

**ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA GENÉTICA Y
HEREDABILIDAD EN UNA POBLACIÓN DE MAIZ AMARILLO TROPICAL**

LUIS HERNÁNDEZ SAN JUAN

T E S I S

**Presentada como Requisito Parcial
para Obtener el Grado de:**

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO**



**Universidad Autónoma Agraria
“Antonio Narro”**

PROGRAMA DE GRADUADOS

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

NOVIEMBRE DE 2006.

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO

**ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA GENÉTICA Y
HEREDABILIDAD EN UNA POBLACIÓN DE MAÍZ AMARILLO TROPICAL**

T E S I S

Por

LUIS HERNÁNDEZ SAN JUAN

Elaborada bajo la Supervisión del Comité Particular de Asesoría y Aprobada como
Requisito Parcial para Obtener el Grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

Comité particular

Asesor principal:

M. C. Arnoldo Oyervides García

Asesor:

Dr. Humberto de León Castillo

Asesor:

Dr. Alfredo de la Rosa Loera

Asesor:

Dr. Sergio A. Rodríguez Herrera

Dr. Jerónimo Landeros Flores
Subdirector de Postgrado

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Noviembre de 2006.

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Por la oportunidad que ofrece a sus estudiantes, para realizar estudios de postgrado, y por los servicios asistenciales brindados.

Al consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). Por el apoyo económico aportado durante los dos años de maestría.

Al M. C. Arnoldo Oyervides García. Por permitirme formar parte de su trabajo de investigación, por la asesoría y culminación del presente trabajo.

Al Dr. Humberto de León Castillo. Por su participación activa en la revisión, corrección y sugerencias, del presente documento

Al Dr. Alfredo de la Rosa Loera. Por participar en los análisis genético estadísticos y las aportaciones realizadas.

Al Dr. Sergio A. Rodríguez Herrera. Por formar parte del comité particular de asesoría.

A la Lic. Antonia García Bautista. Por el inagotable apoyo brindado, que me ha permitido culminar con esta Maestría.

Al Ing. William Muñoz Benavides. Por su amistad y confianza brindada, y apoyo en los trabajos de campo.

A los Maestros del programa en Fitomejoramiento, que me brindaron sus conocimientos, que contribuyeron en mi formación profesional.

A todos mis compañeros, del programa de postgrado en fitomejoramiento, que de una u otra forma me brindaron su apoyo y amistad.

DEDICATORIA

A la memoria de mis abuelas: *María Cresencia Genaro[†] y Felipa González[†].*

A mi novia: *Antonia García Bautista.*

A mis Abuelos: *Sr. Leocadio Hernández y Sr. Genaro San Juan.*

A mis padres: *Sra. Catalina San Juan y Sr. Otilio Hernández.*

A mis hermanos: *Canicio, German, Leocadio, Sandra, Rodrigo y Héctor.*

COMPENDIO

ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA GENÉTICA Y HEREDABILIDAD EN UNA POBLACIÓN DE MAÍZ AMARILLO TROPICAL

Por

LUIS HERNÁNDEZ SAN JUAN

MAESTRÍA EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. NOVIEMBRE DE 2006.

M. C. Arnoldo Oyervides García---Asesor---

Palabras clave: *Zea mays* L., Diseño I de Carolina del Norte, parámetros genéticos, y heredabilidad.

Los objetivos de esta investigación fueron: 1). Estimar la proporción de varianza genética aditiva, de dominancia y heredabilidad en sentido estricto, a una población de maíz amarillo, de amplia variabilidad genética; y 2). Sugerir un procedimiento efectivo de mejoramiento genético, que permita, mejorar las características de herencia cuantitativa. Los componentes de varianza genética se estimaron, utilizando familias de medios hermanos y hermanos completos, desarrollados bajo el Diseño I de Carolina del Norte.

El apareamiento genético se realizó con 50 machos S_1 de grano tipo cristalino, cada uno apareado con 6 hembras S_1 de grano tipo dentado.

Las 300 cruzas fueron evaluadas en Úrsulo Galván, Veracruz, utilizando un diseño de bloques incompletos con arreglo alfa latice (0.1), con dos repeticiones. La parcela experimental consistió en dos surcos de 5 m, con 25 plantas por surco, a una distancia entre surco de 80 cm, y entre planta a 20 cm.

Los análisis genéticos estadísticos se realizaron, a las variables; altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento. Los valores de varianza aditiva (σ_A^2), varianza de dominancia (σ_D^2), heredabilidad en sentido estricto (h^2) y errores estándar, se estimaron utilizando el paquete estadístico SAS V8, con los procedimientos, GLM, VARCOMP (Method=type1), e IML. Las instrucciones proporcionadas al programa fueron siguiendo las formulas de Hallauer y Miranda (1981).

Los resultados indicaron que la población mostró una estructura genética similar con muy pocas diferencias entre y dentro de variables. En los análisis de varianza, para la fuente de variación de machos, las variables que presentaron diferencias estadísticas, con una significancia de ($p \leq 0.01$) fueron: altura de planta y altura de mazorca, mientras que para rendimiento la probabilidad de diferencia fue de ($p \leq 0.20$). En la fuente de variación, de hembras dentro de machos, probabilidad de encontrar diferencias entre familias no fue significativa en la mayoría de las variables, para rendimiento la significancia fue de ($p \leq 0.20$).

En los parámetros genéticos, la mayor proporción de la varianza genética fue atribuida los efectos aditivos, en donde altura de mazorca, la $\sigma_A^2 = 44.68$, y en rendimiento la $\sigma_A^2 = 0.13$. Los valores de la varianza de dominancia, para todas las variables fueron estadísticamente iguales a cero. Los valores de heredabilidad para todas las características fueron bajos, en donde rendimiento el valor fue de $h^2 = 17$ por ciento. Con los resultados obtenidos se sugiere que la población deberá seguir en un esquema de selección intra-poblacional.

La grafica Biplot comprueba el comportamiento agronómico observado en los cuadros 4.1 y 4.2, entre genotipos y variables. En la grafica biplot, para hermanos completos y medios hermanos, (figura 4.1 y 4.2 respectivamente) las variables que contribuyen con mayor expresión fueron: altura de planta y altura de mazorca, en ambas graficas el rendimiento se observa que la expresión de los genotipos fueron estadísticamente iguales.

ABSTRACT

ESTIMATION OF GENETIC VARIANCE COMPONENTS AND HERITABILITY IN
A TROPICAL YELLOW MAIZE POPULATION

By

LUIS HERNÁNDEZ SAN JUAN

MASTER OF SCIENCE IN PLANT BREEDING

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. NOVEMBER OF 2006.

M. S. Arnoldo Oyervides García--Adviser---

Key words: *Zea mays* L., Design I of North Carolina, genetic parameters, and heritability.

The objectives of this research were: 1). to estimate the proportion of additive, dominance genetic variance and heritability in narrow sense, to a population of yellow corn, of broad genetic basis. 2). to suggest an effective breeding procedure, that allow, to improve the quantitative inherited traits. Components of genetic variance were estimated, by using Full-sib and half-sib families that were developed under the North Carolina Design I.

The genetic mating were made with 50 S_1 males of flint corn to each, mated with 6 S_1 females corn dent. The 300 crosses were evaluated in Úrsulo Galvan, Veracruz, under an incomplete block design, Alfa lattice (0.1), with two replications. The families were planted in two-row plots; row length was 5 m and 0.80 m between rows with 25 plants per row.

The analysis was made to the variables plant and ear height, ears per plant and grain yield. The estimates of additive variance (σ_A^2) and dominance (σ_D^2), heritability in narrow sense (h^2), and standard error, were computed using; GLM procedure, VARCOMP procedure (Method=type1), IML procedure of the SAS V8 program. The instructions provided to the program were following the procedure of Hallauer and Miranda (1981).

Results indicate that the population showed a similar genetic structure with very few differences among and within of traits. The variance analysis, showed significant differences for males ($p \leq 0.01$) to plant and ear height, while that yield grain there were significant differences at ($p \leq 0.20$). To females within males, there were no significant differences at to most variables, for grain yield there were significant differences ($p \leq 0.20$).

The great proportion of genetic variance was attributed to additive effects, while height plant the $\sigma_A^2 = 44.68$, and grain yield was $\sigma_A^2 = 0.13$. The estimates of dominance variance were negatives or zero. To all traits, heritability values were low, for yield was

$h^2 = 17$ por ciento. Suggesting that the population should be used an intra-population breeding method.

The biplot it is appropriate to visualizing similarities among traits and genotypes, as the observed in table 4.1 and 4.2, for genotypes (Full-sibs and half-sibs) for traits, the most contrasting were yield and ear per plant.

ÍNDICE DE CONTENIDO

INDICE DE CUADROS.....	x
INDICE DE FIGURAS.....	xi
I. INTRODUCCIÓN.....	2
1.1. Objetivos.....	2
1.2. Hipótesis.....	2
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	3
2.1. Estimación de componentes de varianza genética.....	3
2.2. Diseños genéticos.....	5
2.2.1. Diseño I de Carolina del Norte y tamaño de muestra.....	6
2.3. Heredabilidad.....	7
2.4. Estudios sobre la precisión de los estimadores.....	10
2.5. Poblaciones heteróticas.....	12
2.6. Utilización de la Grafica “biplot”.....	13
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	15
3.1. Material genético vegetal.....	15
3.2. Ambiente de evaluación.....	16
3.3. Datos de variables agronómicos registrados.....	16
3.4. Diseño experimental.....	19
3.5. Análisis estadísticos y genéticos.....	20
3.6. Estimación de componentes de varianza genética.....	22
3.7. Estimación de errores estándar.....	24
3.8. Procedimiento estadístico para obtener la figura “biplot”.....	24
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	26
V. CONCLUSIONES.....	38
VI. RESUMEN.....	39
VII. LITERATURA CITADA.....	41

INDICE DE CUADROS

Cuadro 3.1. Estructura de análisis de varianza y esperanza de cuadrados medios del Diseño I de Carolina del Norte.....	22
Cuadro 4.1. Cuadrados medios para las variables altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento.	27
Cuadro 4.2. Componentes de varianza genética y errores estándar, para altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento.	29
Cuadro 4.3. Selección de 30 familias de Hermanos Completos, con base en su rendimiento y otras características agronómicas.	32
Cuadro 4.4. Selección de 25 machos, con base en su rendimiento de Medios Hermanos y otras características agronómicas.	35

INDICE DE FIGURAS

Figura 4.1. Grafica “biplot” Genotipo-Characterística (GT), de 30 familias de hermanos completos.....	34
Figura 4.2. Grafica “biplot” Genotipo-Characterística (GT), de 25 familias de medios hermanos.....	36

I. INTRODUCCIÓN

El éxito de un programa de mejoramiento genético es una consecuencia de la acción génica existente en la población bajo estudio. En cualquiera de sus modalidades, se basa en seleccionar, a los individuos que muestren las mejores expresiones fenotípicas de interés, para esto es necesario que exista la variabilidad genotípica entre los individuos y que transmitan a sus progenies las buenas características que los hicieron merecedores a ello (Márquez, 1992).

La estimación de componentes de varianza genética, es un asunto importante en el campo de la genética cuantitativa, en donde siempre es requerido un diseño de apareamiento genético, para la estimación de tales efectos; como la de varianza aditiva y de dominancia, lo que posibilita el cálculo de la heredabilidad y respuesta a la selección (Wu *et al.*, 2006; Sahagún-Castellanos, 2003).

La selección de materiales que puedan servir a los programas de mejoramiento genético requiere de un conocimiento de los mismos en evaluación y una idea clara de lo que se esta buscando (Vidrio, 2001).

La Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, a través de su programa de investigación en maíz para el trópico húmedo, trabaja en el mejoramiento genético de

maíz amarillo, con el objetivo de conformar poblaciones con alta frecuencia de alelos favorables y excelente comportamiento agronómico, de donde se puedan derivar líneas endogámicas, con aptitud para la formación de variedades e híbridos con excelentes rendimientos.

El presente trabajo de investigación se realizó a una población de maíz amarillo, formada a partir de la selección de maíces mejorados. De la cual se plantearon los siguientes objetivos.

1.1. Objetivos

1. Estimar la proporción de varianza genética aditiva, de dominancia y heredabilidad en sentido estricto, a una población de maíz amarillo.
2. Sugerir un procedimiento efectivo de mejoramiento genético, que permita mejorar las características de herencia cuantitativa presentes en la población.

1.2. Hipótesis

1. La población de maíz amarillo cuenta con la suficiente variabilidad genética que permitirá explotar, tanto su varianza genética aditiva y de dominancia.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. Estimación de componentes de varianza genética

La estimación de componentes de varianza genética, es un asunto importante en el campo de la genética cuantitativa, un diseño de apareamiento genético es siempre requerido para la estimación de efectos y varianzas; como la varianza aditiva y de dominancia, donde se incluye a los diseños de apareamiento como; Diseño I y II de Carolina del Norte, y los diseños de apareamiento dialélico propuestos por Griffing en 1956 (Wu *et al.*, 2006).

En maíz, se han realizado numerosos estudios, sobre la estimación de componentes de varianza. Hallauer y Miranda (1981), revisaron varios estudios sobre componentes de varianza genética en maíz conducidos a mediados de los años 80'S. La conclusión general de esos estudios, es que en muchas poblaciones de maíz, la varianza genética aditiva para rendimiento de grano, fue generalmente 2 a 4 veces mayor que la varianza de dominancia. La varianza de dominancia también es importante en poblaciones de maíz y siempre es significativa, pero generalmente es más pequeña que la varianza aditiva. Los primeros estudios sobre componentes de varianza asumían que la epístasis no era importante para rendimiento de grano en maíz. Estas suposiciones fueron necesarias ya que el número de covarianza entre parientes no estaba disponible

para estimar la epístasis y porque los modelos epistáticos eran difíciles de manejar matemáticamente.

Lamkey y Edwards (1999), revisaron varios trabajos realizados para estudiar la acción génica existente en maíz: Estimación de componentes de varianza, análisis de medias generacionales, selección recurrente, y depresión endogámica. En donde las estimaciones de componentes de varianza genética aditiva y de dominancia fueron diferentes, lo cual dependió de la población bajo estudio. Las estimaciones de componentes de varianza en poblaciones de maíz de amplia base genética, indicaron que los efectos aditivos fueron más importantes que los efectos de dominancia o epistáticos.

Los componentes de varianza son por definición valores positivos, a pesar de esto, las estimaciones de varianza pueden ser negativas, pudiendo deberse esto a un inadecuado modelo genético, por no considerar la varianza epistática, muestra inadecuada, e inadecuada técnica experimental (Searle, 1971).

Silva y Monteverde (1998), indican que la estimación de la magnitud de los componentes: aditivo, dominante y epistático de la varianza genética, constituye una valiosa información para los trabajos de selección. Mientras mayor sea la información sobre las contribuciones relativas de los diferentes tipos de efectos génicos y sus respectivas varianzas, mayor será la precisión en la selección de los mejores genotipos de la población, basado en los valores fenotípicos

2.2. Diseños genéticos

Los diseños genéticos o diseños de apareamiento, son planes de cruzamiento entre los individuos de una población, con el objetivo de estudiar teóricamente los efectos y las varianzas genéticas que se presentan en las progenies, para enseguida relacionar aquellos con los datos empíricos de tales progenies y poder estimar los parámetros genéticos que interesen. Generalmente estas son las varianzas genéticas, ambientales y fenotípicas, a fin de obtener estimas de la heredabilidad en sentido estricto o amplio, así como para hacer predicciones de la respuesta a la selección. Para poder lograr los objetivos de los diseños genéticos, se hace una serie de supuestos que pueden no corresponder a las situaciones reales. Esto es así porque de lo contrario, en ocasiones no sería posible llegar a resultado alguno, tales supuestos son: apareamiento aleatorio, organismos diploides, solo dos alelos en cada locus y ausencia de epistasis y de ligamiento entre loci (Márquez, 1992).

Wu *et al.* (2006), con el objetivo de proporcionar alternativas a los mejoradores en utilizar diferentes diseños genéticos y evaluar la estimación de componentes de varianza vía simulación con Monte Carlo. Se estudiaron cuatro diseños genéticos parciales y dos completos usando un modelo lineal mixto, la simulación de los resultados, mostraron que los componentes de varianza genética estimados para el modelo Aditivo, Aditivo*Ambiente, Aditivo*Aditivo, y Aditivo*Aditivo*Ambiente, los efectos fueron insesgados para los seis diseños. Entre los cuatro diseños parciales, dos proporcionaron resultados significativos para efectos Dominante y Dominante*

Ambiente, comparados con los diseños genéticos completos, pero con un ligero incremento en el cuadrado medio del error, indicando que algunos diseños genéticos parciales pueden ser usados cuando los recursos genéticos son limitados.

2.2.1. Diseño I de Carolina del Norte y tamaño de muestra

El diseño I se planteo y analizó en la Universidad Estatal de Carolina del Norte por Comstock y Robinson (1948; 1952). Este diseño de apareamiento genético se aplica a cualquier planta alogama que permita en una población usar plantas como diferentes machos (m) que se crucen, cada uno, con una serie de hembras (h), para obtener de cada apareamiento progenies de plantas, en donde las progenies de cada macho con sus hembras son familias de medios hermanos, en tanto que con cada hembra dan lugar a una familia de hermanos completos.

Para poder realizar las estimaciones de tales efectos en este diseño, se consideran el diseño de apareamiento, tamaño de muestra y el diseño experimental para la estimación de las variables.

Márquez y Hallauer (1970), estudiaron el efecto del tamaño de muestra para machos y hembras por macho, concluyendo que un número mínimo de 32 machos, y una muestra de ocho hembras por macho eran adecuados para el carácter rendimiento en maíz.

Gouesnard y Gallais (1992), refiriéndose también el Diseño I, resaltan la falta de congruencia entre realidad y modelo genético, y destacan que en ocasiones los efectos recíprocos y la epistasis, usualmente supuestos ausentes o despreciables, son fuente de sesgos en la estimación de la varianza de dominancia; estos autores encontraron que una desviación del modelo de apareamiento aleatorio, consistente en el apareamiento de un macho con hembras correlacionadas, produce un sesgo positivo en la estimación de la varianza aditiva.

En un estudio teórico Sahagún (1998), con el fin de detectar los factores que afectan la precisión en la estimación de componentes de varianza del diseño I de Carolina del Norte, estudió el efecto del nivel endogámico de los progenitores en diferentes asignaciones de números de hembras por cada macho. Y encontró que asignando ocho hembras por macho se obtienen estimadores más precisos de la varianza ambiental in-traparcelar cuando el coeficiente de endogamia fue 0.0 ó 0.5 y, solo en algunos casos, de la varianza de dominancia. Los estimadores más precisos de la varianza aditiva se produjeron con cuatro hembras para cada uno de 64 machos cuando se asignó los valores 1 y 2 a la varianza aditiva. Se encontró que el uso de machos con mayor coeficiente de endogamia que el de las hembras produce una estimación de la varianza aditiva más precisa que viceversa,

2.3. Heredabilidad

La heredabilidad de un carácter métrico es una de sus propiedades más importantes, y se define como el cociente de la varianza genética aditiva sobre la

varianza fenotípica (Falconer, 1990). Significado equivalente es la regresión del valor reproductivo sobre el valor fenotípico.

La heredabilidad (h^2) para una característica dada, determina la ganancia genética de selección y que estrategia de mejoramiento se debe de seguir (Falconer y Mackay, 1996).

La heredabilidad puede expresarse en dos formas: la heredabilidad en sentido amplio (H^2), que se define como la relación entre la varianza genotípica (σ_G^2) y la varianza fenotípica (σ_p^2) la cual representa la parte porcentual de la varianza fenotípica o observada atribuible a los efectos totales de los genes de una población y se expresa: $H^2 = \sigma_G^2 / \sigma_p^2$ Y la heredabilidad en sentido estricto; es la relación entre la varianza genética aditiva (σ_A^2) y la (σ_p^2), la cual representa la parte porcentual de la varianza fenotípica atribuible a los efectos aditivos de los genes en la población y se expresa como $h^2 = \sigma_A^2 / \sigma_p^2$. La h^2 estima la fracción de la variabilidad fenotípica que es transmisible a la descendencia (Molina, 1992).

La heredabilidad en uno u otro sentido puede estimarse a partir de información ocasional a de aquella obtenida expresamente para dicho fin. El grado de precisión del estimador de H^2 o h^2 dependerá a su vez del grado de precisión con que se estime σ_G^2 o σ_A^2 y del valor de σ_p^2 . Y su importancia reviste en el mejoramiento genético por selección (Molina, 1992).

La σ_A^2 y σ_P^2 al considerarse parámetros poblacionales, están estrechamente relacionados a la h^2 , y que estos pueden variar entre y dentro de poblaciones, para un mismo carácter. Cuando el comportamiento o la frecuencia génica de los individuos de una población es igual su σ_G^2 y h^2 serán cero, caso contrario, una población con frecuencia génica de 0.5 y acción génica aditiva, tendrá σ_A^2 y h^2 máxima (Molina, 1992)

La heredabilidad (h^2) difiere según la característica en estudio, Hallauer y Maranda (1981), en los trabajos revisados encuentran que, el porcentaje de heredabilidad para rendimiento de grano y longitud de grano es menor a 30%, mientras que para, altura de planta fue $>50<70\%$ y $>30<50\%$ en prolificidad. La magnitud de las estimaciones de heredabilidad, es afectada por el ambiente, población de referencia, muestra de genotipos evaluados, método de cálculo y tipo de progenies.

Lamkey y Hallauer (1987), compararon las estimaciones de heredabilidad para diferente tipo de estructuras familiares en maíz, y observaron que las progenies autofecundadas presentaban estimaciones de heredabilidad mas alta respecto a medios hermanos y hermanos completos, y que en hermanos completos las estimaciones eran mayor a medios hermanos.

2.4. Estudios sobre la precisión de los estimadores

Cuando se ha obtenido una estima se desea poder indicar su precisión, y es el error estándar una herramienta aceptada científicamente. La precisión de una estima depende de la varianza del muestreo; mientras más pequeña sea esta, se obtendrá una precisión más alta y el error estándar es la raíz cuadrada de la varianza del muestreo. La precisión de un estima de heredabilidad, es indicado por su error estándar (Falconer, 1990).

Coutiño *et al.* (2006), en un estudio realizado, donde los objetivos fueron comparar la magnitud de los errores estándar de predicción obtenidos de tres modelos estadísticos lineales mixtos en los que los efectos de localidades y de híbridos fueron considerados aleatorios o fijos. Aplicando los procedimientos Mixed, GLM y Varcomp del SAS para estimar los componentes de varianza. Encontró, que con el modelo lineal que considera a las localidades y a los híbridos como efectos aleatorios los errores estándar fueron 33% más pequeños, lo que permite detectar diferencias con mayor precisión. Los tres procedimientos del SAS produjeron las mismas estimaciones de los componentes de varianza usando datos balanceados, pero con datos desbalanceados sólo Mixed y Varcomp dieron los mismos resultados.

Márquez y Sahagún (1994), estudiaron el problema de la precisión de los estimadores de componentes de varianza genética en términos de la varianza de los estimadores. De acuerdo a este criterio, un estimador es más preciso si su varianza es más pequeña. Otros factores que afectan la calidad de los estimadores son el número de

repeticiones utilizadas en el experimento de evaluación y el nivel de endogamia de los progenitores de las familias evaluadas.

Sahagún (1997), encontró que el nivel de endogamia de los progenitores guarda una relación directa con la precisión de los estimadores de los componentes de varianza genéticos en los diseños I y II de Carolina del Norte. En el caso del Diseño I se encontró que al utilizar dos repeticiones y progenitores con un coeficiente de endogamia igual a 0.5, se obtienen estimadores de la varianza de dominancia más precisos que los obtenidos con cinco repeticiones y progenitores no endogámicos. Para la varianza aditiva el efecto de la endogamia, sin embargo, fue menor. Además, los efectos de la endogamia no fueron iguales en los dos diseños estudiados.

Sahagún (2001), en un ensayo publicado, donde sus objetivos fueron determinar el efecto del nivel endogámico en la precisión de los estimadores del Diseño de familias independientes de hermanos completos (DFIHC), encontró que la varianza de los estimadores de los componentes de varianza genética aumento de forma directa al aumentar la endogamia. Con los progenitores endogámicos ($F=0.5$ y 0.75), el DFIHC siempre tuvo menor precisión que la obtenida con el diseño II en la estimación de la varianza de dominancia. El DFIHC siempre superó al Diseño I en la precisión de la estimación de los componentes aditivo y de dominancia de la varianza genética, y el diseño II sólo en la estimación de la varianza de dominancia cuando $F = 0$ con cuatro repeticiones, cuando la endogamia fue de 1, el DFIHC no permitió estimar los componentes de varianza genética.

2.5. Poblaciones heteróticas

Los prerequisites para el desarrollo de cualquier tipo de híbridos son contar con buenos progenitores derivados fuentes de germoplasma superior con caracteres agronómicos deseables y alta aptitud combinatoria general y específica (Paliwal, 2001).

Un programa de desarrollo de híbridos por lo general necesita un mínimo de dos poblaciones contrastantes de buen comportamiento *per se* que muestren un alto grado de heterosis en las combinaciones híbridas.

El primer intento para una identificación sistemática de complejos raciales y grupos heteróticos de germoplasma tropical fue hecho por Wellhausen a principios de los años 60., en donde el mejor par heterótico resultó ser Tuxpeño en combinación con ETO. Uno de los patrones heteróticos más conocidos está compuesto por Reid Yellow Dent por Lancaster Sure Crop, (Dentado por Cristalino) para el mundo, mientras que para Europa el US Dent y European Flint, el CIMMYT ha realizado un amplio trabajo en la clasificación de germoplasma, principalmente en maíces tropicales y subtropicales (Paliwal, 2001).

Actualmente la utilización de los patrones heteróticos se ha extendido, desde la utilización de grupos raciales, hasta considerar propiedades específicas de una población como son materiales de porte enano en combinación de plantas normales, o materiales de alta calidad proteínica. Con el fin de hacer más eficiente el uso de germoplasma. Melchinguer y Gumber (1998), Definen un grupo heterótico como un grupo de

individuos relacionadas o no, que provienen de la misma o diferente población pero que muestran similar comportamiento en aptitud combinatoria y heterosis cuando se cruzan con individuos de otro grupo genéticamente diferente. Y un patrón heterótico lo definen un par de grupos heteróticos complementarios que al cruzarse producen descendencia que exhibe una alta heterosis y un excelente desempeño de híbridos.

Lee (1995), define a un grupo heterótico como una colección de germoplasma la cual, cuando es cruzada a un germoplasma diferente a este grupo, tiende a exhibir un alto grado de heterosis que cuando es cruzado a un miembro de su mismo grupo, y que dos grupos heteróticos recíprocos definen a un patrón heterótico.

De León *et al.* (2005), encuentra que las combinaciones germoplasmicas de mayor potencial de rendimiento para la región de El Bajío, son maíz enano en combinación con maíz tropical y maíz enano con maíz de alta calidad de proteína.

2.6. Utilización de la Grafica “biplot”

El concepto de “biplot” fue originalmente propuesto por Gabriel (1971), el objetivo principal de esta figura es resumir en una grafica, los patrones de respuesta que existen en datos originales, originado a partir de los dos primeros componentes principales, que permite una exploración rápida y fácil de una matriz de datos, ordenados en un cuadro de doble entrada.

La grafica “biplot” ha sido utilizada por mejoradotes de plantas, para explicar el comportamiento de materiales evaluados en un mega ambiente, y conocer la interacción genotipo ambiente, e identificar materiales con mejor comportamiento entre y dentro de sitios de evaluación, de la misma forma ha permitido conocer la relación genética entre materiales, para la integración de grupos germoplasmicos (Yan *et al.*, 2000; Yan *et al.*, 2001 y De León *et al.*, 2005).

Bargueño *et al.* (2003), mencionan que la grafica biplot GE y GGE, sirven para analizar características multi-regionales y estudiar la interacción genotipo ambiente (GEI), a través de modelos bi-lineales como AMMI o SREG. Que permiten describir la interacción genotipo ambiente e identificar mega-ambientes y materiales con el mejor comportamiento.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Material genético vegetal

El presente trabajo de investigación comprendió la evaluación, de 300 familias de hermanos completos de maíz amarillo tropical. Obtenidas del apareamiento de 50 progenitores masculinos de grano cristalino cada uno apareado con seis progenitores femeninos de grano dentado, de acuerdo al diseño de apareamiento genético anidado Carolina del Norte I (Comstock y Robinson, 1948). Donde el nivel de endogamia de ambos progenitores fue de 0.5.

3.1.1. Derivación de líneas S₁

El presente trabajo de investigación, inicio con una población de maíz amarillo considerada de amplia variabilidad genética, la cual se sembró en la localidad de Úrsulo Galván, Veracruz, en el mes de diciembre de 2004, al comienzo de su etapa reproductiva se seleccionaron las mejores plantas para ser autofecundadas, y obtener así las líneas S₁, la cosecha se realizo en junio de 2005. Las mazorcas fueron seleccionadas y separadas por tipo de grano en dentadas y cristalinas.

3.1.2. Formación de familias

Para la formación de familias de medios hermanos y hermanos completos, se seleccionaron 50 mazorcas cristalinos y 300 mazorcas dentadas, la primeras tomadas como machos y la segunda como hembras respectivamente, las cuales se sembraron en la misma localidad en el mes de junio de 2005, donde la parcela útil para cada macho fue de dos surcos de cinco metros de largo con 25 plantas con seis parcelas de hembras dentadas. En etapa reproductiva se dirigieron las cruces de cada macho con sus seis hembras para obtener las familias de medios hermanos y de hermanos completos.

3.2. Ambiente de evaluación

Las 300 cruces de la población, se evaluaron en la localidad de Úrsulo Galván, Estado de Veracruz, de clima trópico húmedo. Las ubicaciones geográficas son: 99° 01' de longitud oeste y 18° 40' de latitud norte.

La temperatura media anual de este lugar es de 30° C, con una precipitación de 800 mm, a una altitud de 85 msnm.

3.3. Datos de variables agronómicas registrados

Altura de la planta. Distancia medida en centímetros, desde el suelo hasta la base de la espiga, en una planta representativa de cada parcela. Después del estado lechoso del grano.

Altura de la mazorca. Distancia medida en centímetros, desde la base de la planta hasta el nudo de inserción de la mazorca principal, tomada en una planta representativa de cada parcela. Después del estado lechoso del grano.

Acame de raíz. Número de plantas que presentaban una inclinación mayor de 30° con respecto a la vertical por parcela, datos tomados dos semanas antes de la cosecha, y evaluada en porcentaje con respecto al total de plantas.

Acame de tallo. Es el número de plantas expresado en porcentaje, que presentaron el tallo quebrado por debajo de la mazorca principal. Dos semanas antes de la cosecha

Mala cobertura. Numero de mazorcas que se encontraron descubiertas totalmente por las brácteas por parcela, y evaluada en por ciento en relación con el total de las mazorcas cosechadas en cada parcela.

Prolificidad. Número de mazorcas cosechadas entre número de plantas cosechadas expresado en porcentaje.

Mazorcas con pudrición. Numero de mazorcas que se observaron total o parcialmente con granos podridos, evaluadas en por ciento respecto al numero total de mazorcas cosechadas por parcela.

Mazorcas con *Fusarium*. Numero de mazorcas que se observaron total o parcialmente con síntomas del hongo, evaluadas en por ciento respecto al numero total de mazorcas cosechadas por parcela.

Plantas por parcela. Numero de plantas por parcela, tomadas en etapa de floración.

Mazorcas cosechadas. Es el número total de mazorcas cosechadas por parcela, contadas al momento de la cosecha.

Peso en campo. Es el peso total de mazorcas cosechadas por parcela útil, expresado en gramos.

Porcentaje de Humedad. Para obtener este dato, se tomó un número de mazorcas representativas de la parcela, a las cuales se les desgranó de 3 a 5 hileras para obtener cerca de 250 g, esta muestra se somete a medida en un aparato *Dickie Jhon*, que determina la humedad del grano. Esta medición se hace al momento de la cosecha.

Rendimiento. Es la producción estimada por parcela experimental reportada en t ha⁻¹ de mazorcas al 12 % de humedad. Éste se obtuvo al multiplicar el peso seco (PS) por el factor de conversión (FC).

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

Donde: % H = porcentaje de humedad del grano a la cosecha por parcela y PC = peso de campo en gr.

$$FC = \frac{10,000 \text{ m}^2}{APU \times 0.88 \times 1000}$$

APU = área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre matas por el número exacto de plantas por parcela; 0.88 = constante para transformar el rendimiento de peso seco al 12 % de humedad; 1000 = constante para obtener el rendimiento en t.ha⁻¹; y 10,000 = valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m².

3.4. Diseño experimental

Las entradas fueron evaluadas bajo un diseño de bloques incompletos con arreglo alfa latice (0.1), en la localidad de Úrsulo Galván, con dos repeticiones, siendo la unidad experimental de dos surcos de cinco metros con 25 plantas por parcela aproximadamente, cada repetición consto de 10 bloques, los que a su vez, estaban formados por 30 parcelas de familia de hermanos completos cada una.

El modelo lineal empleado para el diseño de bloques incompletos fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + B_{j(i)} + \gamma_k + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

Y_{ijk} = Valor observado en un tratamiento,

μ = Efecto de la media general,

α_i = Efecto de la i-ésima repetición,

$B_{j(i)}$ = Efecto del j-ésimo bloque dentro de la i-ésima repetición.,

γ_k = Efecto de la k-ésima familia de hermanos completos y

ε_{ijk} = Error experimental.

3.5. Análisis estadísticos y genéticos

Se realizó un análisis de varianza para las variables; altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento, usando el paquete estadístico SAS Versión 8, utilizando el procedimiento GLM, VARCOMP (Type=1) e IML para la estimación del valor de significancia, la esperanza de cuadrados medios, componentes de varianza genética, heredabilidad y errores estándar.,

El modelo lineal del análisis genético fue el siguiente:

$$Y_{ijkl} = \mu + R_i + G_j + GR_{ij} + M_{k(j)} + H_{l(k*j)} + Eijkl$$

En donde para:

$i = 1, 2, \dots r$ (repeticiones)

$j = 1, 2, \dots g$ (bloques),

$k = 1, 2, \dots m$ (machos), y

$l = 1, 2, \dots, h$ (hembras)

Y_{ijkl} = Observación del k-ésimo macho cruzado con la l - ésima hembra, en la i - ésima repetición, dentro del j - ésimo grupo.

μ = Efecto de la media general.

R_i = Efecto de i-ésima repetición.

G_j = Efecto de j-ésimo bloque.

GR_{ji} = Efecto del j-ésimo grupo por la i-ésima repetición.

$M_{k(j)}$ = Efecto del k-ésimo macho dentro del j-ésimo bloque.

$H_{l(k*j)}$ = Efecto de la l-ésima hembra dentro del k-ésimo macho dentro de j-ésimo bloque y,

$Eijkl$ = Efecto de la variabilidad no controlada.

Se calculo el coeficiente de variación (CV) para determinar la variación relativa del error experimental en el análisis de varianza mediante la formula siguiente:

$$CV = \frac{\sqrt{CMEE}}{\bar{X}} \times 100$$

Donde:

CV = Coeficiente de variación,

$CMEE$ = cuadrado medio del error experimental y

\bar{X} = media general.

Cuadro 3.1. Estructura de análisis de varianza y esperanza de cuadrados medios del Diseño I de Carolina del Norte.

F.V	G. l	Símbolo	E(CM)
Rep	r-1		
Gpos	g-1		
Gpos x Rep	(g-1)(r-1)		
M/G	(m-1)g	M3	$\sigma_e^2 + r\sigma_{h/m/g}^2 + rh\sigma_{m/g}^2$
H/M/G	(h-1) mg	M2	$\sigma_e^2 + r\sigma_{h/m/g}^2$
Error	g(mh-1)(r-1)	M1	σ_e^2
Total	gmhr-1		

G.l = Grados de libertad; C.M = cuadrados medios, E (CM) = esperanza de cuadrados medios, r = repeticiones, m = machos y h = hembras.

3.6. Estimación de componentes de varianza genética

La estimación de los componentes de varianza aditiva (σ_A^2) y la varianza de dominancia (σ_D^2), así como la heredabilidad (h^2) se realizo utilizando las esperanzas de cuadrados medios del análisis de varianza para cada una de las variables.

Los componentes de varianza del diseño se estimaron como sigue:

$$\sigma_m^2 = \frac{M_3 - M_2}{hr}$$

$$\sigma_{h(m)}^2 = \frac{M_2 - M_1}{r}$$

$$\sigma_e^2 = M_1$$

Estos compones, ignorando la epistasis, tendrán las equivalencias siguientes:

$$\sigma_m^2 = \text{CovMH} = \frac{1}{4} \sigma_A^2$$

$$\sigma_{h(m)}^2 = \text{CovHC} - \text{CovMH} = \frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2$$

$$\sigma_e^2 = \sigma_p^2 - \text{CovHC} = \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{3}{4} \sigma_D^2 + \sigma_e^2$$

Los componentes de varianza genética se estimaron de la siguiente forma:

$$\sigma_A^2 = 4\sigma_m^2$$

$$\sigma_D^2 = 4(\sigma_{h(m)}^2 - \sigma_m^2)$$

La varianza fenotípica tendrá el equivalente siguiente:

$$\sigma_p^2 = \sigma_m^2 + \sigma_{h(m)}^2 + \sigma_e^2$$

$$= \frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2 + \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{3}{4} \sigma_D^2 + \sigma_e^2$$

$$= \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2$$

De los componentes de varianza del diseño, la heredabilidad en sentido estricto se calculo de la siguiente manera:

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_p^2} = \frac{4\sigma_m^2}{\sigma_m^2 + \sigma_{h(m)}^2 + \sigma_e^2}$$

Los análisis genéticos se obtuvieron, usando el paquete estadístico SAS (SAS, 1999 Versión 8), mediante el cual se obtuvieron los cuadrados medios y los componentes de varianza para cada una de las estimaciones y los errores estándar así como la heredabilidad

3.7. Estimación de errores estándar

Las varianzas de los estimadores de las componentes de varianza fueron calculados, usando las formulas de Hallauer y Miranda (1981).

$$V(\sigma_A^2) = \frac{16 * 2}{(rh)^2} \left[\frac{(CMm)^2}{glm + 2} + \frac{(CMh / m)^2}{glh / m + 2} \right]$$

$$EE \sigma_A^2 = \sqrt{V(\sigma_A^2)}$$

$$V(\sigma_D^2) = \frac{16 * 2}{(r)^2} \left[\frac{(CMm)^2}{glm + 2} + \frac{(CMh / m)^2}{glh / m + 2} \right] + \frac{16 * 2}{r^2} \left[\frac{(CMh / m)^2}{glh / m + 2} + \frac{(CMe)^2}{gle + 2} \right]$$

$$EE \sigma_D^2 = \sqrt{V(\sigma_D^2)}$$

$$EE \sigma_{h^2}^2 = \frac{EE \sigma_A^2}{\sigma_e^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{h/m}^2}$$

3.8. Procedimiento estadístico para obtener la figura “biplot”

El “biplot” GGE fue diseñado para analizar ensayos multiregionales, de la misma forma se a utilizadó para estudiar le relación que guardan los genotipos y características (Yan y Rajcan, 2002), donde el biplot es construido por los dos primeros componentes principales.

El modelo empleado en el Biplot GT es:

$$Y_{ij} - \bar{Y}_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \epsilon_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} = Es el valor promedio del i -ésimo genotipo en la j -ésima variable;

\bar{Y}_j = Es el valor promedio para todos los genotipos en la j -ésima variable;

λ_1 y λ_2 = son los valores singulares para el CP1 y CP2, respectivamente.

ξ_{i1} e ξ_{i2} = vectores característicos de el CP1 y CP2 respectivamente, para el i -ésimo genotipo.

η_{j1} y η_{j2} = son los vectores característicos para el CP1 y CP respectivamente, en la j -ésima variable.

ϵ_{ij} = error del modelo asociado en el genotipo i en la variable j .

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Con el propósito de dar cumplimiento a los objetivos planteados en el presente trabajo de investigación, en este capítulo se presentan los resultados obtenidos de los análisis genético estadísticos, de cuatro variables agronómicas evaluadas, bajo el Diseño de apareamiento anidado de Carolina del Norte I, en la localidad de Úrsulo Galván, Veracruz.

La explicación y discusión de los resultados se realizara, en base a los cuadrados medios, y su nivel de significancia de cada fuente de variación, de los componentes de varianza genética, heredabilidad y errores estándar de cada una de las estimaciones.

La discusión de los resultados que se muestran en cuadro 4.1, se realizará considerándolos como un modelo de efectos fijos en este caso, ya que los materiales se evaluarán por segunda ocasión y es de importancia para el programa de mejoramiento.

En el Cuadro 4.1. La fuente de variación de repeticiones, las variables que mostraron diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) fueron; altura de planta y prolificidad, y significativo ($P \leq 0.10$), para altura de mazorca, lo cual permite indicar que estas variables presentaron comportamiento diferente, entre repeticiones, que puede atribuirse a una heterogeneidad de las condiciones de los bloques.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios para las variables altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento, 2006.

F.V	G.l	ALT- PLA	Pr>F	ALT-MAZ	Pr>F	PROLIF	Pr>F	REND	Pr>F
Rep	1	1683.37	0.01	504.16	0.10	0.252	0.01	0.18	0.60
Gpos	9	592.96	0.01	242.24	0.15	0.056	0.01	1.47	0.10
Gpos*Rep	9	135.78	0.70	241.11	0.15	0.029	0.01	4.95	0.01
M(G)	40	333.91	0.01	284.56	0.01	0.013	0.50	1.04	0.20
H/M/G	250	204.97	0.35	150.52	0.50	0.012	0.70	0.64	0.20
Error	290	195.88		154.17		0.013		0.86	
C.V		8.17		14.51		12.082		12.11	

Pr>F = Nivel de significancia; G.l = Grados de libertad; ALT-PLA = Altura de planta; ALT-MAZ = Altura de mazorca; PROLIF = Prolificidad; REND = Rendimiento; Rep = Repeticiones; M = Machos; H (M) = Hembras dentro de machos; y C.V = Coeficiente de variación.

En el estudio de poblaciones bajo el Diseño I de Carolina del Norte, comúnmente se presentan un número grande familias de hermanos completos que evaluar, en la cual se recomienda realizar bloques o grupos dentro de cada repetición, se comprueba su utilidad en los resultados obtenidos en este trabajo. En la fuente de variación de grupos, resultado altamente significativo ($P \leq 0.01$), para las variables altura de planta, prolificidad y rendimiento, y significativa al ($P \leq 0.15$) para la variable altura de mazorca, indicando que los bloques en cada repetición fueron diferentes.

En la fuente de variación de machos dentro de grupos, se encontró diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$), en altura de planta, altura de mazorca, y significativo con probabilidad de ($P \leq 0.20$), indicando que la agrupación de machos dentro de grupos, solo en algunas características presentaron diferencias más significativas.

En la fuente de variación para hembras dentro de machos, los niveles de significancia fueron; ($P \leq 0.35$) para altura de planta, ($P \leq 0.50$) en altura de mazorca, y ($P \leq 0.70$) en prolificidad. Para la variable rendimiento la significancia fue de ($P \leq 0.20$), afirmando con un 80 por ciento de confianza que existen hembras dentro de machos que si se comportan de manera diferente. Lo cual afirma los resultados obtenidos por Márquez (1970), en la cual recomienda utilizar 6 a 8 hembras por macho en un mínimo de 48 machos para la característica rendimiento.

En el cuadro 4.2, se muestran los parámetros genéticos para las variables, altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento.

Cuadro 4.2. Componentes de varianza genética y errores estándar, para altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento, 2006.

Estimadores	Altura de planta	Altura de mazorca	Prolificidad	Rendimiento
σ_M^2	10.741	11.171	0.000086	0.033
$\sigma_{H/M}^2$	4.550	-1.830	-0.00049	-0.108
σ_E^2	195.884	154.179	0.013	0.864
σ_P^2	211.176	163.520	0.012	0.788
σ_A^2	42.967	44.685	0.0003	0.134
$EE\sigma_A^2$	25.040	21.176	0.001	0.078
σ_D^2	-24.766	-52.005	-0.002	-0.570
$EE\sigma_D^2$	54.882	42.649	0.003	0.199
h^2	0.203	0.273	0.027	0.170
EEh^2	0.118	0.129	0.080	0.099

σ_M^2 = Varianza de machos; $\sigma_{H/M}^2$ = varianza de hembras dentro de machos; σ_E^2 = varianza del error; σ_P^2 = Varianza fenotípica; σ_A^2 = Varianza aditiva; $EE\sigma_A^2$ = Error estándar de la varianza aditiva; σ_D^2 = varianza de dominancia; $EE\sigma_D^2$ = Error estándar de la varianza de dominancia y h^2 = heredabilidad en sentido estricto; EEh^2 = error estándar de la heredabilidad en sentido estricto.

Los valores de los componentes de varianza genética aditiva y de dominancia fueron diferentes para cada variable. En esta población las varianzas aditivas fueron mayor a los valores de la varianza de dominancia, en las variables altura de planta, altura de mazorca prolificidad y rendimiento los valores de varianza de dominancia fueron negativos o iguales a cero. Estos resultados concuerdan con los resultados de Hallauer y Miranda (1981), donde la varianza genética aditiva, fue dos a cuatro veces mayor que la varianza de dominancia, al evaluar el rendimiento de grano. Lamkey y Edwards (1999), concluyen que los valores, varían según la población bajo estudio. En la varianza dominancia para las variables altura de planta, altura de mazorca,

prolificidad y rendimiento, fueron valores iguales a cero. Estos resultados comúnmente se presentan al utilizar el Diseño I de Carolina del Norte, (Comstoc y Robinsón, 1948; 1952), Gouesnard y Gallais (1992), estos resultados lo atribuyen, a la presencia de epistasis en el estudio, supuestos despreciables en el modelo. Márquez y Sahagún (2000), a demás de la epistasis agregan, la endogamia como un supuesto que debería ser considerado.

Los valores para heredabilidad (h^2) obtenidos para altura de planta y altura de mazorca, 0.203 y 0.273, respectivamente, se considera como bajos, prolificidad y rendimiento los valores fueron (0.004, 0.027 y 0.170) respectivamente. Hallauer y Miranda (1981), menciona que los valores de heredabilidad difieren según la población y la característica en estudio, y que estos son influenciados por el ambiente. El mismo autor menciona que la heredabilidad en rendimiento de grano en maíz es menor a la heredabilidad de las demás características, y le proporciona un valor de <30%, los valores mas altos de heredabilidad los encuentra en altura de planta y mazorca con <50>70%.

El error estándar se utiliza como un criterio para medir la precisión de los estimadores, de modo que un estimador será mas preciso en la medida que su varianza sea mas pequeña (Márquez y Sahagún, 1994). Respecto a la varianza aditiva se puede observar que los errores estándar generalmente fueron mas pequeños respecto a la varianza de dominación corroborando las conclusiones de Márquez y Sahagún (1994), en donde el Diseño I de Carolina del Norte estima con mayor precisión la varianza aditiva.

Con el objetivo de identificar, los progenitores de las familias de hermanos completos, en el cuadro 4.3 se presentan los valores medios, de las variables altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento, de las 30 familias de hermanos completos, seleccionados como primer criterio su rendimiento. A demás las variables, acame de raíz, mala cobertura, mazorcas podridas, mazorcas con *fusarium*, expresados en porcentaje.

La crusa de progenitores de grano dentado por grano cristalino, mostraron resultados esperados, ya que esta característica expresa un buen comportamiento heterótico en la crusa de estos materiales, ya que se obtuvieron rendimientos desde 6.01 t.ha⁻¹ hasta 9.37 t.ha⁻¹, y una media de 7.67, los cuales superan el rendimiento medio a nivel nacional. Para altura de planta y altura de mazorca, los valores obtenidos son adecuados para formar materiales que eviten acames de planta y acame de mazorca. Siendo el acame un criterio utilizado en los programas de selección, los materiales seleccionados no presentaron prolificidad significativa. En las variables acame de raíz, acame de tallo, mala cobertura, mazorcas con podridas y mazorcas con *fusarium*, los porcentajes son de niveles bajos lo cual, nos permite seguir avanzado el mejoramiento genético con los materiales seleccionados.

La selección de 30 familias se realizó a los materiales de mayor rendimiento, y el número supera la cantidad de progenies que constituyen una nueva población de mejoramiento intra e inter poblacional. Smith (2004), menciona que el número de progenies a recombinar, conocido como tamaño efectivo de la población deberá ser

mayor a 20 progenies para regenerar o mantener la variabilidad genética y reducir los efectos de deriva genética y endogamia.

Cuadro 4.3. Selección de 30 familias de Hermanos Completos, con base en su rendimiento y otras características agronómicas, 2006

#	M x H	RTO	AP	AM	PRL	AR	CB	MZ-P	MZ-F
01	47 x 280	9.37	162.50	75.00	0.84	2.22	3.22	0.00	3.22
02	9 x 52	9.24	167.50	77.50	0.87	2.77	14.00	1.66	0.00
03	20 x 115	9.24	170.00	90.00	0.89	0.00	8.69	0.00	0.00
04	32 x 187	9.12	182.50	92.50	1.24	1.51	12.09	6.25	0.00
05	11 x 61	8.99	167.50	97.50	0.93	1.85	7.11	0.00	0.00
06	32 x 189	8.99	182.50	97.50	1.00	6.64	9.78	4.94	3.33
07	27 x 157	8.87	170.00	87.50	1.02	0.00	6.15	0.00	0.00
08	11 x 66	8.74	190.00	85.00	1.04	1.72	0.00	2.63	1.42
09	21 x 126	8.74	177.50	90.00	0.87	1.38	16.05	1.42	2.85
10	41 x 245	8.74	175.00	92.50	0.94	3.84	16.81	0.00	4.54
11	2 x 8	8.68	162.50	75.00	1.05	0.00	3.39	5.17	0.00
12	2 x 9	8.68	170.00	90.00	0.87	0.00	0.00	1.61	1.61
13	3 x 13	8.62	187.50	92.50	1.00	0.00	1.19	2.38	0.00
14	5 x 25	8.62	175.00	95.00	1.02	4.16	2.85	1.42	2.85
15	20 x 116	8.62	162.50	77.50	0.85	1.21	6.39	1.85	0.00
16	21 x 121	8.62	185.00	107.50	0.90	0.00	5.88	2.94	0.00
17	34 x 202	8.62	177.50	92.50	1.08	2.70	6.90	4.04	1.66
18	48 x 288	8.62	175.00	90.00	0.92	1.47	6.66	0.00	5.00
19	1 x 2	8.49	185.00	92.50	0.98	4.78	2.94	0.00	4.72
20	3 x 17	8.49	172.50	85.00	0.96	1.51	4.83	4.83	0.00
21	10 x 58	8.49	187.50	87.50	1.03	6.45	6.66	1.66	0.00
22	19 x 111	8.49	185.00	90.00	0.82	0.00	8.17	1.61	1.61
23	28 x 164	8.49	137.50	65.00	0.79	1.56	24.00	5.57	0.00
24	45 x 270	8.49	177.50	95.00	0.93	3.12	3.12	1.56	0.00
25	3 x 16	8.44	172.50	87.50	1.02	0.00	4.95	5.73	4.34
26	1 x 3	8.43	157.50	80.00	1.02	0.00	5.93	4.16	2.77
27	13 x 77	8.43	172.50	87.50	1.00	1.92	4.83	3.39	0.00
28	37 x 220	8.43	177.50	102.50	1.01	0.00	3.84	5.26	2.63
29	42 x 252	8.43	175.00	100.00	0.89	0.00	4.83	4.34	8.13
30	19 x 112	8.42	176.00	93.00	0.85	0.00	9.70	0.00	5.35
\bar{X}	7.67	171.27	85.53	0.95	2.23	5.65	2.19	2.69
Mín	6.01	137.50	62.42	0.71	0.00	0.00	0.00	0.00

AP = Altura de planta; AM = Altura de mazorca; PRL = Prolificidad; RTO = Rendimiento; AR = Acame de raíz (%); CB = Cobertura (%); MZ-P = Mazorcas con pudrición (%) y MZ-F = Mazorcas con *Fusarium* (%); \bar{X} = Media y Mín = Valor Mínimo.

El número de progenies seleccionadas es con el objetivo de integrar una nueva población de selección recíproca recurrente, en la cual la precisión de selección no sea menor a 20 %. Dentro de las 30 familias seleccionadas los mejores cinco cruces en base a rendimiento, altura de planta y mazorca, prolificidad, acame de raíz, cobertura, mazorcas podridas y mazorcas con *fusarium*, son (47 x 280, 11 x 66, 2 x 8, 2 x 9, y 3 x 13), son los materiales de buen comportamiento agronómico en la cruce.

La representación gráfica biplot clasifica a los efectos principales de una manera sencilla de interpretar, permitiendo realizar una mejor observación de la relación de los genotipos y las variables evaluadas. Este tipo de gráficas se ha utilizado eficientemente para interpretar la interacción genotipo-ambiente, he identificar materiales para futuros esquemas de mejoramiento, con características convenientes al investigador. En la gráfica biplot GT, un vector es señalado con una raya, desde el punto de origen, señalando la característica de mayor impacto de acuerdo a la magnitud de la raya, esto permite una mejor visualización de las relaciones entre y dentro las variables en estudio.

En la figura 4.1. La mayor variación explicada por el biplot esta dada por altura de planta y altura de mazorca, expresada por la magnitud relativa de sus vectores. La interrelación entre estas características es más relevante en el mejoramiento. Una relación cercana a cero es la que existe entre rendimiento y prolificidad. La figura 4.1 demuestra que el biplot GT, puede ser usado para identificar genotipos sobre varias características e identificar aquellos que particularmente puedan ser progenitores, en un esquema de mejoramiento. Este procedimiento fue igualmente eficiente como lo aplica Yan *et al.* (2002). Los genotipos que se encuentran más cercanos al vector de las

características expresan un valor mas alto, como puede observarse en el rendimiento no es el que mas contribuye, ya que los valores de rendimiento presentaron diferencias muy bajas.

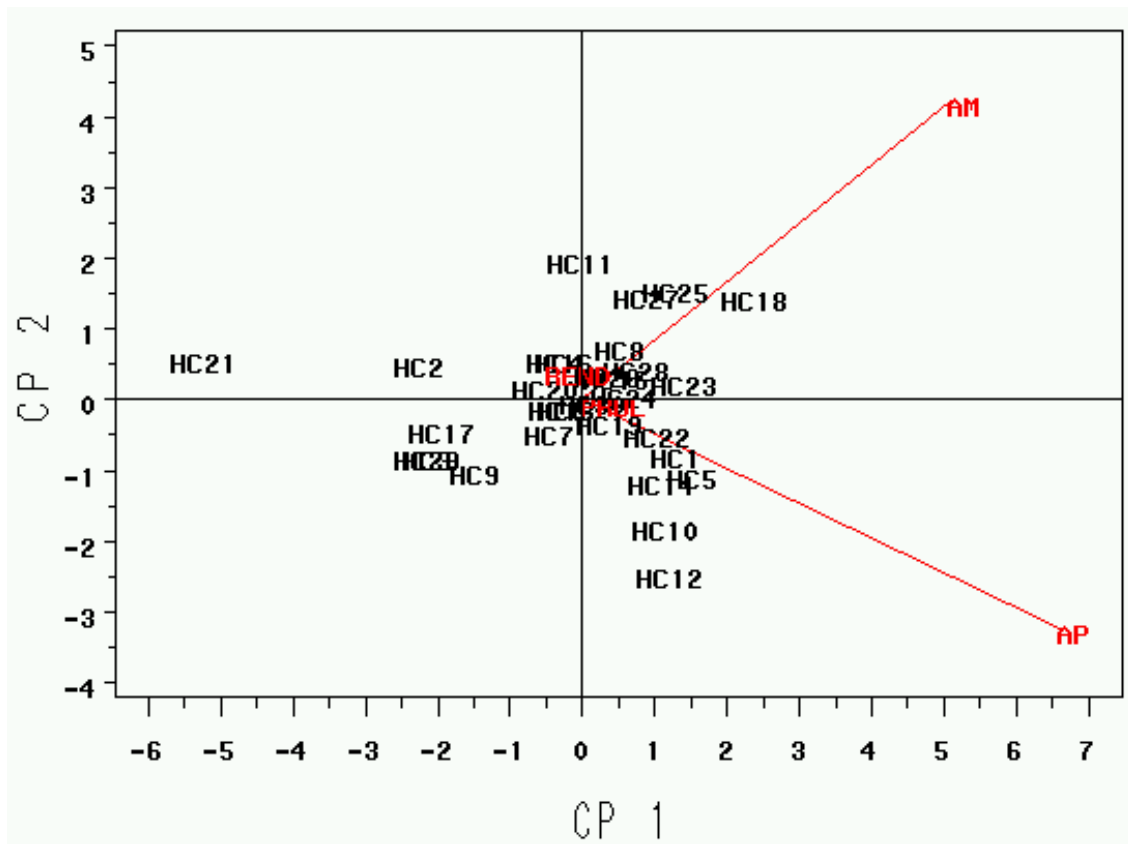


Figura 4.1. Grafica “Biplot” Genotipo-Característica (GT), de 30 familias de hermanos completos. CP1 y CP2 componente principal uno y dos respectivamente. AP = Altura de planta, AM = Altura de mazorca, PROL = Prolificidad y REND = Rendimiento. HC = Hermanos completos.

En el cuadro 4.4 se presenta, los valores promedio de 25 machos, seleccionados como primer criterio su rendimiento y las variables altura de planta, altura de mazorca, prolificidad, para conocer su comportamiento. Como puede observarse el rendimiento de los materiales no presento diferencias estadísticas, pero estos valores superan los promedios de rendimiento a nivel nacional, estos materiales son adecuados para ser

utilizados en un esquema de selección recurrente, que permita formar una fuente de germoplasma, para la derivación de líneas para la formación de variedades o híbridos.

En este cuadro no se muestran, variables como acame de tallo y raíz, mazorcas podridas, y mazorcas con *fusarium*, ya que se estaría obtenido un promedio general.

Cuadro 4.4. Selección de 25 machos, con base en su rendimiento de Medios Hermanos y otras características agronómicas, 2006.

ORDEN	MACHO	REND	ALT-PLA	ALT-MAZ	PROLIF
1	9	8.30	164.16	83.33	0.95
2	32	8.29	181.66	95.41	1.04
3	3	8.28	177.08	88.75	1.02
4	20	8.25	176.25	89.58	0.85
5	11	8.14	166.25	82.91	0.98
6	45	8.12	174.16	89.16	0.95
7	2	8.05	168.75	81.66	0.96
8	19	7.95	182.55	90.66	0.91
9	30	7.94	170.83	89.58	0.99
10	34	7.94	174.16	87.08	1.02
11	21	7.92	176.67	94.16	0.92
12	4	7.90	176.66	85.83	0.99
13	16	7.89	162.91	82.08	0.97
14	31	7.89	175.00	89.16	1.00
15	5	7.84	163.33	83.75	0.97
16	13	7.83	172.50	85.00	0.90
17	33	7.78	172.91	86.66	0.99
18	47	7.78	175.00	92.91	0.89
19	12	7.74	179.58	90.83	0.96
20	27	7.71	168.75	85.83	0.96
21	37	7.71	177.08	92.50	0.96
22	49	7.69	180.41	90.41	0.95
23	10	7.68	171.25	83.33	0.95
24	42	7.67	175.83	90.00	0.96
25	36	7.62	169.58	84.16	0.96

MHP = Medios hermanos paternos; ALT-PLA = Altura de planta; ALT-MAZ = Altura de mazorca; PROLIF = Prolifricidad; REND = Rendimiento.

La selección de los machos cristalinos sigue el mismo objetivo de integrar un esquema de selección recíproca recurrente, y es de importancia conocer el comportamiento de los machos en combinación con diferentes hembras dentadas, dentro de esta selección, no se seleccionan un número mínimo por características agronómicas ya que implicaría seleccionar un promedio del macho en combinaciones de cruza buenas y regulares.

Con el objetivo de ubicar gráficamente la relación que existe entre los genotipos y el rendimiento, altura de planta, altura de mazorca, y prolificidad.

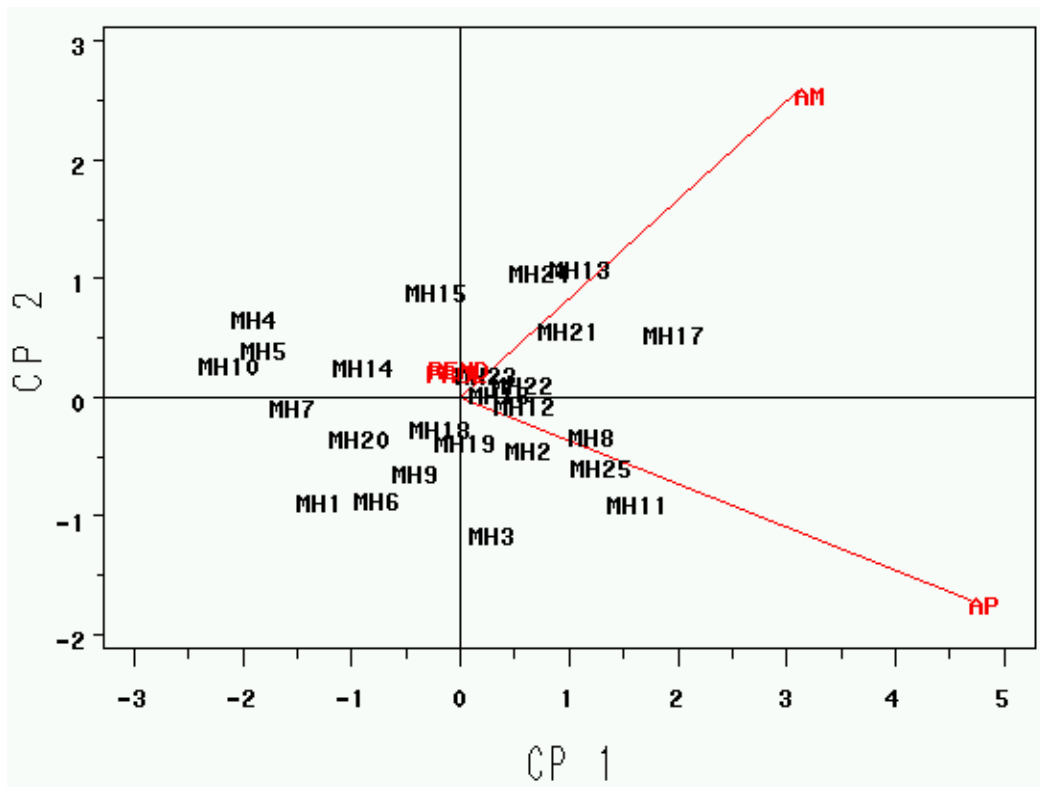


Figura 4.2. Grafica “Biplot” Genotipo-Característica (GT), de 25 familias de medios hermanos.. CP1 y CP2 componente principal uno y dos respectivamente. AP = Altura de planta, AM = Altura de mazorca, PROL = Prolificidad y REND = Rendimiento. MH = Medios hermanos.

La grafica biplot (Figura 4.2) muestra que las variables altura de planta, y altura de mazorca, expresan una mayor variabilidad por la magnitud de sus vectores. Para cada variable se ubican los genotipos con valores más altos, y de mayor peso para cada característica. Lo cual permite seleccionar los genotipos.

V. CONCLUSIONES

La población concentra una mayor proporción de acción génica aditiva que de dominancia, en las características, altura de planta, altura de mazorca y rendimiento, esta población deberá utilizarse en un esquema de selección recurrente.

Los valores negativos o iguales a cero de la varianza de dominancia, corrobora que el diseño I de Carolina del Norte, estima con mayor precisión la varianza genética aditiva que de dominancia.

Los valores de heredabilidad que se encuentran en la población para estas características son bajos.

En la estimación de componentes de varianza bajo el Diseño I, los progenitores derivados de una población de amplia variabilidad genética pueden ser, seleccionados y cruzarse en forma de dentados por cristalinos, lo cual permite encontrar un buen comportamiento heterótico, y elegir un esquema de mejoramiento inter-poblacional, teniendo un avance en el mejoramiento genético.

VI. RESUMEN

Para estudiar el potencial genotécnico de una población existen diversos diseños de apareamiento, que permiten estimar los componentes de su varianza genética, lo que posibilita el cálculo de la heredabilidad y respuesta a la selección. En maíz frecuentemente se ha utilizado el Diseño I de Carolina del Norte, para estimar los efectos y varianzas genéticas, presentes en una población. El objetivo de este estudio fue estimar la proporción de varianza aditiva y de dominancia y la heredabilidad en sentido estricto, presente en la población, que permitiera proponer un efectivo procedimiento de mejoramiento genético.

La investigación comprendió la evaluación de 300 familias de hermanos completos obtenidos de la cruce de cincuenta machos cristalinos cada uno con seis hembras dentadas, estos materiales presentaban una endogamia de 0.5.

Las entradas fueron evaluadas en la localidad Úrsulo Galván, Veracruz, utilizando el Diseño de bloques incompletos con arreglo alfa latice (0.1), con dos repeticiones, agrupadas en bloques de cinco machos, en donde cada bloque contenía treinta progenies, la parcela útil fue de 2 surcos de cinco metros.

De los análisis de varianza se obtuvieron los siguientes resultados, en los cuadrados medios de machos se encontró diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$), en altura de planta, altura de mazorca, significativo con probabilidad de ($P \leq 0.20$) en rendimiento. Para hembras dentro de machos, los niveles de significancia fueron; ($P \leq 0.35$) para altura de planta, ($P \leq 0.50$) en altura de mazorca, y ($P \leq 0.70$) en prolificidad. Para la variable rendimiento la significancia fue de ($P \leq 0.20$).

Los valores de varianza genética aditiva fueron mayores a los de dominancia, en altura de planta, altura de mazorca y rendimiento, estos resultados corrobora que el Diseño I, estima con mayor precisión la varianza aditiva. Para la varianza de dominancia los valores fueron negativos, en altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento. La heredabilidad fue de 0.20 y 0.29 para altura de planta y altura de mazorca respectivamente, para rendimiento fue de 0.17 equivalente a 17 por ciento. La población concentra una mayor proporción de varianza genética aditiva, la cual indica que la población deberá utilizarse en un esquema de selección recurrente para su mejoramiento.

La grafica Biplot comprueba el comportamiento agronómico observado en los cuadros 4.1 y 4.2, entre genotipos y variables. En grafica biplot, para hermanos completos y medios hermanos, (figura 4.1 y 4.2 respectivamente) las variables que contribuyen con mayor expresión fueron: altura de planta y altura de mazorca, en ambas graficas el rendimiento se observa que la expresión de los genotipos fueron estadísticamente iguales.

VII. LITERATURA CITADA

- Burgueño J, J Crossa, M Vargas. 2003. Graphing GE and GGE Biplots. CIMMYT. Biometrics. <<http://www.cimmyt.org/spanish/wps/biometrics/index.htm>>
- Comstock, R. E., and H. F. Robinson. 1948. The components of genetic variance in a population of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4: 254-266.
- Comstock, R. E. and H. F. Robinson. 1952. Estimation of the average dominance of genes. p. 494-516. *In*: J. W. Gowen (ed.), *Heterosis*. Iowa State College Press, Ames.
- Coutiño, E., B. and V. A., Vidal, M. 2006. Componentes de varianza de híbridos de maíz evaluados en la faja maicera de los Estados Unidos. *Agrociencia*. 40:89-98.
- De León-Castillo., H., F. Rincón-Sánchez., M, H. Reyes-Valdés., D. Samano-Garduño., G. Martínez-Zambrano., R. Cabazos-Cadena y J, D. Figueroa-Cárdenas. 2005. Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplasmicas formadas entre grupos de maíz. *Rev. Fitotec. Méx.* Vol. 28(2): 135-143.
- Falconer, D. S. 1990. *Introduction to Quantitative Genetics*. 3rd ed. Longman. 438 p. USA
- Falconer, D. S. and T. F. C. Mackay. 1996. *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed. Longman, Essex, England
- Gabriel. K., R. 1971. The biplot-graphical display of matrices with applications to principal components analysis. *Biometrika*. 58:453-467.
- Gouesnard, B., and A. Gallais. 1992. Genetic variance component estimation in a nested mating design with positive assortative mating, and application to maize. *Crop Science* 32: 1127-1131
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian J. Biol. Sci.* 9:463-493.
- Hallauer, A. R. and J. B. Miranda, Fo. 1981. *Quantitative genetics in maize breeding*. First edition. Iowa State Univ. Press, Ames. 468 p

- Lamkey, K. R., and A. R. Hallauer. 1987. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. *Maydica* 32:61-78.
- Lamkey, K. R. and J. W. Edwards. 1999. The quantitative genetics of heterosis. p. 31-48. In: J.G. Coors and S. Pandey (ed.) *The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*, CIMMYT, Mexico City, Mexico, 17-22 Aug. 1997. ASA, CSSA, and SSSA, Madison.
- Lee, M. 1995. DNA markers and plant breeding programs. *Adv. Agron.* 55:265-344.
- Márquez-Sánchez, F., and A. R. Hallauer. 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. *Crop Sci.* 10: 357-361.
- Márquez S., F. 1992. *Genotecnia Vegetal. Tomo I. Métodos, Teoría, Resultados.* AGT Ed. 357 p. México.
- Márquez, S. F., y J. Sahagún-Castellanos. 2000. Estimación de varianzas genéticas en maíz con familias independientes de hermanos completos. *Agrociencia* 34: 437-444.
- Melchinger, A. E, R. K. Gumber. 1998. Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. *In: Concepts and Breeding of Heterosis in Crop plants.* K. R. Lamkey, J. E. Staub (eds). Madison, Wisconsin. pp:29-44.
- Molina, G. J. D. 1992. *Introducción a la Genética de poblaciones y cuantitativa (algunas implicaciones en genotecnia)* 1^{er}. Ed. AGT Editor. México, D. F.
- Paliwal, R. L., G. Granados, H. R. Lafitte, A. D. Violic., J. P. Marathe. "001. Mejoramiento del maíz híbrido. *In: El maíz en los trópicos: Mejoramiento y producción.* 1er. Ed. Roma.
- Sahagún C., J. 1997. Precisión de estimadores de componentes de varianza del Diseño I de Carolina del Norte con progenitores endogámicos. *Rev. Fitotec. Mex.* Vol. 20 (1):1-12.
- Sahagún C., J. 1998. Precisión de estimadores del Diseño I con diferentes niveles endogámicos en diferentes asignaciones de hembras a machos. *Rev. Fitotec. Méx.* Vol. 21 (1):69-81.
- Sahagún, C. J. 2000. Estimación de varianzas genéticas con medios hermanos maternos y diferentes niveles endogámicos y repeticiones. *Agrociencia* 34:21-32
- Sahagún, C. J. 2001. Estimación de componentes de varianza con progenitores endogámicos de familias independientes de hermanos completos. *Ensayo. Agrociencia* 35: 169-179.
- Searle, S. R. 1971. Topics in variance component estimation. *Biometrics.* 27:1-74.

- Silva R. J. y Monteverde-Penso. E. 1998. Estimación de componentes de varianza genética de una población indehisciente de ajonjolí tipo chino utilizando dos diseños de apareamiento. *Revista de la Facultad de Agronomía (Maracay)* 24(1).
- Smit W. C. 2004. *Corn: Origin, History, Technology, and Production*. ISBN 0-471-41184-1 John Wiley & Sons, Inc.
- Wu, J., J. N. Jenkins, J. C. McCarty, and D. Wu. 2006. Variance component estimation using the additive, dominance, and additive x additive model when genotypes vary across environments. *Crop Sci.* 46:174-179
- Vidrio H., R. 2001. Estimación de componentes genéticos en dos poblaciones de maíz con diferente dosis de germoplasma. Tesis de maestría en ciencias. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Saltillo, Coah, México. 49 p.
- Yan W, L A Hunt, Q Sheng, Z Szlavnic. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. *Crop Sci.* 40:597-605.
- Yan W. 2001. GGEbiplot—A Windows Application for Graphical Analysis of Multienvironment Trial Data and Other Types of Two-Way Data. *Agron. J.* 93:1111–1118
- Yan W, and I. Rajcan. 2002. Biplot Analysis of Test sites and Trait Relations of Soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42:11-20

APÉNDICE

Tabla A1. Comportamiento agronómico de 300 familias de hermanos completos, bajo en Diseño I de Carolina del Norte, en Úrsulo Galván Ver., Dic-Jun-2006.

M	H	AP	AM	PRO	RTO	AR	AT	MC	MZP	MZF	CALIF	OBS
1	1	152.50	82.50	0.94	6.81	0.00	0.00	0.00	2.56	3.33	1.50	
1	2	185.00	92.50	0.99	8.50	4.79	0.00	2.94	0.00	4.73	0.00	*
1	3	157.50	80.00	1.03	8.44	0.00	0.00	5.93	4.17	2.78	1.00	
1	4	167.50	77.50	0.91	7.81	0.00	0.00	8.93	12.50	0.00	2.00	*
1	5	170.00	75.00	1.04	7.12	1.32	0.00	0.00	1.22	0.00	0.00	*
1	6	155.00	72.50	1.02	6.31	1.79	3.57	12.04	3.33	0.00	2.00	
2	7	175.00	85.00	1.00	7.94	0.00	0.00	2.63	3.45	1.72	1.50	+
2	8	162.50	75.00	1.06	8.69	0.00	0.00	3.39	5.17	0.00	1.00	+
2	9	170.00	90.00	0.87	8.69	0.00	0.00	0.00	1.61	1.61	2.00	
2	10	167.50	70.00	0.88	7.44	0.00	0.00	3.45	1.56	6.73	2.50	
2	11	162.50	80.00	1.02	7.37	2.94	0.00	5.18	3.57	3.40	1.50	
2	12	175.00	90.00	0.98	8.19	0.00	0.00	1.56	4.17	1.56	2.00	
3	13	187.50	92.50	1.00	8.62	0.00	0.00	1.19	2.38	0.00	1.00	
3	14	167.50	80.00	1.14	7.75	3.85	0.00	10.60	3.33	3.57	0.50	*
3	15	192.50	105.00	1.04	8.37	0.00	0.00	5.88	1.28	0.00	0.50	*
3	16	172.50	87.50	1.02	8.45	0.00	0.00	4.95	5.74	4.35	1.00	+
3	17	172.50	85.00	0.97	8.50	1.52	0.00	4.84	4.84	0.00	1.00	
3	18	170.00	82.50	1.00	8.00	0.00	1.56	4.84	7.61	0.00	2.50	*+
4	19	157.50	77.50	0.89	7.94	7.19	0.00	18.79	3.03	1.52	1.50	
4	20	185.00	85.00	0.98	8.00	3.33	0.00	6.67	3.33	1.67	0.00	*
4	21	167.50	80.00	0.98	7.94	2.63	0.00	2.56	1.28	3.57	1.00	
4	22	170.00	85.00	0.99	8.12	0.00	0.00	2.17	4.95	0.00	1.00	+
4	23	192.50	95.00	1.17	8.00	0.00	0.00	10.00	5.00	1.67	2.00	
4	24	187.50	92.50	0.96	7.41	1.79	0.00	5.17	0.00	1.72	2.50	
5	25	175.00	95.00	1.03	8.62	4.17	2.08	2.86	1.43	2.86	0.50	*+
5	26	167.50	85.00	0.88	8.12	1.56	1.56	3.13	1.79	1.79	1.00	*
5	27	160.00	80.00	1.01	8.25	8.82	0.00	0.00	3.99	1.43	0.50	
5	28	162.50	92.50	0.97	7.87	4.29	0.00	4.55	2.99	2.94	1.50	+
5	29	167.50	80.00	0.94	6.94	7.69	0.00	5.32	0.00	1.47	0.00	*
5	30	147.50	70.00	1.04	7.44	1.47	0.00	0.00	1.79	0.00	1.00	
6	31	170.00	85.00	0.94	7.12	3.23	0.00	6.80	1.61	0.00	0.50	
6	32	155.00	75.00	1.27	8.12	2.17	6.52	2.78	1.39	4.34	1.50	+
6	33	165.00	100.00	0.92	6.87	1.67	0.00	7.91	1.85	0.00	1.00	
6	34	177.50	85.00	0.91	8.00	3.75	0.00	1.43	4.33	2.90	0.00	*
6	35	187.50	95.00	0.95	8.00	9.50	0.00	2.08	1.61	0.00	1.00	
6	36	172.50	85.00	0.98	7.25	5.00	0.00	1.67	1.67	0.00	0.50	
7	37	170.00	87.50	1.05	7.75	1.79	1.61	8.02	0.00	3.33	0.00	+

M	H	AP	AM	PRO	RTO	AR	AT	MC	MZP	MZF	CALIF	OBS
7	38	150.00	85.00	0.96	6.69	0.00	0.00	0.00	3.13	0.00	0.00	*
7	39	185.00	92.50	0.95	8.00	0.00	0.00	7.14	0.00	1.52	0.50	*
7	40	167.50	87.50	0.89	7.37	7.39	0.00	9.84	3.28	0.00	1.00	
7	41	160.00	90.00	0.98	8.37	0.00	1.85	4.35	3.45	0.00	3.00	
7	42	155.00	82.50	1.00	7.12	5.00	0.00	6.67	1.67	4.37	1.50	
8	43	155.00	67.50	0.91	7.12	4.55	0.00	6.45	1.72	1.72	2.00	
8	44	167.50	100.00	0.95	7.87	0.00	0.00	8.68	1.61	2.56	1.50	+
8	45	172.50	85.00	0.91	7.37	5.71	0.00	6.92	3.85	1.67	0.00	
8	46	180.00	82.50	0.94	6.75	0.00	0.00	2.94	1.47	1.47	0.50	*
8	47	172.50	90.00	0.84	7.50	1.67	0.00	0.00	2.78	2.00	1.00	+
8	48	172.50	85.00	0.91	7.25	1.52	0.00	8.69	1.79	3.45	1.00	*+
9	49	155.00	87.50	0.87	8.31	0.00	0.00	8.68	0.00	0.00	1.50	+
9	50	165.00	85.00	1.02	8.00	3.85	0.00	5.24	0.00	0.00	0.50	
9	51	157.50	77.50	0.96	7.87	1.61	0.00	0.00	1.56	0.00	0.00	*
9	52	167.50	77.50	0.87	9.25	2.78	0.00	14.09	1.67	0.00	1.50	+
9	53	187.50	92.50	0.97	8.00	1.39	0.00	7.35	2.86	1.47	0.50	*
9	54	152.50	80.00	1.04	8.37	1.85	0.00	4.35	1.52	1.52	1.50	+
10	55	172.50	77.50	1.13	7.62	0.00	0.00	7.81	0.00	3.13	3.50	+
10	56	172.50	80.00	0.98	8.00	1.56	0.00	8.49	2.83	0.00	2.00	*
10	57	155.00	80.00	0.90	6.75	0.00	0.00	0.00	3.33	3.33	2.00	+
10	58	187.50	87.50	1.04	8.50	6.46	0.00	6.67	1.67	0.00	2.00	+
10	59	167.50	82.50	0.83	7.50	8.56	0.00	11.90	1.79	4.17	1.50	
10	60	172.50	92.50	0.89	7.75	0.00	0.00	8.57	4.64	0.00	1.00	
11	61	167.50	97.50	0.93	9.00	1.85	0.00	7.12	0.00	0.00	0.00	+
11	62	162.50	82.50	0.98	7.12	0.00	0.00	5.96	1.67	1.67	1.50	
11	63	167.50	82.50	1.01	8.12	1.67	0.00	5.56	0.00	1.85	0.50	*
11	64	165.00	82.50	1.01	8.25	7.41	0.00	10.80	0.00	3.19	2.50	+
11	65	145.00	67.50	0.91	7.62	0.00	0.00	0.00	7.08	0.00	0.00	+
11	66	190.00	85.00	1.04	8.75	1.72	0.00	0.00	2.63	1.43	0.00	*
12	67	182.50	80.00	1.06	8.25	1.47	0.00	0.00	0.00	1.67	0.50	*
12	68	180.00	92.50	0.85	7.37	6.41	0.00	4.55	4.70	0.00	1.00	*+
12	69	187.50	95.00	1.04	8.25	0.00	0.00	6.25	5.17	0.00	2.00	*+
12	70	177.50	95.00	0.99	7.50	1.43	0.00	6.21	3.18	0.00	1.50	
12	71	185.00	97.50	0.90	7.12	2.50	0.00	6.25	3.23	1.56	0.50	*
12	72	165.00	85.00	0.96	8.00	6.06	0.00	7.81	0.00	4.17	1.50	+
13	73	177.50	85.00	0.85	8.19	3.70	0.00	7.50	0.00	2.50	1.50	*
13	74	175.00	85.00	0.85	8.37	0.00	0.00	7.69	1.92	0.00	1.00	+
13	75	190.00	100.00	1.05	7.12	0.00	0.00	5.56	3.13	0.00	2.00	+
13	76	160.00	77.50	0.85	7.62	1.14	2.27	4.05	4.05	0.00	0.50	+
13	77	172.50	87.50	1.01	8.44	1.92	0.00	4.84	3.40	0.00	1.50	*
13	78	160.00	75.00	0.79	7.25	3.57	0.00	15.00	5.00	8.75	1.00	*

M	H	AP	AM	PRO	RTO	AR	AT	MC	MZP	MZF	CALIF	OBS
14	79	167.50	80.00	0.97	6.62	0.00	0.00	0.00	2.67	0.00	2.00	*
14	80	170.00	77.50	0.96	8.37	0.00	0.00	2.78	0.00	1.39	3.50	
14	81	160.00	72.50	0.91	7.75	0.00	0.00	0.00	2.70	3.98	1.50	*+
14	82	167.50	82.50	0.89	7.75	10.47	0.00	0.00	0.00	0.00	1.50	
14	83	165.00	80.00	0.88	6.87	0.00	0.00	7.14	2.94	0.00	0.50	+
14	84	172.50	77.50	0.82	7.25	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.50	
15	85	170.00	82.50	0.98	7.31	3.03	0.00	5.77	2.78	0.00	0.00	+
15	86	175.00	82.50	0.83	8.00	2.17	0.00	18.71	5.26	1.85	1.50	+
15	87	160.00	80.00	1.06	7.12	0.00	0.00	0.00	0.00	2.50	2.50	+
15	88	160.00	87.50	0.88	7.50	0.00	0.00	3.13	1.47	0.00	1.00	
15	89	157.50	62.50	1.01	8.31	1.47	0.00	10.05	0.00	1.47	1.00	+
15	90	170.00	80.00	0.89	7.31	7.08	0.00	5.44	1.25	0.00	2.00	
16	91	152.50	75.00	1.03	7.56	11.84	0.00	0.00	2.57	0.00	0.00	*
16	92	157.50	82.50	1.01	7.50	4.37	0.00	7.39	2.70	0.00	0.00	
16	93	167.50	87.50	0.93	7.50	1.19	2.38	6.67	4.17	1.67	0.50	+
16	94	172.50	87.50	0.95	8.25	9.40	0.00	0.00	1.35	1.35	3.00	*
16	95	157.50	80.00	0.93	8.31	0.00	0.00	1.43	0.00	2.86	0.50	
16	96	170.00	80.00	1.00	8.25	3.70	0.00	10.61	1.92	0.00	0.50	
17	97	160.00	77.50	0.94	7.50	3.69	0.00	5.56	1.25	0.00	2.50	
17	98	180.00	85.00	0.90	6.87	0.00	0.00	0.00	2.78	0.00	2.00	
17	99	162.50	80.00	0.79	7.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.50	3.50	
17	100	170.00	72.50	1.12	8.12	5.77	1.92	0.00	1.39	0.00	0.50	
17	101	169.42	73.01	0.99	7.76	0.00	0.00	5.56	0.00	2.22	2.50	
17	102	171.73	95.98	0.89	6.48	4.55	0.00	15.00	0.00	1.67	2.50	+
18	103	180.00	90.00	0.97	6.87	3.03	0.00	14.68	4.95	9.68	2.50	
18	104	170.00	77.50	0.96	7.50	2.17	0.00	6.79	0.00	2.86	2.50	
18	105	177.50	90.00	0.83	8.12	10.58	0.00	3.85	1.79	1.92	3.00	
18	106	182.50	87.50	0.92	6.69	5.41	0.00	0.00	0.00	2.08	3.00	
18	107	175.00	87.50	0.85	7.87	1.14	0.00	0.00	0.00	1.25	1.50	*
18	108	167.50	72.50	0.91	7.50	1.35	0.00	8.62	0.00	1.72	1.00	+
19	109	167.50	90.00	0.92	7.56	0.00	0.00	5.71	0.00	4.76	1.50	
19	110	175.00	75.00	0.96	7.50	9.23	0.00	5.88	2.94	3.19	3.00	
19	111	185.00	90.00	0.82	8.50	0.00	0.00	8.17	1.61	1.61	1.50	+
19	112	176.09	93.01	0.86	8.42	0.00	0.00	9.70	0.00	5.36	2.00	+
19	113	206.73	110.98	0.95	7.98	7.32	0.00	14.06	3.13	1.56	3.00	*
19	114	185.00	85.00	0.98	7.75	1.56	0.00	0.00	0.00	5.71	1.50	*+
20	115	170.00	90.00	0.89	9.25	0.00	0.00	8.69	0.00	0.00	2.00	+
20	116	162.50	77.50	0.85	8.62	1.22	0.00	6.40	1.85	0.00	1.50	+
20	117	185.00	87.50	0.82	7.44	0.00	0.00	10.80	2.99	2.99	2.00	*
20	118	175.00	90.00	0.94	8.00	7.38	1.56	11.79	0.00	1.79	2.00	
20	119	177.50	90.00	0.88	8.37	2.27	0.00	0.00	2.89	1.22	1.50	*+

M	H	AP	AM	PRO	RTO	AR	AT	MC	MZP	MZF	CALIF	OBS
20	120	187.50	102.50	0.77	7.87	0.00	0.00	0.00	3.57	0.00	1.50	+
21	121	185.00	107.50	0.91	8.62	0.00	0.00	5.88	2.94	0.00	2.00	*
21	122	185.00	97.50	0.91	7.87	2.54	0.00	6.91	1.43	0.00	1.00	
21	123	160.00	85.00	0.92	6.81	1.47	0.00	6.00	2.00	4.94	3.50	
21	124	175.00	92.50	0.94	7.50	4.65	0.00	3.95	0.00	0.00	4.00	
21	125	177.50	92.50	0.98	8.00	3.45	0.00	3.85	0.00	5.77	0.50	+
21	126	177.50	90.00	0.88	8.75	1.39	0.00	16.06	1.43	2.86	3.00	*
22	127	187.50	95.00	1.06	7.94	0.00	0.00	5.67	2.78	1.43	0.00	+
22	128	170.00	80.00	0.95	7.37	5.42	0.00	2.86	0.00	1.43	0.00	*+
22	129	167.50	80.00	0.96	7.00	6.52	0.00	10.84	1.47	1.32	3.50	
22	130	172.50	77.50	0.97	8.06	5.56	0.00	5.56	1.11	0.00	0.50	
22	131	160.00	72.50	0.99	6.81	12.19	0.00	4.13	0.00	2.84	1.00	*
22	132	175.00	90.00	0.85	7.12	0.00	0.00	15.40	1.43	0.00	5.50	
23	133	172.50	87.50	0.96	7.62	0.00	0.00	0.00	1.56	0.00	0.50	
23	134	180.00	95.00	0.99	7.87	5.41	0.00	0.00	1.35	2.74	0.50	*
23	135	177.50	92.50	0.75	7.81	2.67	0.00	8.93	1.79	1.79	1.00	
23	136	152.50	65.00	0.95	6.87	6.25	0.00	0.00	1.79	0.00	0.50	
23	137	167.50	67.50	0.97	7.06	0.00	0.00	3.23	1.61	3.23	1.00	+
23	138	165.00	85.00	0.93	8.25	4.05	0.00	2.78	1.47	2.78	0.00	+
24	139	165.00	75.00	1.00	7.50	0.00	0.00	3.70	1.52	5.56	0.50	+
24	140	180.00	87.50	0.88	8.00	2.70	0.00	14.29	3.57	0.00	2.50	*+
24	141	172.50	82.50	1.18	6.62	4.55	0.00	0.00	3.23	0.00	1.00	+
24	142	167.50	87.50	1.00	7.62	0.00	0.00	11.44	1.47	2.94	1.00	*
24	143	175.00	75.00	0.99	7.37	4.08	0.00	0.00	5.63	4.25	2.50	
24	144	165.00	77.50	0.95	7.00	1.39	0.00	3.45	7.73	2.86	3.00	*+
25	145	160.00	80.00	0.94	7.62	0.00	0.00	3.23	1.22	2.83	1.00	*
25	146	162.50	67.50	0.93	7.25	4.69	0.00	8.96	2.53	2.27	5.00	
25	147	167.50	82.50	0.95	8.00	1.39	0.00	6.88	1.52	1.52	0.50	+
25	148	187.50	95.00	0.99	6.31	8.85	0.00	2.63	1.25	0.00	2.00	
25	149	160.00	72.50	1.00	7.60	0.00	0.00	5.19	1.14	1.14	4.00	
25	150	170.00	87.50	0.85	7.56	0.00	0.00	0.00	3.85	0.00	1.50	
26	151	162.50	90.00	0.97	7.37	1.52	0.00	8.39	1.56	0.00	2.50	
26	152	172.50	92.50	0.94	7.00	4.55	0.00	7.58	3.03	3.33	2.50	*+
26	153	157.50	75.00	0.91	7.62	0.00	0.00	7.89	0.00	1.67	2.00	*
26	154	152.50	77.50	0.76	7.62	3.85	0.00	7.92	0.00	0.00	0.00	
26	155	150.00	67.50	1.00	7.12	5.56	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	
26	156	180.00	92.50	1.03	7.75	1.47	0.00	8.66	0.00	1.47	3.00	*+
27	157	170.00	87.50	1.02	8.87	0.00	0.00	6.16	0.00	0.00	2.00	*+
27	158	155.00	72.50	1.00	8.12	0.00	0.00	0.00	3.18	1.61	3.00	+
27	159	177.50	95.00	0.89	7.00	6.88	0.00	8.57	0.00	1.72	2.50	+
27	160	180.00	97.50	0.98	6.87	5.63	0.00	0.00	0.00	2.89	5.00	

M	H	AP	AM	PRO	RTO	AR	AT	MC	MZP	MZF	CALIF	OBS
27	161	170.00	90.00	1.00	7.69	2.78	0.00	1.35	1.35	4.17	4.50	*+
27	162	160.00	72.50	0.91	7.75	3.03	0.00	1.52	4.55	3.18	1.50	
28	163	160.00	75.00	1.23	6.87	0.00	0.00	3.13	1.47	3.03	0.50	
28	164	137.50	65.00	0.80	8.50	1.56	0.00	24.01	5.57	0.00	3.50	*
28	165	157.50	70.00	1.10	7.37	0.00	0.00	10.28	3.33	3.33	2.50	+
28	166	165.00	80.00	1.01	7.00	9.95	0.00	5.13	1.56	4.69	0.50	
28	167	167.50	87.50	1.07	6.50	0.00	0.00	9.55	1.67	4.55	2.50	
28	168	160.00	75.00	0.98	7.10	6.45	0.00	5.00	1.67	0.00	0.00	+
29	169	167.50	87.50	0.97	7.37	4.88	0.00	6.80	1.32	0.00	2.50	
29	170	177.50	87.50	0.98	7.25	0.00	0.00	0.00	2.78	2.94	1.50	*+
29	171	170.00	95.00	1.11	7.25	11.11	0.00	10.70	3.89	3.89	2.00	
29	172	162.50	82.50	0.85	7.87	0.00	0.00	8.54	0.00	0.00	0.50	*
29	173	152.50	75.00	0.89	6.75	1.35	0.00	6.35	3.23	4.79	3.50	
29	174	155.00	82.50	0.95	7.31	2.50	0.00	4.25	1.39	0.00	2.00	
30	175	165.00	85.00	1.10	7.62	4.67	0.00	5.13	1.28	1.79	2.50	
30	176	160.00	90.00	0.96	8.19	0.00	0.00	2.86	0.00	1.47	1.50	+
30	177	177.50	95.00	1.02	7.75	0.00	0.00	10.58	2.63	3.70	0.50	
30	178	182.50	97.50	0.93	8.25	3.57	0.00	3.23	1.61	1.61	1.00	*
30	179	165.00	85.00	0.87	8.00	0.00	0.00	3.03	2.08	2.08	0.50	
30	180	175.00	85.00	1.09	7.87	0.00	0.00	13.24	2.94	2.94	1.50	+
31	181	162.50	85.00	0.95	8.12	0.00	0.00	6.04	1.56	3.13	2.00	*
31	182	175.00	90.00	0.94	7.75	7.07	0.00	5.36	1.35	0.00	1.50	
31	183	185.00	85.00	1.09	7.87	0.00	0.00	1.52	1.32	4.35	0.00	+
31	184	182.50	97.50	1.02	8.00	0.00	0.00	3.57	0.00	3.17	0.50	*+
31	185	167.50	90.00	0.98	7.87	0.00	0.00	6.16	1.56	1.56	0.50	+
31	186	177.50	87.50	1.03	7.75	0.00	0.00	1.32	2.63	1.85	0.00	*
32	187	182.50	92.50	1.25	9.12	1.52	0.00	12.10	6.25	0.00	1.00	*
32	188	185.00	107.50	1.04	7.87	0.00	0.00	8.59	0.00	1.25	0.50	+
32	189	182.50	97.50	1.01	9.00	6.64	0.00	9.78	4.95	3.33	0.50	*
32	190	175.00	87.50	0.92	7.75	0.00	0.00	2.94	1.61	0.00	0.00	
32	191	182.50	100.00	1.02	7.87	0.00	0.00	0.00	7.14	3.40	1.50	+
32	192	182.50	87.50	1.02	8.12	0.00	0.00	5.41	1.39	0.00	3.00	
33	193	170.00	82.50	1.08	8.37	0.00	0.00	1.32	0.00	2.67	0.00	
33	194	192.50	97.50	1.01	7.75	2.78	0.00	2.78	1.43	0.00	1.50	*+
33	195	170.00	85.00	0.95	7.37	2.86	0.00	0.00	0.00	2.78	1.00	
33	196	182.50	102.50	1.02	8.37	4.84	0.00	2.86	2.99	1.56	2.00	*
33	197	162.50	67.50	0.86	6.75	1.61	0.00	8.74	3.45	3.45	0.50	
33	198	160.00	85.00	1.07	8.06	3.23	0.00	11.11	2.56	2.67	1.50	*+
34	199	177.50	85.00	0.98	8.25	0.00	0.00	1.32	1.32	0.00	1.50	*
34	200	152.50	72.50	0.96	8.00	0.00	0.00	2.50	0.00	0.00	0.50	
34	201	182.50	90.00	1.00	7.87	1.32	0.00	6.98	3.66	2.44	1.00	*

M	H	AP	AM	PRO	RTO	AR	AT	MC	MZP	MZF	CALIF	OBS
34	202	177.50	92.50	1.08	8.62	2.70	0.00	6.90	4.05	1.67	1.50	*
34	203	195.00	100.00	1.10	7.44	0.00	0.00	9.17	0.00	3.85	3.50	+
34	204	160.00	82.50	1.05	7.50	0.00	0.00	7.41	1.85	1.85	2.50	
35	205	177.50	100.00	0.90	8.12	0.00	0.00	6.84	3.70	3.70	2.00	+
35	206	167.50	85.00	0.89	6.69	1.43	0.00	13.75	5.77	9.21	3.00	
35	207	175.00	90.00	0.98	7.62	0.00	0.00	11.66	4.64	5.83	3.00	
35	208	172.50	77.50	1.15	7.00	1.72	0.00	7.63	2.54	5.08	4.00	
35	209	167.50	85.00	0.94	7.69	3.41	0.00	2.56	3.85	5.90	2.00	+
35	210	175.00	75.00	0.92	7.62	2.17	0.00	6.43	3.57	4.76	2.50	
36	211	180.00	102.50	1.02	9.37	1.22	0.00	4.88	0.00	0.00	0.50	+
36	212	162.50	80.00	1.07	7.12	2.56	0.00	4.50	1.39	6.23	4.50	
36	213	167.50	85.00	1.00	7.25	1.28	0.00	12.90	1.25	1.25	0.50	+
36	214	167.50	85.00	0.90	7.62	0.00	0.00	4.55	1.61	1.47	4.00	
36	215	172.50	70.00	0.97	7.00	0.00	0.00	6.76	8.76	6.91	2.50	
36	216	167.50	82.50	0.85	7.37	0.00	0.00	7.44	0.00	1.56	3.00	*
37	217	167.50	77.50	0.94	6.87	5.52	2.22	3.75	0.00	6.91	4.00	
37	218	180.00	100.00	0.96	7.87	1.47	0.00	7.47	7.47	0.00	1.50	
37	219	202.50	107.50	0.92	7.87	4.76	0.00	7.78	1.39	5.42	1.00	+
37	220	177.50	102.50	1.01	8.43	0.00	0.00	3.85	5.27	2.63	2.50	*
37	221	157.50	82.50	1.01	7.12	5.71	0.00	5.71	0.00	6.70	3.00	+
37	222	177.50	85.00	0.94	8.12	0.00	0.00	0.00	1.79	3.23	1.00	
38	223	185.00	92.50	1.04	8.25	0.00	0.00	10.24	0.00	1.67	0.50	+
38	224	172.50	95.00	0.95	7.75	0.00	0.00	0.00	1.79	1.79	1.00	
38	225	180.00	87.50	0.85	7.25	1.47	0.00	13.02	9.48	3.23	1.00	
38	226	167.50	87.50	0.87	7.75	0.00	0.00	5.00	3.33	5.00	2.00	+
38	227	172.50	85.00	0.89	8.31	4.84	0.00	12.09	0.00	3.41	0.50	*
38	228	202.50	105.00	0.97	6.37	2.83	0.00	3.95	0.00	3.95	1.50	+
39	229	202.50	95.00	0.97	8.00	0.00	0.00	6.83	6.83	3.70	0.00	*
39	230	190.00	85.00	0.86	7.50	0.00	0.00	11.75	3.45	3.45	3.00	+
39	231	162.50	87.50	0.92	7.25	0.00	0.00	8.23	4.11	2.50	2.00	
39	232	180.00	90.00	0.93	6.69	1.43	0.00	11.98	0.00	4.65	5.50	
39	233	170.00	77.50	0.81	7.62	1.39	0.00	3.57	1.56	5.36	2.50	+
39	234	162.50	70.00	0.78	6.81	1.61	0.00	0.00	0.00	2.00	2.00	*
40	235	152.50	62.50	0.89	7.12	0.00	0.00	5.41	1.56	0.00	1.00	*
40	236	165.00	70.00	0.91	7.12	2.44	0.00	1.35	2.70	1.35	0.00	*+
40	237	165.00	92.50	0.87	6.90	3.23	0.00	3.57	0.00	5.17	1.50	*
40	238	182.50	87.50	0.99	7.25	2.86	0.00	7.07	0.00	6.06	1.00	*
40	239	157.50	62.50	0.92	7.12	0.00	0.00	9.62	3.59	5.00	1.50	
40	240	182.50	85.00	0.87	7.06	3.97	0.00	8.71	1.56	4.69	1.00	
41	241	160.00	77.50	0.95	7.37	1.61	0.00	10.17	6.84	1.72	0.50	
41	242	160.00	72.50	0.84	7.25	2.94	0.00	8.93	3.57	0.00	2.50	+

M	H	AP	AM	PRO	RTO	AR	AT	MC	MZP	MZF	CALIF	OBS
41	243	175.00	82.50	0.90	7.12	0.00	0.00	1.56	1.61	6.30	1.00	
41	244	162.50	62.50	0.76	6.50	2.44	0.00	2.00	1.52	6.00	1.50	
41	245	175.00	92.50	0.95	8.75	3.85	0.00	16.82	0.00	4.55	2.00	*
41	246	167.50	82.50	1.00	7.62	0.00	0.00	10.71	1.67	4.52	1.00	*
42	247	202.50	92.50	0.91	7.62	3.57	0.00	11.11	2.78	6.25	0.50	*
42	248	167.50	87.50	1.04	7.37	0.00	0.00	7.41	7.02	1.85	1.50	*+
42	249	172.50	87.50	1.05	8.12	0.00	0.00	11.86	2.70	5.93	3.50	+
42	250	167.50	87.50	0.82	7.00	0.00	1.92	6.67	1.56	3.33	3.00	
42	251	170.00	85.00	1.04	7.50	0.00	0.00	3.57	0.00	5.00	1.50	*
42	252	175.00	100.00	0.90	8.44	0.00	0.00	4.84	4.35	8.13	2.50	*
43	253	180.00	102.50	0.93	8.00	1.72	0.00	1.72	3.45	4.84	1.50	*+
43	254	170.00	80.00	0.98	6.87	0.00	0.00	2.17	0.00	4.65	1.50	+
43	255	172.50	95.00	0.86	7.75	2.86	0.00	11.25	2.08	6.25	0.50	*+
43	256	175.00	85.00	0.89	7.75	1.32	0.00	4.12	3.10	3.06	2.00	
43	257	172.50	90.00	0.97	6.01	0.00	0.00	0.00	2.70	10.33	0.00	
43	258	162.50	72.50	1.03	7.87	0.00	0.00	1.52	4.59	1.52	2.00	*
44	259	180.00	97.50	0.98	8.25	0.00	0.00	0.00	3.03	5.22	1.00	*+
44	260	165.00	80.00	0.94	7.50	0.00	0.00	6.67	5.19	5.00	0.50	
44	261	172.50	80.00	0.91	7.94	0.00	0.00	6.75	0.00	5.56	2.00	*+
44	262	155.00	82.50	0.98	6.69	1.14	0.00	0.00	1.79	3.57	2.00	
44	263	170.00	95.00	0.91	7.56	0.00	0.00	3.57	5.56	2.78	4.00	*
44	264	175.00	100.00	1.10	6.94	0.00	0.00	3.70	5.06	6.91	3.00	
45	265	180.00	95.00	0.98	8.25	2.50	0.00	3.88	1.25	3.82	2.50	+
45	266	157.50	80.00	0.87	7.75	3.51	0.00	9.09	0.00	6.82	3.00	
45	267	170.00	82.50	0.95	8.50	1.52	0.00	9.15	0.00	2.83	3.00	
45	268	185.00	97.50	0.97	7.62	0.00	0.00	6.16	4.64	7.62	2.00	*+
45	269	175.00	85.00	1.01	8.12	0.00	0.00	4.17	1.39	2.86	1.00	
45	270	177.50	95.00	0.93	8.50	3.13	0.00	3.13	1.56	0.00	1.00	*
46	271	157.50	67.50	0.73	7.50	0.00	0.00	10.63	0.00	10.53	2.00	
46	272	162.50	77.50	0.91	7.62	1.72	0.00	2.00	3.33	7.00	3.00	+
46	273	165.00	80.00	0.93	7.75	3.66	1.47	4.33	1.43	8.57	1.50	*
46	274	155.00	80.00	0.91	6.75	0.00	0.00	2.56	2.56	6.25	0.50	
46	275	172.50	90.00	0.94	7.50	1.25	0.00	4.17	1.39	2.86	1.00	+
46	276	167.50	80.00	0.98	6.37	1.28	0.00	8.75	1.25	4.58	3.00	
47	277	185.00	105.00	1.00	7.94	9.38	0.00	7.73	0.00	13.03	3.00	+
47	278	187.50	100.00	0.88	7.87	2.86	0.00	6.51	1.67	8.28	1.50	*
47	279	167.50	82.50	0.93	7.00	0.00	0.00	0.00	2.86	4.88	1.50	*
47	280	162.50	75.00	0.84	9.37	2.22	0.00	3.23	0.00	3.23	4.00	*
47	281	167.50	95.00	0.90	7.75	0.00	0.00	0.00	0.00	8.57	2.50	*+
47	282	180.00	100.00	0.79	6.75	9.09	0.00	5.00	1.67	8.33	1.00	*
48	283	175.00	87.50	0.98	8.12	0.00	0.00	0.00	1.67	5.00	2.00	*

M	H	AP	AM	PRO	RTO	AR	AT	MC	MZP	MZF	CALIF	OBS
48	284	170.00	72.50	0.90	6.75	0.00	0.00	1.56	1.72	5.01	2.00	*
48	285	165.00	90.00	0.89	7.56	0.00	0.00	9.12	1.32	6.49	1.50	
48	286	185.00	90.00	1.00	7.62	0.00	0.00	3.33	4.79	3.23	1.00	*+
48	287	165.00	102.50	0.93	6.94	1.96	0.00	5.97	2.50	4.72	4.00	
48	288	175.00	90.00	0.93	8.62	1.47	0.00	6.67	0.00	5.00	0.50	*
49	289	190.00	95.00	1.00	8.06	2.94	2.70	5.64	2.94	10.17	0.50	+
49	290	180.00	87.50	1.00	8.37	5.60	0.00	12.84	1.32	3.95	3.00	
49	291	180.00	100.00	0.95	7.50	10.20	0.00	9.28	1.52	0.00	4.50	
49	292	172.50	85.00	0.92	7.12	1.35	0.00	4.69	4.69	6.25	1.50	
49	293	177.50	90.00	0.87	7.94	0.00	0.00	8.41	4.17	8.45	1.50	+
49	294	182.50	85.00	1.00	7.19	1.39	0.00	0.00	1.35	5.41	1.50	*
50	295	172.50	92.50	0.91	7.12	1.43	0.00	7.54	1.43	1.43	0.50	+
50	296	167.50	90.00	1.00	7.50	1.22	1.22	5.99	2.33	5.00	3.00	
50	297	175.00	92.50	0.84	7.50	2.63	0.00	6.00	1.56	6.00	4.00	
50	298	167.50	80.00	0.86	8.12	12.16	0.00	15.00	7.50	3.89	1.00	*
50	299	192.50	92.50	0.99	7.69	0.00	0.00	7.11	1.35	5.52	3.50	+
50	300	200.00	107.50	0.72	7.12	0.00	0.00	2.38	0.00	3.70	3.00	

M = machos; H = hembras; AP = altura de planta; AM = altura de mazorca; PRO = prolificidad; RTO = rendimiento; AR = acame de raíz (%); AT = acame de tallo (%); MC = mala cobertura (%); MZP = mazorcas podridas (%); MZF = *Fusarium* en mazorca (%); CALIF = Calificación en mazorca; OBS= observación *, +, en la repetición 1 y 2 respectivamente, en etapa de elote.

Tabla A2. Comportamiento agronómico de 50 machos cristalinos cruzados cada uno con 6 hembras dentadas, bajo en Diseño I de Carolina del Norte, en Úrsulo Galván Ver., Dic-jun-2006.

MACHO	AP	AM	PRO	RTO
1	164.58	80.00	0.99	7.50
2	168.75	81.67	0.97	8.05
3	177.08	88.75	1.03	8.28
4	176.67	85.83	0.99	7.90
5	163.33	83.75	0.98	7.87
6	171.25	87.50	0.99	7.56
7	164.58	87.50	0.97	7.55
8	170.00	85.00	0.91	7.31
9	164.17	83.33	0.95	8.30
10	171.25	83.33	0.96	7.69
11	166.25	82.92	0.98	8.14
12	179.58	90.83	0.97	7.75
13	172.50	85.00	0.90	7.83
14	167.08	78.33	0.91	7.44
15	165.42	79.17	0.94	7.59
16	162.92	82.08	0.97	7.89
17	168.94	80.66	0.94	7.29

18	175.42	84.17	0.91	7.43
19	182.55	90.66	0.91	7.95
20	176.25	89.58	0.86	8.26
21	176.67	94.17	0.92	7.93
22	172.08	82.50	0.96	7.38
23	169.17	82.08	0.92	7.58
24	170.83	80.83	1.00	7.35
25	167.92	80.83	0.94	7.39
26	162.50	82.50	0.93	7.42
27	168.75	85.83	0.97	7.72
28	157.92	75.42	1.03	7.22
29	164.17	85.00	0.96	7.30
30	170.83	89.58	0.99	7.95
31	175.00	89.17	1.00	7.89
32	181.67	95.42	1.04	8.29
33	172.92	86.67	1.00	7.78
34	174.17	87.08	1.03	7.95
35	172.50	85.42	0.96	7.46
36	169.58	84.17	0.97	7.62
37	177.08	92.50	0.96	7.72
38	180.00	92.08	0.93	7.61
39	177.92	84.17	0.88	7.31
40	167.50	76.67	0.91	7.10
41	166.67	78.33	0.90	7.44
42	175.83	90.00	0.96	7.68
43	172.08	87.50	0.94	7.38
44	169.58	89.17	0.97	7.48
45	174.17	89.17	0.95	8.12
46	163.33	79.17	0.90	7.25
47	175.00	92.92	0.89	7.78
48	172.50	88.75	0.94	7.60
49	180.42	90.42	0.95	7.70
50	179.17	92.50	0.88	7.51

M = machos; AP = altura de planta; AM = altura de mazorca; PRO = prolificidad; RTO = rendimiento