup>
9 (L1 x L15)	6.38*	2.01 <sup>a</sup>	0.79 <sup>b</sup>
14 (L2 x L10)	6.33*	3.60	3.50
56	6.30*	3.24	1.38 <sup>b</sup>
57	6.25*	3.58	1.06 <sup>b</sup>
58	6.19*	2.92 <sup>a</sup>	0.38 <sup>b</sup>
16 (L2 x L9)	6.19*	1.99 <sup>a</sup>	1.74 <sup>b</sup>
35	6.17*	4.83	6.60
40 (L4 x L10)	6.15*	2.68 <sup>a</sup>	2.71 <sup>b</sup>
59	6.13*	2.76 <sup>a</sup>	1.90 <sup>b</sup>
43 (L4 x L13)	6.12*	4.67	5.37

\*Significativas al 5%      <sup>a</sup>Estables al 5%      <sup>b</sup>Consistentes al 5

W<sup>2</sup> = Ecovalencia de Wricke.

## 5. CONCLUSIONES

Las líneas incluidas en el presente estudio generaron cruzamientos con niveles altos de diversidad tanto para caracteres cuantitativos de importancia económica como para marcadores moleculares basados en secuencias de ADN. Por otra parte, las localidades de evaluación de los cruzamientos fueron tan diversas, que para la mayoría de las variables los efectos ambientales representaron hasta 40 veces la variación de las cruas. Estas diferencias eran de esperarse dado que las localidades se ubican en latitudes de 7 a 29° y precipitación de 1000 a 3000 mm entre otras cosas. La interacción genotipo-ambiente contribuyó a explicar la variación observada pero su magnitud no fue de gran importancia.

Los análisis de varianza para cada localidad y en especial el análisis combinado permitieron concluir que en el material experimental los efectos de ACG fueron los de mayor importancia para rendimiento de grano. La ACG de las líneas hembras fue tres veces mayor que la ACE, mientras que la de los machos cerca de 10 veces.

Estos resultados indican que las líneas incluidas en este estudio podrían ser de gran utilidad en programas de mejoramiento que aprovechan los efectos aditivos predominantemente. Tal es el caso de las línea 1 de grupo heterótico "A" y la línea 11 del grupo heterótico "AB" que presentaron los valores más altos y significativos de ACG en este estudio, 0.538 y 0.717, respectivamente. Con lo anterior se acepta la primera hipótesis de este trabajo.

No se encontraron asociaciones claras entre las estimaciones de diversidad genética usando marcadores moleculares y el comportamiento de los cruzamientos en  $F_1$  ni con los efectos estimados de aptitud combinatoria específica. Esta falta de asociación implica que la estimación de diversidad genética con base en marcadores moleculares, por si sola, no es una metodología muy promisoría para predecir el comportamiento de los híbridos o su aptitud combinatoria específica. Sin embargo, el análisis de marcadores fue

útil en la separación de grupos por pedigríe de las líneas bajo estudio, por lo que la segunda hipótesis de este estudio no se acepta en su parte inicial, pero se acepta en lo referente a la clasificación de las líneas en grupos heteróticos opuestos.

De acuerdo al método jerarquizado para rendimiento estabilidad y consistencia la craza que obtuvo el valor aritmético más alto (L1 x L11) con 6.77 ton/ha, se consideró inestable e inconsistente por lo que pudiera ser útil en los ambientes donde manifestó buen comportamiento pero no en forma amplia. Sin embargo, 5 cruzas (L2 x L11, L1 x L15, L2 x L9, L1 x L14 y L4 x L10) con alto rendimiento resultaron además estables y consistentes por lo que pueden ser utilizadas en un amplio rango de localidades y en programas de mejoramiento genético con altas probabilidades de éxito. Por lo que se acepta la tercera hipótesis de este estudio.

En forma particular, se encontró que las líneas más promisorias para incorporarse a programas de mejoramiento y formación de híbridos de alta calidad de proteína para las regiones tropicales son L1 y L11. La línea 11 participó en 3 de las mejores cruzas, mientras que la línea 1 participó en 4 cruzas sobresalientes. Entre los cruzamientos más destacados se encuentran el L1 x L11 y el L2 x L11 los cuales, además de buen rendimiento, presentan buenas características agronómicas por lo que son candidatos para producción comercial en las regiones tropicales de México y otras partes del mundo.

## 6.- BIBLIOGRAFÍA

Allard R. W. 1980; Principios de la mejora genética de las plantas; editorial Omega, cuarta edición, Barcelona, España

Brauer H. O.; 1981; Fitogenética aplicada; Editorial Limusa.

Betran F. J., Isakeit T. y Odvody G.; 2002; Aflatoxin accumulation of white and yellow maize inbreds in diallel crosses; Crop Science vol 42 1894-1901.

Betran F. J., Ribaut J. M., Beck D. y González de León D.; 2003; Genetic diversity, specific combining ability, and heterosis in tropical maize under stress and nonstress environments; Crop Science; 43: 797-806

Benchimol L. L., de Souza C. L., García A. A. F., Kono P. M. S., Mangolin C. A., Barbosa A. M. M., Coelho A. S. G. y de Souza A. P.; 2000; Genetic diversity in tropical maize inbred lines: heterotic group assignment and hybrid performance determined by RFLP markers; Plant Breeding 119(6): 491-496

Beaumont, M. A., Ibrahim K. M., Boursot P. and Bruford M. W.; 1998; Measuring genetic distance 315-325 in A. Karp et al (ed) Molecular tools for screening biodiversity. Chapman and Hall London.

Carrizales M. N. 2000. Comparación de índices para calificar la estabilidad genética en híbridos tropicales de maíz. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad de Guadalajara.

Casa A. M., Mitchell S. E., Smith O. S., Register J. C., Wessler S. R. and Kresovich S.; 2002; Evaluation of Hbr (MITE) markers for assessment of genetic relationships among maize (*Zea mays* L.) inbred lines; 104(1): 104-11

Cheres M. T., Millar J. F., Crane J.R. and Knapp S. J.; 2000; Genetic distance as a predictor of heterosis and hybrid performance within and between heterotic groups in sunflower; Theoretical and applied genetics, 100(6): 889-894.

Comstock R. E. and Robinson F. F. 1948. The components of genetic variance in populations of bi-parental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4:254-266

Cordova H., Trifunovic S., Castellanos S., De León C., Narro L., Mejía S., Sierra M., Cervantes E. y Fuentes M., 2001, Use of combining ability of tropical inbred lines and single crosses estimates as tool to identify superior parents for three-way cross Maize hybrids., CIMMYT tropical maize subprogram. Annual Research Progress Report 111 pages

Dillmann C. and Guerin D.; 1998; Comparison between maize inbred lines: genetic distances in the experts's eye; *Agronomie*, 18(10): 659-667

Doerksen T. K., Kannenberg L. W. and Lee E. A.; 2003; Effect of recurrent selection on combining ability in maize breeding populations, *Crop Science* vol 43: 1652-1658

Duddley J.W., Alexander D.E., and Lambert R.J., 1977 Mejoramiento genético de maíz de proteína modificada. CIMMYT-PURDUE., pag 127-143., Editorial Limusa.

Eberhart S. A. and Russell W.A., 1966, Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*. January –February. Vol. 6 36-40

Egesel C. O., Wong J. C., Lambert R. J. and Rocheford T. R.; 2003; Combining ability of maize inbreds for carotenoids and tocopherols; *Crop Science* 43: 818-823

García V. M. A; 2000; Aptitud combinatoria y estabilidad genética de la resistencia a sequía en líneas e híbridos tropicales de maíz; Tesis de Doctorado en el Posgrado Interinstitucional en Ciencias Agrícolas y Forestales, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias de la Universidad de Guadalajara.

Gower J. C. 1991; A general coefficient of similitary and some its properties. *Biometrics* 27: 857-874.

Hallauer A.R., Vazquez C.G. and Córdova O.H.; 2000; Heterosis and Combining ability of tropical and subtropical Quality Protein Maize inbred lines in the U.S. Corn-Belt.

Johns M.A., Skrotch P.W., Neinhuis J., Hinrichsen P., Bascur G. y Muñoz-Schick C.; 1997; Gene pool classification of common bean landraces from Chile based on RAPD and morphological data; *Crop science* 37: 605-613.

Joyce T.A., Abberton M.T., Michaelson-Yeates T.P.T. and Forster J.W.; 1999; Relationships between genetic distance measured by RAPD-PCR and heterosis in inbred lines of white clover (*Trifolium repens* L.); *Euphytica*, 107(3): 159-165

Langer I. Frey K. J. and Bailey T. 1979, Associations among productivity production response and stability indices in oat varieties. *Euphytica* 28: 17-24

Link W., Dickens C., Singh M., Schwall M. y Melchinger A.E.; 1995; Genetic diversity in European and Mediterranean faba bean germplasm revealed by RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.* 90: 27-32.

Marqu ez S. F.; 1985; *Genotecnia Vegetal*, Tomo 1; A G T editores.

Marsan P. A., Castiglioni P., Fusari F., Kuiper M, and Motto M.; 1998; Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers; *Theoretical and applied genetics* 96(2): 219-227

Mertz E. T., Bates L. S. y Nelson O. E. , 1964; Mutant genethat changes protein composition and increases lysine contenido f maize endosperm. *Science*, 145; 279-280.

Mohammadi S.A. y Prassana B.M.; 2003; An lysis of genetic diversity in crop plants – salient statistical tools and considerations.; *Crop Science* 43: 1235-1248.

Moreno G.J.,1997, Molecular markers and heterosis, in "The Genetics and exploitation of heterosis in Crops" 172, CIMMyT.

Nei M. 1987; Molecular evolutionary genetics. Columbia University, Press New York.

Nei M. and Li W. 1979; Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Natural Academic Science (USA)* 76: 5269-5273.

Nelson O. E.; 1977; Mejoramiento de la calidad proteínica del maíz: asuntos y problemas actuales, en *Maíz de alta calidad proteínica CIIMYT-PURDUE*. 209-212, Editorial Limusa.

Pixley K. V. and Bjarnason M. S.; 2002; Stability of grain yield, endosperm modification, and protein quality of hybrid and open pollinated quality protein maize (QPM) cultivars; *Crop science* 42: 1882-1890

Preciado Ortiz, R.E.; Terrón-Ibarra, A.D.; Córdova, H.S.; Mickelson, H.R.; López, R. 1998. Selecting early maize hybrids for subtropical regions by grain yield correlated responses. In: *Agronomy Abstracts. 1997 Annual Meeting, 89; Anaheim, CA (USA); 26-31 Oct 1997*. Madison, WI (USA): ASA. p. 70. Abstract only.

Robles S. R. 1982; Terminología genética y fitogenética; Editorial Trillas.

Rogers J.S., 1972, Measures of genetic similarity and genetic distance studies in genetics . VII. University of Texas, Public 2713: 145-153.

Shieh, F.S. and Thseng. 2002, Genetic diversity of Tainan-white maize inbred lines and prediction of single cross hybrid performance using RAPD markers. *Euphytica*, volume 124, Number 3, pp 307-313.

Smith J.S.C., Smith O.S., 1989, The description and assessment of distance between inbred lines of maize: I. The use of morphological traits as descriptors. *Maydica* 34:141-150

Smith J.S.C., Smith O.S., Boven S.L., Temborg R.A. y Wall S.J. 1991. The description and assessment of distances between inbred lines of maize. III: A

revised scheme for the testing of distinctiveness between inbred lines utilizing DNA RFLP's *Maydica* 36: 213-226.

Sokal R.R., y Michener C. D. 1958; A statistical method for evaluating systematic relationships. *University of Kansas Science Bulletin*; 38: 1409-1438

Sprague G. F., and Tatum L.A., 1942, General vs specific combining ability in single crosses of corn. *Jour Amer. Soc of Agron.* 34: 923- 930

Sweeney P., Danneberger K., 2000, Inheritance of Restriction Amplification Fragment Length Polymorphisms in perennial ryegrass, *Crop Science* vol 40:1126-1129

Tracy W.F., Talbert L.E., Gerdes J.T., 2000, Molecular Variation and F1 Performance among Strains of the Sweet Corn Inbred P39, *Crop Science* vol. 40 pag 1763-1768.

Vasal S.K., 1977, Uso de modificadores genéticos para obtener granos de tipo normal con el gen *Opaco-2*. *CIMMYT-PURDUE.*, pag 213-232, Editorial Limusa.

Warburton M.L., Xianchun X., Crossa J. Franco, Melchinger A.E., Frisch M., Bohn M., and Hoisington D.; 2002; Genetic characterization of CIMMYT inbred maize lines and open pollinated populations using large scale fingerprinting methods; *Crop Science* 42: 1832-1840

Weir B. S. 1996. Intraspecific differentiation p 385-403 in D. M. Hillis et al (ed) *Molecular systematics* 2<sup>nd</sup> edition, Smauer Associates Sunderland MA.

Wricke G. 1960, Einige Betrachtungen zur ökologischen Streubreite und der Möglichkeit ihrer exakten Erfassung in Feldversuchen. *Rundschr 2 Arb-Gemm. Biometric index DLG-Pflanzen-zuchtbeitr*

Wu M. S. y Dai J. R.; 2000; Use of AFLP marker to predict the hybrid yield and yield heterosis in maize; *Acta Botánica SINICA*, 42(6): 600-604

Yu J. and Tuinstra M. R.; 2001; Genetic analysis of seedling growth under cold temperature stress in grain sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench); Crop science 41: 1438-1443

## 7. ANEXO

Cuadro 1 A. Pedigríe y promedios de las principales características agronómicas de las cruces evaluadas a través de 6 localidades en el ciclo primavera-verano 2002B.

ENT	Pedigríe	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
2	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.77	55	55	233	115	4.4
61	CML 448 X CML 449	6.63	53	53	220	103	6.8
11	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.61	56	56	237	113	9.5
62	TESTIGO LOCAL # 1	6.58	55	56	215	111	12.8
37	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.44	54	55	232	108	1.5
6	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.42	54	54	221	105	5.7
7	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.4	54	55	223	108	11.4
29	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.39	55	55	238	116	12.6
9	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.38	54	54	227	109	18.1
14	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.33	55	56	230	114	3.5
56	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.3	55	56	224	112	16.1
57	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.25	56	56	224	113	14.3
16	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.19	56	56	228	107	4
58	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.19	54	55	225	108	16.1
35	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.17	53	54	228	106	8.5
30	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.15	55	56	235	104	15.5
59	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.13	55	56	233	112	19.2
43	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.12	55	55	235	106	1.8
5	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.07	55	56	226	113	9.7
3	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.04	55	56	233	110	5.1
10	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	6.01	56	57	230	112	3.7
38	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.01	54	55	232	106	2.9
60	CML 144 X CML 159	6.01	55	55	237	118	8.2
26	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.99	55	55	234	112	8.7
36	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.96	54	55	225	187	0.5
28	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.94	55	56	234	113	6.7
8	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.93	55	56	231	108	19
18	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.88	56	55	230	106	6.6
41	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.88	54	55	221	105	12.1
63	TESTIGO LOCAL # 2	5.84	53	53	229	112	6.1
46	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.82	56	57	232	106	18.3
4	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.81	53	54	220	99	1.2
40	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.81	55	55	221	104	0.9
15	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.8	56	56	222	107	5.6
55	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.76	54	55	220	108	4.4
12	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.74	55	56	235	115	12.4
50	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.66	55	55	211	103	9.8
17	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.62	56	55	224	106	6.4
20	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.61	55	56	235	120	6.9
42	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.59	53	54	226	101	1.3
25	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.52	54	56	232	113	5.9
54	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.51	55	56	232	111	23.8
31	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.49	55	55	226	110	8.3
23	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.42	56	57	236	121	6.5
34	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.4	54	55	220	103	17.8
44	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.36	55	56	227	101	4.7
33	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.27	55	55	218	104	18.1
39	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.27	54	56	216	97	0.7
21	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.25	56	57	236	115	16.6

ENT	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
49	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.24	55	56	207	94	15.1
32	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.22	55	56	221	107	5.6
47	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.22	56	56	218	106	19.5
53	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.22	56	56	230	105	5.3
22	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.19	53	54	218	107	5.1
1	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.15	55	56	227	112	5.1
19	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.08	55	56	225	108	5.1
13	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.04	55	56	219	101	2.2
52	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5	56	56	224	103	17.8
45	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.97	56	56	214	102	8.4
24	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.92	56	57	222	106	14.7
27	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	4.66	55	57	220	105	18.1
51	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.57	54	54	208	96	6.5
48	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	4.39	56	56	201	90	2.6

ENT= Entrada; Rend = Rendimiento de grano en toneladas por hectárea; FloMas = Floración Masculina en días;  
FloFem = Floración Femenina en días; AltPI = Altura de planta en Centímetros; AltMz = Altura de Mazorca en  
centímetros; % Aca = Porcentaje de Acame.

Cuadro 2A. Pedigree y promedios de las principales características agronómicas de las cruzas evaluadas en Cotaxtlá en el ciclo primavera-verano 2002.

Ent	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
62	TESTIGO LOCAL # 1	8.58	51	53	247	142	0
29	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	8.03	53	53	273	149	4
25	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	7.85	51	53	254	135	4.3
61	CML 448 X CML 449	7.7	49	51	246	139	0
63	TESTIGO LOCAL # 2	7.56	49	48	246	124	2.1
6	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	7.5	51	51	246	138	8.7
43	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	7.41	53	53	266	140	2.1
35	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	7.28	50	49	261	128	4.2
28	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	7.16	52	52	272	153	2.2
9	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	7.15	51	51	259	146	0
11	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	7.07	53	54	260	142	4.4
32	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	7.06	52	52	252	151	8.5
37	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	7.05	52	53	245	140	11.9
57	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	7.03	52	54	245	140	3.8
38	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	7.01	52	53	271	132	0
33	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.94	51	51	239	137	8.4
10	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	6.88	53	54	254	145	4.2
58	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.87	52	52	257	136	3.8
8	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.85	52	52	273	139	2.4
42	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.84	51	51	253	136	0
46	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.82	54	54	258	139	0
31	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	6.81	51	52	259	144	4
30	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.75	53	55	270	138	2.3
40	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.75	52	52	257	144	6.3
13	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	6.7	52	54	248	137	2
41	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.58	51	52	250	136	11.4
26	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.52	51	53	258	144	18.5
20	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.45	52	53	259	153	4.5
55	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	6.43	52	53	235	137	6
3	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.38	51	53	257	142	6.1
34	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.37	52	53	250	124	11.9
18	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.36	54	53	261	127	5.7
14	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.21	51	53	255	149	2.2
17	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.19	52	52	252	133	2.6
12	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.18	53	54	249	146	0
5	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.17	52	53	252	144	0
22	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	6.16	50	52	239	136	4.3
36	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	6.16	51	52	246	133	2.1
16	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.11	54	55	261	145	6
7	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.1	52	53	258	136	7
56	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6	53	53	248	140	2.2
4	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.97	50	52	260	138	4.3
52	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.97	55	53	255	126	2.6
23	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.91	52	55	266	156	12.9
15	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.9	53	54	240	130	1.9

ENT	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
2	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.84	53	54	266	149	4.6
50	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.81	53	52	242	134	6.6
60	CML 144 X CML 159	5.78	53	53	266	150	2.2
47	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.74	54	54	238	118	0
59	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.7	53	54	266	147	0
21	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.66	53	55	263	150	11.1
48	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.63	52	53	217	109	7.6
24	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.61	53	55	253	143	10
39	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.6	50	54	244	118	19.6
27	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.52	52	54	269	138	2.1
54	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.49	52	54	267	145	0
51	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.21	50	52	244	130	2.5
53	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.06	53	53	262	132	2.2
49	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	4.97	53	54	233	121	8.9
19	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.85	52	55	251	138	4.5
1	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.72	53	53	242	128	8.8
44	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	4.53	53	54	253	127	6.7
45	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.24	53	54	223	127	2.6

ENT= Entrada; Rend = Rendimiento de grano en toneladas por hectárea; FloMas = Floración Masculina en días; FloFem = Floración Femenina en días; AltPI = Altura de planta en Centímetros; AltMz = Altura de Mazorca en centímetros; % Aca = Porcentaje de Acame.

Cuadro 3A. Pedigree y promedios de las principales características agronómicas de las cruzas evaluadas en Agua Blanca en el ciclo primavera-verano 2002.

Ent	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
63	TESTIGO LOCAL # 2	9.43	51	50	273	135	2.2
60	CML 144 X CML 159	9.22	52	51	268	137	3.3
2	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	9	51	51	268	135	3.5
61	CML 448 X CML 449	8.66	51	50	240	122	2.8
30	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	8.52	52	52	260	115	2.4
43	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	8.44	53	52	260	110	2.4
37	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	8.43	53	52	270	122	2.6
14	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	8.38	53	52	260	128	3.1
29	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	8.38	53	52	260	128	3.1
57	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	8.09	53	51	260	135	3.2
5	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	8.02	52	52	243	120	2.8
3	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	7.98	52	52	265	130	3.2
44	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	7.96	52	51	258	103	2.8
1	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	7.74	52	52	263	130	3.1
15	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	7.73	53	53	250	130	2.9
28	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	7.62	53	53	258	140	3.7
7	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	7.58	52	51	245	131	3
56	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	7.58	52	52	255	135	2.8
50	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	7.54	54	53	240	115	3
18	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	7.43	53	52	263	123	2.7
36	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	7.43	52	53	255	124	2.1
4	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	7.37	51	50	238	108	3
58	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	7.32	52	51	235	126	1.9
6	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	7.23	51	51	248	123	3.3
9	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	7.21	52	51	248	125	2.8
8	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	7.2	52	51	255	115	3.5
11	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	7.16	55	54	278	147	3.6
40	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	7.15	54	53	240	112	3
26	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	7.13	52	52	265	139	2.3
59	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	7.08	53	53	248	117	2.6
42	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	7.01	51	51	248	108	2.6
20	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.96	52	53	268	140	3.4
10	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	6.94	55	55	268	130	3.1
39	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	6.88	52	52	240	120	2.5
23	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.73	54	54	268	144	3.1
17	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.7	53	52	240	117	2.7
32	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.68	52	52	230	110	3.4
46	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.68	54	53	253	120	2.5
21	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.66	54	54	265	138	2.8
49	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.58	53	52	235	110	2.6
38	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.53	52	52	250	117	3.5
16	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.5	53	53	265	125	2.2
12	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.42	52	52	265	140	3.3
62	TESTIGO LOCAL # 1	6.39	52	52	240	130	2.6
54	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.24	53	53	278	132	2.8
53	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.05	54	53	263	125	4
13	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.97	53	52	248	115	2.7
35	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.88	51	50	263	123	3

ENT	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
27	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.83	53	53	255	124	2.8
22	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.77	50	50	243	125	2.9
51	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.72	52	51	245	115	2.8
19	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.69	52	53	245	132	2.8
52	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.68	54	52	245	113	2.6
24	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.67	53	54	268	132	3.5
45	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.65	53	53	248	119	2.2
34	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.42	52	52	240	118	3.1
31	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.34	52	51	253	115	2.8
41	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.98	53	53	263	125	3.4
47	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	4.91	53	52	258	128	2.9
25	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.68	53	53	248	125	2.8
48	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	4.64	54	54	218	96	2.4
55	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	4.53	52	52	255	135	2.6
33	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.52	52	52	253	132	3.1

ENT= Entrada; Rend = Rendimiento de grano en toneladas por hectárea; FloMas = Floración Masculina en días; FloFem = Floración Femenina en días; AltPI = Altura de planta en Centímetros; AltMz = Altura de Mazorca en centímetros; % Aca = Porcentaje de Acame.

Cuadro 4A. Pedigree y promedios de las principales características agronómicas de las cruzas evaluadas en La Huerta en el ciclo primavera-verano 2002.

Ent	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
62	TESTIGO LOCAL # 1	7.26	51	50	227	113	2.5
40	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.92	49	49	243	115	2.3
2	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.68	52	51	240	120	1.8
11	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.66	52	52	257	120	1.7
43	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.64	49	50	247	115	2.2
46	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.63	52	52	258	110	2.3
61	CML 448 X CML 449	6.63	49	49	234	110	1.8
59	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.61	51	51	250	110	1.5
35	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.6	44	49	243	125	3
3	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.36	51	50	251	120	2
54	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.35	52	51	237	115	1.7
12	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.31	50	50	273	130	2
58	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.3	50	50	240	123	1.5
6	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.28	51	50	232	108	3
16	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.17	51	51	238	105	2.2
29	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.15	51	51	262	118	2.5
7	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.08	49	49	232	118	2.5
55	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.98	50	50	235	113	2.5
9	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.97	49	49	254	118	2.5
38	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.95	50	50	235	103	2.5
56	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.94	52	50	233	115	1.8
49	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.86	49	49	207	100	2.5
4	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.82	49	49	236	103	2.8
10	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.82	51	51	251	125	2.5
26	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.82	50	50	253	125	3
15	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.79	51	50	235	105	2.3
60	CML 144 X CML 159	5.7	51	50	243	128	2.5
37	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.69	50	50	242	105	1.8
8	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.66	51	50	245	118	2.3
5	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.59	51	51	245	123	3.5
57	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.56	51	51	237	120	2
20	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.48	52	50	262	135	3
36	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.46	50	50	237	108	2.2
30	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.3	50	50	263	123	3
17	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.26	49	51	258	113	3
42	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.2	50	49	255	115	2.3
44	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.17	50	49	245	120	2
18	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.13	51	51	256	110	3
28	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.07	52	51	245	115	3.5
31	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.04	51	51	236	115	3
33	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.03	50	49	242	115	3
22	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.02	49	49	230	108	3
41	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.98	50	50	226	105	2.3
52	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	4.96	50	51	243	113	3
34	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.87	50	50	228	108	3
50	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.87	51	51	210	110	2.5
53	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	4.84	50	50	246	115	2.3
14	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	4.78	52	52	247	115	3

ENT	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
32	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	4.77	51	51	244	108	2
23	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	4.61	52	51	260	130	2.2
48	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	4.61	52	51	208	90	3
13	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	4.57	51	51	249	118	2.8
27	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	4.48	53	51	240	113	3
25	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.47	50	51	253	133	2.7
19	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.37	51	51	246	120	2.8
47	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	4.35	51	52	231	115	2.5
45	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.2	51	51	226	108	3
51	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.19	49	49	203	90	3
63	TESTIGO LOCAL # 2	4.14	49	49	258	139	3
24	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.11	54	53	229	105	2.7
1	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.05	51	51	252	133	2.5
21	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	3.77	52	52	266	125	2.5
39	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	3.62	52	51	217	100	3.5

ENT= Entrada; Rend = Rendimiento de grano en toneladas por hectárea; FloMas = Floración Masculina en días; FloFem = Floración Femenina en días; AltPI = Altura de planta en Centímetros; AltMz = Altura de Mazorca en centímetros; % Aca = Porcentaje de Acame.

Cuadro 5A. Pedigree y promedios de las principales características agronómicas de las cruzas evaluadas en Nueva Delhi en el ciclo primavera-verano 2002.

Ent	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
62	TESTIGO LOCAL # 1	7.28	56	56	230	107	2
18	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	7.18	55	56	242	114	1
35	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.91	54	55	227	104	2
61	CML 448 X CML 449	6.87	52	53	224	98	2.5
16	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.79	56	56	238	109	2
36	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	6.69	56	56	230	100	2
59	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.62	56	56	248	113	1.1
17	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.59	56	56	225	111	1
60	CML 144 X CML 159	6.54	56	56	236	101	2
56	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.51	56	56	227	102	2
3	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.5	55	56	245	109	1.5
14	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.49	56	56	239	111	1.5
54	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.49	56	56	230	99	1.5
55	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	6.43	55	55	235	103	2.1
8	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.4	55	55	232	105	1.5
41	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.4	55	56	213	94	1.5
9	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.39	56	55	238	112	2.1
52	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.32	56	56	230	104	1
31	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	6.31	55	55	234	111	2.1
40	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.27	55	56	225	99	2
23	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.24	56	56	236	115	2
11	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.17	56	56	240	107	1
33	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.14	56	55	231	101	2
12	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.07	56	56	232	96	0.9
2	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.04	56	56	230	107	1.5
47	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.03	56	56	225	102	1
58	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.03	55	55	238	106	1.5
6	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.99	56	55	228	100	2.1
10	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.98	56	56	235	109	1.6
29	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.88	56	56	235	109	1
26	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.86	56	56	240	107	1.5
50	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.78	56	55	218	95	1.4
39	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.76	55	55	231	98	2
57	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.74	57	56	249	115	1.9
15	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.71	57	57	231	101	1.4
37	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.71	56	56	244	112	1.5
19	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.67	56	56	235	100	1.5
4	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.66	55	55	225	100	1.1
38	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.62	55	55	235	106	1.5
13	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.6	55	55	222	99	1.5
22	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.58	55	55	239	111	2.1
5	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.57	56	56	240	115	1.5
7	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.55	56	55	223	93	1.5
34	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.49	56	56	234	108	2
25	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.46	55	57	228	103	1.5
53	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.44	56	56	224	96	1.5
46	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.41	56	56	240	103	2
20	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.39	56	56	242	115	1.6

ENT	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
30	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.36	56	56	237	100	1.5
28	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.15	57	56	237	108	1.9
43	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.03	55	55	243	108	1.5
21	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.02	57	58	241	108	2
27	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	4.95	57	58	235	104	1.5
51	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.92	56	56	220	98	2
42	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.9	55	56	242	107	1
49	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	4.89	56	56	211	83	2
1	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.84	56	56	226	101	2
32	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	4.78	56	56	228	107	1.5
63	TESTIGO LOCAL # 2	4.65	55	55	227	110	1
45	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.47	57	58	221	100	1.4
24	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.26	57	57	228	101	1.5
48	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	4.11	56	56	214	95	1.9
44	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	3.81	56	56	221	99	1.9

ENT= Entrada; Rend = Rendimiento de grano en toneladas por hectárea; FloMas = Floración Masculina en días;  
 FloFem = Floración Femenina en días; AltPI = Altura de planta en Centímetros; AltMz = Altura de Mazorca en  
 centímetros; % Aca = Porcentaje de Acame.

Cuadro 6A. Pedigree y promedios de las principales características agronómicas de las cruzas evaluadas en Turipana en el ciclo primavera-verano 2002.

Ent Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
8 (CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	7.46	63	66	165	70	0
7 (CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.41	67	68	155	80	0
41 (CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.81	67	68	170	68	0
6 (CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.68	66	68	158	82	0
11 (CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.43	66	67	170	75	1
2 (CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.2	66	68	175	82	0
9 (CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.2	66	67	155	72	0
14 (CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.15	66	68	175	83	0
23 (CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.08	67	68	168	90	0
4 (CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.04	62	66	160	65	0
42 (CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5	63	66	157	65	0
38 (CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	4.84	68	69	155	65	0
16 (CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.8	66	67	155	70	0
44 (CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	4.68	66	67	172	75	0
21 (CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	4.64	67	68	168	85	0
26 (CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	4.56	67	68	167	70	0
57 (CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.51	66	67	160	75	0
62 TESTIGO LOCAL # 1	4.48	68	71	135	55	0
33 (CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.46	63	66	150	63	0
30 (CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	4.43	63	66	160	60	1
58 (CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.4	63	66	155	60	1
56 (CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	4.34	67	68	166	80	0
24 (CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.33	67	68	160	72	0
45 (CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.33	66	68	158	65	0
39 (CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	4.32	63	66	150	62	0
59 (CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	4.32	66	68	168	85	0
28 (CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.29	66	67	175	78	1
53 (CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	4.22	67	68	170	70	0
55 (CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	4.16	66	68	155	75	0
25 (CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.12	65	67	160	78	1
36 (CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	4.09	66	67	165	67	0
37 (CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	4.07	65	67	155	63	0
20 (CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	4.03	66	67	163	75	2
12 (CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	4	67	69	168	80	0
10 (CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	3.87	68	71	140	63	0
46 (CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	3.79	67	68	160	63	0
43 (CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	3.77	63	66	170	72	2
19 (CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	3.73	66	67	165	65	0
47 (CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	3.59	67	68	162	65	0
63 TESTIGO LOCAL # 2	3.57	59	62	173	70	3
15 (CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	3.46	67	68	167	85	0
29 (CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	3.45	67	68	155	75	0
3 (CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	3.31	66	67	162	65	0
50 (CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	3.26	67	68	150	70	0
17 (CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	3.24	66	68	165	80	0
22 (CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	3.22	63	66	145	68	0
61 CML 448 X CML 449	3.13	63	66	160	58	0
5 (CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	3.07	63	66	175	78	0
52 (CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	3.06	68	69	155	75	1
34 (CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	2.93	67	68	153	83	0

ENT Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
18 (CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	2.78	66	67	160	77	0
35 (CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	2.76	63	66	165	60	2
27 (CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	2.71	66	67	158	70	2
48 (CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	2.69	67	68	153	60	0
31 (CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	2.55	63	66	155	74	2
40 (CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	2.43	66	67	172	70	0
49 (CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	2.39	66	67	155	63	0
54 (CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	2.38	68	72	160	65	1
13 (CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	2.14	62	66	140	55	1
1 (CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	1.86	66	67	162	80	0
32 (CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	1.73	68	69	160	85	2
51 (CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	1.51	66	67	140	58	3
60 CML 144 X CML 159	1.4	66	68	165	80	2

ENT= Entrada; Rend = Rendimiento de grano en toneladas por hectárea; FloMas = Floración Masculina en días;  
FloFem = Floración Femenina en días; AltPI = Altura de planta en Centímetros; AltMz = Altura de Mazorca en  
centímetros; % Aca = Porcentaje de Acame.

Cuadro 7A. Pedigree y promedios de las principales características agronómicas de las cruzas evaluadas en Cuyutla en el ciclo primavera-verano 2002.

Ent	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
5	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	8	55	56	203	105	2
2	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	7.86	52	54	218	101	2.4
1	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	7.69	54	55	214	105	2.4
37	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	7.69	52	52	221	96	2.4
35	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	7.59	54	54	210	87	2.3
56	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	7.43	55	56	215	96	1.9
60	CML 144 X CML 159	7.42	55	55	236	100	2.4
34	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	7.32	50	54	211	91	2.5
11	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	7.17	53	54	218	88	2.7
55	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	7.03	52	53	206	99	2.1
14	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.97	55	55	208	105	3
45	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	6.93	54	56	198	90	2.5
31	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	6.89	55	56	222	100	1.8
61	CML 448 X CML 449	6.79	52	53	216	88	2.4
16	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.77	55	56	207	90	1.8
49	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.75	54	56	204	84	3
47	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.7	52	54	200	94	2.2
50	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.7	53	53	201	90	2.8
7	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.68	52	54	215	90	2.8
10	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	6.57	53	55	217	99	2.1
57	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.57	56	58	185	95	2.9
25	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.54	52	55	246	100	2.6
30	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.54	52	53	216	83	1.7
41	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.53	52	54	212	90	2.9
29	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	6.45	52	53	208	102	3.6
59	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.45	53	54	215	98	2.6
18	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.4	53	54	200	94	2.4
4	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	6.38	54	55	203	79	2.4
9	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.36	51	52	204	83	3.2
28	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	6.35	54	54	221	91	2.5
32	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	6.3	52	55	212	84	2.9
58	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	6.22	53	55	220	92	2.9
15	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	6.21	53	54	206	96	2.5
19	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	6.17	53	55	214	85	2.8
38	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.11	52	55	232	104	1.9
54	(CML 146 x CL-RCW01)-B-27-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	6.11	55	56	208	94	3.2
26	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	6.05	52	55	221	96	3.4
44	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	6.01	54	55	210	78	2.9
36	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1-1	5.93	52	53	221	99	3
51	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	5.87	52	53	193	83	3.7
6	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.84	52	53	207	82	3.2
21	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.75	56	57	207	91	2
17	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.74	56	56	208	87	2.4
3	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.71	54	56	214	88	2.6
53	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	5.71	55	56	210	90	2.5
63	TESTIGO LOCAL # 2	5.69	53	55	197	86	3.1
46	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.59	53	55	217	91	2.9
24	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	5.54	55	56	189	81	2.5

ENT	Pedigree	Rend t/h	FloMas	FloFem	AltPI	AltMz	% Aca
62	TESTIGO LOCAL # 1	5.49	54	56	190	97	3.5
12	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1	5.46	53	56	217	101	3.8
39	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.44	52	54	211	81	3.3
43	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	5.43	56	57	218	93	2.5
22	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.39	53	53	204	92	2.5
20	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1-2	5.35	55	57	212	103	2.8
40	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	5.34	52	53	190	85	2.7
13	(CML 147 x CL-RCW01)-B-10-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	5.26	53	55	202	76	3.1
8	(CML 147 x CL-RCW01)-B-4-1-2 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	4.71	57	59	214	97	2.8
48	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2	4.66	54	55	206	91	2.5
42	(CML 147 x CL-RCW01)-B-61-2-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1-1	4.59	49	52	203	80	3.3
33	(CML 147 x CL-RCW01)-B-53-1-3 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3-2	4.53	57	57	186	71	3.4
27	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1-2	4.47	51	55	162	86	2.7
52	(CML 173 x CL-RCW01)-B-15-3-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1-2	4.01	54	55	202	89	3.3
23	(CML 147 x CL-RCW01)-B-39-1-1 X (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1-2	3.95	57	58	210	102	3.5

ENT= Entrada; Rend = Rendimiento de grano en toneladas por hectárea; FloMas = Floración Masculina en días; FloFem = Floración Femenina en días; AltPI = Altura de planta en Centímetros; AltMz = Altura de Mazorca en centímetros; % Aca = Porcentaje de Acame.