

IDENTIFICACION DE LINEAS ENDOGAMICAS DE
MAIZ POR SU POTENCIAL PARA MEJORAR TRES
CRUZAS SIMPLES ELITE

NARCISO VERGARA AVILA

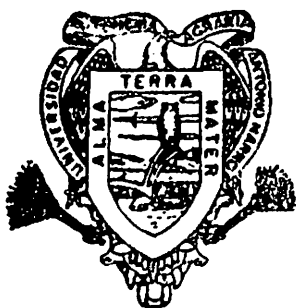
T E S I S

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:

DOCTOR EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO



BIBLIOTECA
EGIDIO G. REBONATO
BANCO DE TESIS
U.A.A.A.N.



**Universidad Autónoma Agraria
Antonio Narro**

PROGRAMA DE GRADUADOS

Buenavista. Saltillo, Coah.

NOVIEMBRE DE 1998

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA
ANTONIO NARRO

SUBDIRECCION DE POSTGRADO

IDENTIFICACION DE LINEAS ENDOGAMICAS DE MAIZ POR SU POTENCIAL
PARA MEJORAR TRES CRUZAS SIMPLES ELITE

TESIS

POR

NARCISO VERGARA AVILA

Elaborada bajo la supervisión del Comité Particular de Asesoría
y aprobada como requisito parcial para obtener el grado de:

DOCTOR EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO

COMITE PARTICULAR

Asesor principal: *S. Rodríguez Herrera*
Dr. Sergio A. Rodríguez Herrera

Asesor: *Hugo S. Córdova*
Dr. Hugo S. Córdova Orellana

Asesor: *Shivaji Pandey*
Dr. Shivaji Pandey

Asesor: *Ganesan Srinivasan*
Dr. Ganesan Srinivasan

Asesor: *Gaspar Martínez Zambrano*
Dr. Gaspar Martínez Zambrano

Asesor: *Alfonso López Benítez*
Dr. Alfonso López Benítez

Asesor: *Jesús Ortega Pérez*
Dr. Jesús Ortega Pérez

Guadalupe López Nieto
Dr. Guadalupe López Nieto
Encargado del Despacho de la
Subdirección de Postgrado

Buнавista, Saltillo, Coahuila. Noviembre de 1998

DEDICATORIA

A Jehova por darnos la vida

Especialmente a mi esposa, Nely

Con cariño para mi hijo, Lalito, Yaritza y Nelita

A mi madre, Antonia

A mi padre, Narciso (qepd)

A mis hermanos, Milka, Yolanda, Rigo, Arturo, Lili (qepd), Ester y Oralia

A mis suegros, Medardo y Tacha

A mi comadre Mireya

A mis cuñadas y cuñados

A mis amigos

AGRADECIMIENTOS

Al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), y a el Instituto Mexicano del Maíz (IMM), por el material genético proporcionado para la realización de mi trabajo de tesis.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), por la beca otorgada para mis estudios de doctorado.

Al Dr. Sergio Rodríguez H., Responsable de mi formación en la UAAAN, por su invaluable apoyo y ayuda brindada durante mi carrera profesional.

Al Dr. Hugo Córdova O, Coordinador del programa de maíz tropical de CIMMYT, que con sus consejos hicieron posible la continuación de mis estudios.

Al Dr. Surinder Kumar Vasal, Coordinador del programa de maíz tropical de CIMMYT con sede en Tailandia, por sus enseñanzas y por su apoyo decidido para continuar mis estudios de doctorado.

Al Dr. Scott McLean, Científico asociado al programa de Biotecnología de CIMMYT, por su amistad y apoyo en todo momento.

Al Dr. Shivaji Pandey, Director del programa de maíz de CIMMYT, por su ayuda desinteresada en la evaluación de el experimento de tesis.

Al Dr. Ganesan Srinivasan, Coordinador del programa de maíz subtropical de CIMMYT, por sus consejos para la continuación de mis estudios.

Al los Ingenieros Gilberto Avila, Antonio Ramírez y Gregorio Alvarado, por su colaboración en el registro y captura de datos.

A el Dr. Gaspar Martínez Z., Dr. Alfonso López B., Dr. Jesús Ortegón P. por su apoyo y sugerencias en la revisión de mi tesis.

Al M.C. Víctor M. Zamora Villa, por su amistad y por la ayuda brindada en la elaboración de un programa estadístico de la teoría de Dudley.

Al Dr. Manuel Oyervidez G., Por su apoyo económico brindado para continuar mis estudios y por su amistad desinteresada.

COMPENDIO

**IDENTIFICACION DE LINEAS ENDOGAMICAS DE MAIZ POR SU POTENCIAL
PARA MEJORAR TRES CRUZAS SIMPLES ELITE**

POR

Narciso Vergara Avila

**DOCTORADO
EN FITOMEJORAMIENTO**

**UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAH. MEXICO. NOVIEMBRE DE 1998**

Dr. Sergio A. Rodríguez Herrera --Asesor--

**Palabras Clave: Líneas donadoras, Alelos Favorables, Cruzas de Prueba,
Cruzadas Simples, Híbridos, Patrón Heterótico**

Veintitres líneas con un nivel de endogamia de S_6 a S_{10} derivadas de germoplasma de maíz blanco tropical, subtropical y de valles altos de el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), fueron cruzadas en

forma dialéctica parcial con seis líneas (progenitores de tres cruzas simples élite), con el propósito de identificar líneas potenciales donadoras de alelos favorables y determinar si estas líneas donadoras pueden ser utilizadas en un programa de mejoramiento diseñado a mejorar los padres una cruz simple elite.

Las 116 cruzas de prueba, tres cruzas simples élite y dos testigos locales, fueron evaluados en ensayos de rendimiento durante el ciclo de verano en 1997 B en; Celaya, Gto., Tlaltizapán, Mor., y Cotaxtla, Ver. Mientras que en otro ensayo adyacente, fueron evaluadas las 23 líneas, los seis progenitores y un testigo. Para las cruzas, se utilizó un diseño experimental látice simple 11x11 con dos repeticiones, mientras que para las líneas, se usó un diseño de bloques al azar con tres repeticiones. Cruzas y líneas, se sembraron en parcelas de un surco de 5 m de largo, espaciados a 75 cm, sembrando a una distancia de 25 cm entre plantas. Se realizó un análisis de varianza látice por localidad y un combinado. Se estimaron los seis parámetros propuestos por Dudley (1987a), usando medias de cruzas, para rendimiento de grano y otras características, cuando AN1 (P_1) x AN2 (P_2), 232-33-30 (P_1) x 255-18-19 (P_2) y 255-18-19 (P_1) x M.L.S4 (P_2), cuando fueron designadas como cruzas simples élite para mejorar, utilizando 23 líneas designadas como P_w .

Cuando AN1 (P_1) x AN2 (P_2), fue designada como la cruz simple para mejorar, y en base a los valores de μG , CML-258 (1.89 t/ha), y CML-311 (1.85

t/ha), fueron identificadas como donadores superiores de alelos favorables para mejorar el progenitor AN1, para rendimiento de grano, además de poseer alelos favorables para reducir los días a floración, baja altura de planta y mazorca, menor acame de raíz y tallo, menor pudrición y mejor cobertura de mazorca, así como también reducir el contenido de humedad en el grano. Sin embargo, CML-311 podría aumentar la altura de planta y mazorca de la craza simple, lo cual sería desfavorable si queremos formar híbridos de porte bajo.

Cuando 232-33-30 (P_1) x 255-18-19 (P_2), fue designada como la craza simple para mejorar y en base a μG , CML-264 (2.46 t/ha) y CML-312 (1.93 t/ha), fueron identificadas como donadores superiores de alelos favorables para mejorar el progenitor 255-18-19, para rendimiento de grano, comportamiento intermedio de floración, buena altura de planta y mazorca, menor acame de raíz y tallo, menor pudrición y mejor cobertura de mazorca y además puede reducir el contenido de humedad en el grano. Además, CML-312, puede mejorar ambos progenitores, pero podría aumentar la altura de planta, ser intermedia para pudrición y cobertura de mazorca, y contenido de humedad en el grano.

Cuando 255-18-19 (P_1) x M.L.S4 (P_2), fue designada como la craza simple élite para mejorar y en base a los valores de μG , CML-312 (1.91 t/ha) y CML-264 (1.82 t/ha), fueron identificadas como donadores superiores de alelos favorables para mejorar el progenitor 255-18-19, para rendimiento de grano, precocidad,

menor acame de raíz y tallo, menor pudrición de mazorca, mejor cobertura de mazorca, sin embargo, puede aumentar la altura de planta y mazorca, y el contenido de humedad en el grano. Sin embargo, CML-264 podría aumentar los días a floración, lo cual sería desfavorable si queremos híbridos precoces.

De acuerdo a los resultados observados, la mayoría de las líneas involucradas en este estudio mostraron ser donadoras potenciales de nuevos alelos favorables para rendimiento de grano y otras características agronómicas importantes. Por lo tanto, se sugiere que las líneas identificadas como donadoras de alelos favorables, sean utilizadas para mejorar los progenitores correspondientes en cada cruce simple élite designada. Para incorporar los alelos favorables, se recomienda utilizar un esquema de retrocruzas hacia las líneas donadoras correspondientes, sin embargo, en algunos casos es preferible realizar autofecundación directa en la F_2 de la cruce correspondiente, de este modo se aumenta la probabilidad de desarrollar nuevas líneas potenciales de alelos favorables las cuales mejoraran el comportamiento de la cruce simple original.

Sin embargo, es necesario señalar que el mejoramiento simultáneo para rendimiento y otras características agronómicas importantes, utilizando el resto de las líneas involucradas en cada caso, podría no ser adecuado, como el mejoramiento para cada carácter por si solo. Por lo tanto es necesario considerar las posibles ventajas y desventajas para cada caso en particular.

ABSTRACT

**IDENTIFYING MAIZE INBRED LINES FOR THEIR POTENTIAL TO IMPROVE
THREE ELITE SINGLE CROSSES**

BY

NARCISO VERGARA AVILA

**DOCTORAL
PLANT BREEDING**

**UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA. NOVEMBER 1998**

Ph. D. SERGIO RODRIGUEZ HERRERA --ADVISOR--

**KEY WORDS: Donor lines, Favorable alleles, Test crosses, Single crosses,
Hybrids, Heterotic pattern.**

Twenty three inbred lines with a S_6 to S_{10} level of inbreeding derived from CIMMYT's tropical, subtropical and highland white germplasm were crossed in a partial diallel with six inbred lines (parents of three elite single crosses). With the

purpose of identifying potential donor inbred lines of favorable alleles and to determine if these donor lines can be useful in a breeding program to design to improve parents of an elite single cross.

The 116 single test crosses, three elite single and two local checks were evaluated in yield trials during summer 1997 B in Celaya, Gto., Tlaltizapan, Mor., and Cotaxtla, Ver. While in other adjacent trial the 23 inbred lines, six parental lines and one check were evaluated. A 11x11 lattice design with two replications was used for test crosses while for lines a randomized block design with three replication was used. Crosses and lines, were sowing in plot size of one 5 m row spacing to 75 cm and an distance of 25 cm between plants. A analysis of variance lattice design for each location and across locations were used. The six parameters from Dudley (1987a), were estimated for grain yield and other traits, using cross means (the means of crosses over replications), when: AN1 (P_1) x AN2 (P_2), 232-33-30 (P_1) x 255-18-19 (P_2) and 255-18-19 (P_1) x M.L.S4 (P_2), were to design as elite single crosses to be improve using 23 lines which were designated as P_w respectively.

When AN1 (P_1) x AN2 (P_2) was designated as single cross to improve, the highest μG values were to CML-258 (1.89 t/ha) and CML-311 (1.85 t/ha), which were identifying as top donors of favorable alleles to improve AN1 parent, for grain yield, also to own favorable alleles to early flowering date, to reduce high plant and

ear position, less root and stalk lodging, less ear rot and good husk cover and reduce grain moisture. Nevertheless CML-311 should be increase the high plant and ear position of the single cross to improve, which one been unfavourable if we want to form short hybrids.

When 232-33-30 (P_1) x 255-18-19 (P_2) was designated as single cross to improve, the highest μG values were to CML-264 (2.46 t/ha) and CML-312 (1.93 t/ha), which were identifying as top donors of favorable alleles to improve 255-18-19 parent, for grain yield, intermediate flowering date, to reduce high plant and ear position, less root and stalk lodging, less ear rot and good husk cover, furthermore to reduce grain moisture. Also, CML312 should be to improve both parents, but should be increase the high plant and to be intermediate to ear rot and husk cover and grain moisture which should be unfavourable.

When 255-18-19 (P_1) x M.L.S4 (P_2) was designated as single cross to improve, the highest μG values were to CML-312 (1.91 t/ha) and CML-264 (1.82 t/ha), were identifying as top donors of favorable alleles to improve 255-18-19 parent, for grain yield, early flowering date, less root and stalk lodging, less ear rot and good husk cover nevertheless should be increase the high plant and ear position and grain moisture. Nevertheless CML-264 should be increase the flowering date which one been unfavourable if we want to form early hybrids.

In accordance with the information given above, most of the lines involved in this research showed to be potential donors of new favorable alleles for grain yield and other important agronomic traits. Therefore, it is suggested that lines identified as donor of favorable alleles has been to improve corresponding parents in each single cross target. To include favorable alleles recommended using backcrossing system towards to corresponding donors lines, nevertheless, some times is preferable to make selfing in the F_2 corresponding, in this form to be increase the probability to development new potential lines of favorable alleles which to improved the original single cross performance.

Nevertheless is necessary to point that simultaneous improvement in grain yield and other important agronomic traits, using the rest of lines involved in each case would not be successful as the improvement of each trait alone. Therefore are important, to consider the possible advantage and disadvantage for each particular case.

INDICE DE CONTENIDO

	Página
INDICE DE CUADROS	xiv
INTRODUCCION	1
Objetivos	3
Hipótesis	3
REVISION DE LITERATURA	4
Importancia de la producción de el maíz	4
Desarrollo de líneas y probadores	5
Desarrollo y mejoramiento genético de híbridos	9
Teoría y métodos para la identificación de líneas	11
MATERIALES Y METODOS	21
Material genético	21
Obtención de cruzas de prueba	23
Análisis estadísticos	26
Identificación de líneas con alelos favorables	29
Interpretación de parámetros	34
RESULTADOS Y DISCUSION	38
Análisis de varianza individuales	41

Análisis de varianza combinado	43
Identificación de líneas donadoras de alelos favorables en cada localidad	45
Identificación de líneas donadoras de alelos favorables a través de localidades	50
Mejoramiento de AN1 x AN2	50
Mejoramiento de 232-33-30 x 255-18-19	72
Mejoramiento de 255-18-19 x M.L.S4	94
CONCLUSIONES	116
RESUMEN	120
LITERATURA CITADA	121
APENDICE	130

INDICE DE CUADROS

CUADRO		Página
2.1	Estado genético de posibles clases de loci para tres líneas homocigotas.....	12
3.1	Descripción del material experimental.....	22
3.2	Descripción de localidades.....	25
3.3	Características de los ensayos.....	25
3.4	Características agronómicas.....	25
3.5	Formato del análisis de varianza látice.....	28
3.6	Formato del análisis de varianza látice combinado.....	28
4.1	Medias de rendimiento y características agronómicas de los genotipos en cada localidad.....	40
4.2	Análisis de varianza combinado para cruzas de prueba evaluadas en tres localidades.....	45
4.3	Rendimiento de grano y características agronómicas de líneas y cruzas simples para mejorar AN1 x AN2.....	51
4.4	Medias de rendimiento de líneas a través de cruzas y la craza simple élite a mejorar.....	52
4.5	Estimación del número relativo de loci para 12 líneas (P_w) cuando AN1(P_1) x AN2(P_2) es el híbrido a mejorar.....	53
4.6	Clasificación de 12 líneas potenciales donadoras para mejorar AN1 x AN2.....	57
4.7	Correlaciones entre 10 estimadores de el potencial de una línea donadora para mejorar AN1 x AN2.....	59

4.8	Estimación del número relativo de loci para 12 líneas (P_w) cuando AN1(P_1) x AN2(P_2) es el híbrido a mejorar.——	69
4.9	Rendimiento de grano y características agronómicas de líneas y cruzas simples para mejorar 232 x 255.——	73
4.10	Medias de rendimiento de líneas a través de cruzas y la craza simple élite a mejorar.——	75
4.11	Estimación del número relativo de loci para 20 líneas (P_w) cuando 232(P_1) x 255(P_2) es el híbrido a mejorar.——	76
4.12	Clasificación de 20 líneas potenciales donadoras para mejorar 2321 x 255.——	80
4.13	Correlaciones entre 10 estimadores de el potencial de una línea donadora para mejorar 232 x 255.——	81
4.14	Estimación del número relativo de loci para 20 líneas (P_w) cuando 232(P_1) x 255(P_2) es el híbrido a mejorar.——	89
4.15	Rendimiento de grano y características agronómicas de líneas y cruzas simples para mejorar 255 x M.L.S4.—	96
4.16	Medias de rendimiento de líneas a través de cruzas y la craza simple élite a mejorar.——	98
4.17	Estimación del número relativo de loci para 15 líneas (P_w) cuando 255(P_1) x M.L.S4(P_2) es el híbrido a mejorar.——	99
4.18	Clasificación de 15 líneas potenciales donadoras para mejorar 255 x M.L.S4.——	101
4.19	Correlaciones entre 10 estimadores de el potencial de una línea donadora para mejorar 255 x M.L.S4.——	102
4.20	Estimación del número relativo de loci para 15 líneas (P_w) cuando 255(P_1) x M.L.S4(P_2) es el híbrido a mejorar.——	111

INTRODUCCIÓN

El desarrollo y mejoramiento de líneas endogámicas de maíz es un proceso dinámico y sistemático en el cual se involucran diferentes y nuevas metodologías de selección por medio de las cuales se descartan muchas líneas en las primeras etapas de selección en base a su apariencia fenotípica y más tarde en base a su aptitud combinatoria como resultado de las pruebas tempranas.

Generalmente los mejoradores encuentran dificultades en la extracción de buenas líneas, hecho que puede ser atribuido a las fuentes de germoplasma y a la continua presión de endogamia a la que se somete dicho germoplasma. Hallauer y Miranda (1981) estimaron que el 0.01 a 0.10 por ciento de las líneas desarrolladas se utilizan en la producción comercial de híbridos.

En años recientes los programas de mejoramiento de países desarrollados y en vías de desarrollo han dado mayor énfasis en favor de híbridos de dos progenitores debido a su gran demanda por su uniformidad y alto rendimiento. Sin embargo, la selección de el germoplasma parental es una de las decisiones más importantes que los mejoradores hacen al inicio de un programa de mejoramiento, siendo esto una etapa clave para el mejoramiento sucesivo, así

como también para futuros esfuerzos en el desarrollo de líneas para utilizarlas como progenitores en un programa de hibridación.

Otro de los factores que dificultan aun más el desarrollo de híbridos son las diferentes fases de evaluación a que deben ser sometidas algunas líneas. En general, cualquier programa de híbridos utiliza por lo menos dos etapas de evaluación: primero consiste en evaluar las líneas con respecto a su aptitud combinatoria para identificar las más sobresalientes y después estas son evaluadas nuevamente pero ahora en combinaciones específicas con el propósito de identificar nuevos genotipos con probabilidades de explotación comercial.

La identificación de pares de líneas con comportamiento superior en rendimiento en combinaciones híbridas generalmente es una situación común en un programa de desarrollo de híbridos, donde también se deberá tener una serie de líneas disponibles las cuales se puedan cruzar con uno de los padres de una cruce simple élite con el propósito de aislar nuevas líneas, las cuales puedan mejorar el comportamiento del híbrido original. El uso de un probador o probadores apropiados de un grupo heterótico opuesto, también es una situación importante ya que ayudaría a clasificar correctamente el comportamiento relativo de las líneas y maximizar la información obtenida de las líneas evaluadas, además ayudaría a identificar líneas con buena aptitud combinatoria del grupo heterótico opuesto.

El presente trabajo se planteó para la identificación de líneas de el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), con alta frecuencia de alelos favorables para mejorar los progenitores de cruzas simples élite de el Instituto Mexicano del Maíz (IMM), así como también para identificar híbridos con buen potencial de rendimiento. Para tal fin se eligieron tres cruzas simples élite de maíz de el IMM, y 23 líneas élite endogámicas blancas provenientes de el CIMMYT.

Los objetivos específicos de esta investigación fueron:

- a) Identificar líneas potenciales donadoras de alelos favorables de el CIMMYT para mejorar los progenitores de tres cruzas simples élite del IMM.
- b) Determinar si las líneas de el CIMMYT pueden ser utilizadas en un programa de mejoramiento diseñado a mejorar los padres de híbridos simples élite.

Hipótesis

Existe una frecuencia apropiada de alelos favorables en las líneas élite de CIMMYT no presentes en los progenitores de híbridos simples del IMM, lo cual permitirá enriquecer el rendimiento de dicha craza y mejorar el comportamiento de los progenitores.

REVISIÓN DE LITERATURA

Importancia de la producción de el maíz

El maíz es uno de los tres cereales más importantes en el mundo, el cual es utilizado como alimento de animales, consumo humano, uso industrial, y como semilla. Los países desarrollados utilizan el maíz principalmente para la alimentación de animales, por lo que su producción se ha incrementado más rápidamente en dichos países (Hallauer, 1987). En América Latina y en el Sur de África, el maíz es uno de los cereales más importantes como fuente principal de la alimentación humana y ocupa el segundo lugar a nivel mundial como fuente alimenticia.

De acuerdo con las mejores estimaciones disponibles, en 1990-92 se sembraron casi 130 millones de hectáreas de maíz en todo el mundo. De esta superficie total, alrededor del 65 por ciento correspondió a los países en desarrollo: 27 por ciento en Asia, un poco más del 25 por ciento en América Latina y aproximadamente 13 por ciento en África. Mientras que en México se sembraron más de 7 millones de hectáreas: 2.8 en el trópico, 1.4 en el subtrópico y 2.8 en los valles altos (CIMMYT, 1994).

De las 7 millones de hectáreas sembradas con maíz en México, poco más de un millón de hectáreas se cultivan bajo riego, alrededor de 3 millones bajo temporal favorable y más o menos la misma cantidad bajo temporal desfavorable, por lo anterior el rendimiento varía de acuerdo a las condiciones de siembra.

Bajo temporal (favorable y/o desfavorable) el rendimiento medio estimado es de 1.2 toneladas por hectárea, mientras que en condiciones de riego es de 3.6 toneladas por hectárea (Cota *et al.*, 1991). De acuerdo a la Secretaría de Agricultura y Recursos Hidráulicos (SARH, 1998), los principales estados productores de maíz (con semilla certificada) en el ciclo Otoño - Invierno (1997/98) y Primavera - Verano (1997) fueron: Sinaloa, Sonora, Jalisco, Edo. de México y Guanajuato. Por los antecedentes expuestos es evidente la necesidad de mejorar la productividad de el maíz.

Desarrollo de líneas y probadores

Desde que Davis (1927) y Jenkins y Brunson (1932) sugirieron el uso de la prueba de mestizos, y a la introducción de los conceptos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) por Sprague y Tatum (1942), se dieron avances importantes en el proceso de selección y desarrollo de nuevas líneas élite.

Con el uso extensivo de líneas, la evaluación de ellas se fue haciendo más problemática por lo que se sugirió el uso de un probador común para medir la habilidad combinatoria de un gran número de líneas. Una vez que se puso de manifiesto la efectividad de los probadores para seleccionar líneas, ya fuera por su aptitud combinatoria general o específica, surgieron nuevas consideraciones teóricas y empíricas para determinar el valor relativo del probador.

Hull (1945) estableció que teóricamente el probador más eficiente podría ser homocigote recesivo en todos los loci y que la homocigosidad para alelos dominantes en cualquier locus debería evitarse. Sin embargo, esto no se llevó a la práctica por muchos años, debido a lo impráctico y difícil de tener líneas de este tipo.

Matzinger (1953) mostró que un probador heterogéneo contribuía menos a la interacción línea x probador, comparado con los probadores de reducida base genética. Definió a un probador deseable como uno que combine simplicidad en el uso y con el cual se obtenga la máxima información del material evaluado.

Rowlings y Thompson (1962) en sus estudios sobre el efecto de las frecuencias génicas de un probador para ACG en maíz, concluyeron que un buen probador debería ser uno que clasifique correctamente el comportamiento relativo de las líneas y que discrimine eficientemente las líneas bajo prueba.

Por su parte Allison y Curnow (1966) definieron a el mejor probador como uno que maximize la media de rendimiento esperada de la población producida por el apareamiento al azar de los genotipos seleccionados.

Hallauer (1975) señaló que en general un probador deseable podría involucrar simplicidad en uso, proveer información para clasificar correctamente los méritos relativos de las líneas y que maximize la ganancia genética. López (1986) concluyó que el mejor probador debería ser una línea no emparentada con las líneas bajo selección. Por tanto, una línea élite que sea ampliamente utilizada en híbridos sería adecuada, además esta línea identificaría aquellas líneas con buena aptitud combinatoria del grupo heterótico opuesto.

La selección del probador apropiado o probadores apropiados es una etapa importante debido a que queremos maximizar la información obtenida de las líneas evaluadas. El germoplasma a ser utilizado como probador pudiese involucrar como fuente de germoplasma un amplio rango de materiales. Cuando las actividades de mejoramiento son bastante variadas, como en el caso de el CIMMYT. Por lo tanto el programa de maíz tropical definió a un probador como un genotipo (variedad de polinización libre, sintético, línea o híbrido) que facilite discriminación entre progenies para méritos genéticos y aptitud combinatoria, que además reduzca las fases de evaluación durante el desarrollo de híbridos, y ayude a identificar híbridos sobresalientes (Vasal *et al.*, 1995).

El programa de maíz tropical de CIMMYT, ha realizado esfuerzos en desarrollar e identificar probadores. Durante 1986 fueron identificadas a través de cruza dialélicas 11 líneas blancas y ocho amarillas como probadores, sin embargo, debido a su bajo nivel de endogamia no tuvieron un uso amplio. Estudios recientes, han permitido identificar nuevas líneas probadoras con un nivel de endogamia más avanzado. En 1993 se identificaron 20 líneas blancas y 15 amarillas como probadores las cuales se están estudiando intensivamente para eficientizar su uso. Todo este esfuerzo dio como resultado la identificación de dos líneas blancas (CML-247 y CML254) y dos líneas amarillas (CML287 y CL-00331) como buenos probadores (Vasal *et al.*, 1996).

Por su parte el subprograma de maíces subtropicales de CIMMYT, ha tenido mucho éxito en la continua substitución de probadores y la expresión máxima de rendimiento entre ellos en 1993, los probadores existentes fueron CML78 y CML97 que pertenecen a grupos heteróticos A y B, respectivamente. En 1995 estos probadores fueron substituidos por CML320 y CML321, y en 1997, CML311 y CML384, reemplazaron a los anteriores, en cada caso el rendimiento de la crusa se incremento en 1 ton/ha (Córdova y Mickelson, 1995; Córdova y Castellanos, 1996, 1997).

En general el desarrollo de líneas es un proceso de selección secuencial debido a que algunas líneas son descartadas en las primeras etapas de

endogamia por su pobre comportamiento o por resultados basados en pruebas tempranas, y otras son eliminadas posteriormente por pruebas de aptitud combinatoria. Existen diversas opiniones sobre el tipo de probador ideal a utilizar en la prueba de progenie, pero toda la evidencia muestra que el probador más eficiente es el que tiene baja frecuencia de alelos favorables.

Desarrollo y mejoramiento genético de híbridos

La formación de cruzamientos simples realizados por Shull (1909) y East (1908) dieron origen a la utilización y producción de los primeros híbridos en Estados Unidos, posteriormente vino el uso de híbridos de cruce doble sugerido por Jones (1918) como una medida para enfrentar la baja producción de semilla de las líneas y el alto costo de producción de híbridos simples. La prueba de mestizos propuesta por (Davis, 1927) así como la predicción de cruzamientos dobles por Jenkins (1935) y Sprague (1946), además de otros estudios hasta el éxito de la explotación comercial de híbridos simples completaron la secuencia del mejoramiento genético del maíz por hibridación, seguida por la experiencia de la mayoría de los fitomejoradores (Hallauer y Miranda, 1981).

Smith y Smith (1987) establecieron que la selección de progenitores en programas de desarrollo de líneas está basado en el comportamiento promedio en combinaciones híbridas de dichos progenitores, la complementariedad de los

progenitores, el patrón heterótico de los progenitores, y a la intuición de los mejoradores. La complementariedad de progenitores es relativamente fácil para algunas características, pero es difícil para caracteres como rendimiento de grano. El agrupamiento heterótico, es también difícil cuando se trabaja con germoplasma el cual no pertenece a un patrón determinado.

Por otro lado Misevic (1989b) indicó que para aumentar el comportamiento de una crusa simple élite, uno o ambos progenitores deben ser mejorados. El mejoramiento puede ser reemplazando cualquiera de los progenitores de la crusa simple con líneas que tengan más loci con alelos favorables o bien introducir nuevos alelos favorables a los progenitores. El reemplazamiento de progenitores se basa en el conocimiento del germoplasma y ha sido ampliamente utilizado y aplicado en programas de mejoramiento de maíz, este procedimiento proporcionó un aumento de rendimiento de grano de híbridos en los últimos 40 años (Duvick, 1984). Mientras que la introducción de alelos se basa en datos cuantitativos y puede dar los mismos resultados con menos recursos y/o en menos tiempo debido a que la nueva fuente de alelos favorables puede ser identificada más adecuadamente.

Para contribuir a la identificación adecuada de fuentes de alelos favorables, Dudley (1982) desarrolló una teoría genética para transferir alelos favorables de el germoplasma donador a germoplasma adaptado. Además,

describió un procedimiento estadístico para estimar el número relativo de loci para los cuales la línea donadora es diferente de cada padre de la cruce simple a mejorar (Dudley, 1984a,b,c). Posteriormente, Dudley (1987a) modificó su teoría para eliminar ciertas limitaciones en la estimación de padres donadores con alelos dominantes favorables no presentes en el híbrido a mejorar.

Teoría y Métodos para la identificación de líneas

Existe una gran cantidad de literatura sobre la teoría de selección y estimación de ganancias de selección (Kempthorne, 1957; Emping *et al.*, 1972; Hallauer y Miranda, 1981). Sin embargo, muchas líneas se han identificado por métodos de selección convencionales (Bauman, 1981; Hallauer, 1990; Vasal *et al.*, 1995; Córdova y Mickelson 1995) o por el uso de diferentes estimadores estadísticos que faciliten la identificación de líneas superiores (Zanoni y Dudley, 1989a; Misevic, 1989a,b; Bernardo, 1990a,b; Metz, 1994; Hohls *et al.*, 1995).

Sin embargo, existiendo la disponibilidad de líneas élite endogámicas hoy en día y a la diversidad genética en los trópicos y subtrópicos, el tiempo y recursos utilizados en el mejoramiento de las líneas existentes puede ser reducido a través de el uso de la genética molecular (Betrán *et al.*, 1997b). Actualmente, los marcadores moleculares se han usado para seleccionar líneas potenciales

aumentando la probabilidad de mejorar híbridos (Bernardo, 1992, 1994; Dudley *et al.*, 1992; Stuber *et al.*, 1992; Zehr *et al.*, 1992; Sorrels y Wilson, 1997).

Dudley (1984a,b,c) desarrolló un método para identificar líneas para utilizarlas en el mejoramiento de padres de un híbrido de cruce simple. El método consiste en identificar líneas que contengan alelos favorables dominantes gobernados por caracteres cuantitativos, los cuales no estén presentes en la cruce simple. Si la cruce simple es designada $P_1 \times P_2$ y las líneas a ser probadas como P_w , la siguiente ecuación $\mu G = [(P_1 \times P_w) + (P_2 \times P_w) - P_1 - P_2 - P_w - (P_1 \times P_2)] / 4$ será un estimador del número relativo de loci en P_w la cual contiene alelos favorables no presentes en P_1 o P_2 . Esta teoría se basa en que considerando un locus con dos alelos para tres líneas cualquiera, existen ocho combinaciones de loci. Donde (+) representa alelos favorables y (-) desfavorables (Cuadro 2.1).

Cuadro 2.1. Estado genético de posibles clases de loci para tres líneas homocigotas.

Clase de loci	Línea P_1	Línea P_2	Línea P_w
A	+	+	+
B	+	+	-
C	+	-	+
D	+	-	-
E	-	+	+
F	-	+	-
G	-	-	+
H	-	-	-

De acuerdo a lo anterior se deduce que la línea donadora P_w puede ser utilizada en base a loci de la clase G, debido a que para esta clase contiene alelos favorables los cuales no están presentes en P_1 y P_2 . Además, si A, B, C, D, E, F, G y H son el número de loci en sus respectivas clase, los valores genotípicos de los tres posibles genotipos (++, +-, -) en un simple locus son μ , $a\mu$ y $-\mu$ respectivamente. La teoría asume que μ es constante en todos los loci, que hay dominancia completa ($a = 1$), no epistasis y que $\mu A = \mu H$.

Resultados para validar esta teoría fueron reportados usando medias de rendimiento de un dialélico entre seis líneas para mejorar el comportamiento de Mo17 x B73 y C103 x B37 (Dudley, 1984a,b,c). En el primer caso, las líneas B37, N28, C103 y Oh43 fueron designadas como líneas P_w . Los resultados mostraron que ninguna de las líneas puede ser seleccionada si se asume dominancia completa, y si se asume dominancia parcial, B37 y N28 pudieran ser escogidas como donadoras de alelos favorables. Mientras que en el segundo caso las líneas P_w fueron B73, N28, Mo17, y Oh43. Aquí N28 y B73 podrían ser seleccionadas para mejorar a B37, y Oh43 podría ser usada para mejorar ambos padres. Concluyendo que el método es útil en programas de mejoramiento aplicado.

Sin embargo en un programa de mejoramiento surgen preguntas acerca de ¿cuál híbrido puede ser mejorado, una vez identificado el híbrido ($P_1 \times P_2$), es necesario saber cuáles líneas pueden ser seleccionadas como posibles donadoras

de alelos, contra quien cruzar las líneas donadoras, hacia P_1 o P_2 , y en qué generación se puede realizar la autofecundación, en la F_2 o en la retrocruza.

Dudley (1984a,b,c, y 1988a) resolvió estas dudas, señalando que el híbrido a ser mejorado pudiera ser el mejor híbrido disponible por el mejorador en una región dada, mientras que para escoger el mejor donador existe un modelo para identificar líneas donadoras y basarse en la magnitud de μ_G , para líneas. Respecto a que línea mejorar P_1 o P_2 depende del objetivo, ya que en un programa de mejoramiento es importante considerar el patrón heterótico, de modo que se deberá mantener tanto como sea posible la diversidad entre los padres del híbrido a mejorar, y entonces el donador (línea o población) puede ser cruzado con el padre que este más relacionado. Sugirió que si $\mu_C + \mu_F > \mu_D + \mu_E$, P_w puede ser cruzada con P_1 y si $\mu_C + \mu_E < \mu_D + \mu_E$, entonces P_w puede ser cruzada con P_2 . Mientras que para determinar cuando autofecundar, Dudley argumentó que cuando $\mu_D = \mu_G$ no se requiere retrocruzar pero si $\mu_D > \mu_G$ entonces una generación de retrocruza puede ser útil. Indicó que si hay dominancia completa, loci de la clase μ_G son los únicos en los cuales las líneas P_w tendrán alto número de loci con alelos favorables.

Para resolver algunas restricciones sobre supuestos de dominancia completa y ausencia de epistasis, Dudley (1987a) realizó algunas modificaciones a los métodos para identificar líneas para ser utilizadas en mejoramiento de padres

de una cruce simple élite. Presentó un nuevo juego de ecuaciones para estimar el valor relativo del número de loci de la clase G (μG^*) libre del supuesto de que $\mu A = \mu H$ y que $z = -\mu$ y de que existe dominancia ($a \neq 1$).

Dudley, comparó el método original con el modificado, indicando que el método modificado eliminó estimaciones negativas de μG (obtenidas con el método original), pero proporcionó mismos resultados que el método original al identificar los mismos donadores. Además, los resultados con el método modificado fueron más consistentes, y coincidieron con la experiencia de los mejoradores comparado con el método original.

Desde que Dudley (1982, 1984a,b,c, y 1987a) propuso una estructura teórica para desarrollar métodos para la incorporación de alelos favorables gobernados por caracteres cuantitativos de germoplasma exótico a poblaciones adaptadas, numerosos estudios fueron realizados para la identificación de progenitores (líneas o poblaciones) como donadores de alelos favorables dominantes para el mejoramiento de progenitores de una cruce simple élite.

Sin embargo, debido a las diferencias para obtener una mejor clasificación de los padres donadores de alelos favorables, varios estimadores estadísticos fueron propuestos y comparados contra el estadístico original μG de Dudley (1984a) y el estadístico modificado μG^* (Dudley, 1987a).

Zanoni y Dudley (1989a) compararon el estadístico μG^* contra μG , estimador mínimo ligado (UBND), comportamiento *per se*, aptitud combinatoria general (ACG), y el comportamiento predicho de la craza simple (PTC), para determinar la identificación correcta de líneas con alelos favorables. Concluyeron que el μG^* fue altamente correlacionado con PTC y UBND para la mayoría de los caracteres y con ACG para caracteres donde los efectos aditivos fueron más importantes, mientras que las correlaciones de μG^* con μG y *per-se* fueron bajas. Señalaron que μG^* fue altamente correlacionado con ACG para precocidad y altura de planta, pero fue baja para rendimiento de grano.

Por otro lado Misevic (1989a,b) realizó un estudio para identificar líneas con nuevos alelos favorables no presentes en una craza simple élite, para mejorar híbridos élite de diferente grupo heterótico. Comparó tres estadísticos (μG^* , UBND y PTC), en su estudio encontró alta correlación entre μG^* y PTC indicando que PTC también podría dar información real en la identificación de líneas donadoras.

Bernardo (1990a) presentó un estadístico de mejoramiento neto (NI), con el supuesto de que alelos favorables pueden existir en la craza simple élite y que pueden ser perdidos durante la selección. El estadístico NI fue comparado contra μG^* , UBND y PTC. Concluyó que NI fue 10 por ciento mejor estimador que UBND. Además, encontró que NI tuvo alta correlación con μG^* , PTC. Sus resultados

mostraron que NI clasificó a líneas idénticas con las obtenidas con μG^* , UBND y PTC, indicando así su posible utilidad en programas de mejoramiento.

Bernardo (1990b) evaluó el criterio para escoger padres para desarrollar nuevas líneas con comportamiento superior en cruzamientos. Además proporcionó teoría basado en el modelo de Dudley (1984a) y realizó modificaciones en las ecuaciones de predicción indicando que un probador (T) puede pertenecer a un grupo heterótico, mientras que I_k y I_k a otro grupo opuesto. Comparó el estadístico $\mu(E+F+G)$ contra PTC, UBND, *per-se*, ACG, comportamiento del híbrido y heterosis media. Encontró que PTC, UBND y $\mu(E+F+G)$ clasificaron pares de líneas idénticas.

Metz (1994) desarrolló una teoría para dominancia completa y parcial, y propuso un estadístico PNGg (probabilidad de ganancia neta de alelos favorables), el cual puede ser utilizado para estimar la probabilidad genética de sucesos de cualquier donador para mejorar un híbrido específico. El estadístico PNGg fue comparado contra NI de Bernardo para su habilidad de seleccionar donadores, concluyó que el PNGg es fácil de obtener y no requiere de métodos sofisticados.

Hohls *et al.* (1995) modificó la teoría de Dudley (1984a) y propuso un estimador $\mu a(B+G)$ insesgado para identificar líneas útiles para mejorar una cruce simple, basado en un modelo de habilidad combinatoria. Comparó $\mu a(B+G)$ contra

cinco diferentes estimadores: μG^* , mejoramiento neto (NI), comportamiento de cruza triples (TWC), cruza de prueba de la cruza simple TC(SC) y estimador superior mínimo ligado (UBND), realizó un análisis de componentes principales entre estos estimadores y señaló que $\mu a(B+G)$ proporcionó una diferente perspectiva del potencial de una línea donadora y que es fácil de obtener y esta libre del supuesto de dominancia completa.

De la misma forma que para identificar líneas, Dudley (1984d, 1987b, 1988a,b) describió una metodología para identificar poblaciones con alelos favorables para mejorar progenitores de una cruza simple élite. La identificación de poblaciones como fuente de alelos favorables para el mejoramiento de los padres de una cruza simple élite también fueron realizados y reportados por diferentes investigadores (Gerloff y Smith, 1988a,b; Bernardo, 1990c; Hogan y Dudley, 1991; Pfarr y Lamkey, 1992a,b; Dudley *et al.*, 1996).

Sin embargo en algunas ocasiones la producción de semilla F_1 es difícil de obtener, por lo tanto el modelo teórico propuesto por Dudley (1984a,b,c) fue extendido a generaciones F_2 para identificar líneas y poblaciones con alelos favorables no presentes en un híbrido élite (Zanoni y Dudley, 1989b,c). Por su parte Misevic (1990) evaluó 24 híbridos comerciales como nuevas fuentes de alelos favorables para mejorar cruza simples de diferentes grupos heteróticos. Misevic, encontró diferencias significativas para nuevos alelos favorables entre los

híbridos donadores. Señaló, que cuando los híbridos donadores fueron genéticamente diferentes a los padres de la crusa simple a mejorar, se encontró alta estimación de alelos favorables. Mientras que cuando los híbridos donadores fueron similares a uno de los padres de la crusa simple a mejorar, las estimaciones de alelos favorables fueron bajas. De lo anterior se concluye la importancia que tiene conocer el patrón heterótico de los materiales con los cuales trabajamos. Por lo tanto, si los donadores utilizados son idénticos a uno de los padres del híbrido a mejorar, estos donadores no serán buena fuente de alelos favorables comparados con donadores que son diferentes de los padres del híbrido a mejorar.

Revisiones sobre los diferentes sistemas de selección para identificar padres donadores de alelos favorables y proporcionar evidencias orientadas acerca de la generación adecuada en la cual iniciar la autofecundación y selección también fueron realizados (Lamkey *et al.*, 1993; Johnson *et al.*, 1994; Lamkey *et al.*, 1995; Sorrels y Wilson, 1997), los cuales encontraron variación entre las diferentes medias generacionales, sugiriendo una pequeña desventaja de recombinar al azar la F_2 antes de iniciar la selección y autofecundación.

Generalmente la mayoría de las investigaciones realizadas a raíz del modelo de Dudley fueron hechas considerando el mejoramiento de solo una crusa simple élite y muy poca información sobre el mejoramiento de más de dos híbridos. Stojisin y Kannenberg (1995) evaluaron poblaciones como fuente de alelos

favorables para mejorar dos híbridos de cruce simple. Compararon poblaciones las cuales fueron desarrolladas bajo diferentes procedimientos de selección recurrente para determinar cual población pudiera ser mejor fuente de alelos favorables. Concluyeron que la autofecundación es generalmente la preferida para desarrollar líneas y que hacer retrocruzas antes de autofecundar pudiera ser hecho solo si la población es inadaptada.

De acuerdo a la teoría propuesta por Dudley (1987a), si se forma cruzamientos de una serie de líneas P_w con P_1 y P_2 se puede identificar aquellas que reúnan alelos favorables de la clase G para usarlas como donadoras. En la práctica una serie de líneas P_w podrían ser cruzadas a P_1 y P_2 (padres de una cruce simple élite) en el ciclo de invierno por ejemplo, y en el siguiente ciclo se establece un ensayo de rendimiento de híbridos incluyendo todas las cruces $P_w \times P_1$ y $P_w \times P_2$ junto con la cruce simple élite original $P_1 \times P_2$. Mientras que en otro ensayo adyacente, las líneas P_w junto con P_1 y P_2 pueden también ser evaluadas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético

Se eligieron tres cruzas simples élite (progenitores de híbridos comerciales) de el IMM y sus seis líneas para ser mejoradas, utilizando 23 líneas élite públicas liberadas por CIMMYT de grano blanco con un nivel de endogamia de S_6 (98.43) a S_{10} (99.90), derivadas de germoplasma tropical, subtropical y valles altos como donadoras de genes favorables (Cuadro 3.1). El criterio para elegir las líneas donadoras, fue considerando la información sobre la capacidad de combinación y patrones heteróticos del germoplasma base (Vasal *et al.*, 1986). Además, de la información *per se*, patrones heteróticos y el comportamiento en combinaciones híbridas de las líneas (Córdova y Mickelson, 1995; Vasal *et al.*, 1995). Por otro lado, Vergara (1984) indicó que existe heterosis entre poblaciones parentales de las líneas donadoras, específicamente entre población 21 y 32 con (232-33-30 x 255-18-19) y (255-18-19 x M.L.S4).

El primer grupo incluye 10 líneas tropicales derivadas principalmente de Población 21 (Tuxpeño-1) y Población 43 (La Posta). El segundo grupo involucra 11 líneas subtropicales derivadas de Población 47, 87, 89, 500, 501, 502 y 600. Mientras que el tercer grupo incluye dos líneas de valles altos derivadas de

Población 85 y 800 (Cuadro 3.1). Las poblaciones parentales, han sido mejoradas para rendimiento y resistencia a factores bióticos y abióticos por el CIMMYT, basado en un método modificado de hermanos completos (HC), enviando continuamente familias de HC en ensayos internacionales en todo el mundo, conocidos como IPTT's.

Cuadro 3.1. Descripción del material experimental

No.	Genealogía	Germoplasma	Patrón heterótico	Adaptación
Líneas de el IMM				
1	AN-1		A	Bajío
2	AN-2		B	Bajío
3	SSE-232-33-30		A	Bajío
4	SSE-255-18-19		A	Bajío
5	SSE-255-18-19		A	Bajío
6	M.L.S4-1		B	Bajío
Líneas de CIMMYT				
1	CML247	Pool 24 (Tuxpeño-1)	A (subgrupo A2)	Tropical
2	CML254	Tuxpeño sequía	A (subgrupo A1)	Tropical
3	CML258	Pob.21 (Tuxpeño-1)	A (subgrupo A1)	Tropical
4	CML264	Pob.21 (Tuxpeño-1)	A (subgrupo A1)	Tropical
5	CML271	Pob.29 (Tuxpeño Caribe)	A (subgrupo A2)	Tropical
6	CML273	Pob.43 (La Posta)	A (subgrupo A1)	Tropical
7	CML275	Pob.43 (La Posta)	A (subgrupo A1)	Tropical
8	CML277	Pob.43 (La Posta)	A (subgrupo A1)	Tropical
9	CML278	Pob.43 (La Posta)	A (subgrupo A1)	Tropical
10	CML281	Pob.43 (La Posta)	A (subgrupo A1)	Tropical
11	CML311	Pob.500	A (subgrupo A1)	Subtropical
12	CML312	Pob.500	A (subgrupo A2)	Subtropical
13	CML313	Pob.501	A (subgrupo A1)	Subtropical
14	CML314	Pob.600	A (subgrupo A2)	Subtropical
15	CML315	Pob.500	A (subgrupo A2)	Subtropical
16	CML317	Pob.47 (Bco. dentado-2)		Subtropical
17	CML318	Pob.87	B	Subtropical
18	CML319	Pob.89		Subtropical
19	CML320	Pob.501	A (subgrupo A1)	Subtropical
20	CML321	Pob.502	A (subgrupo A2)	Subtropical
21	CML322	Pob.89		Subtropical
22	CML240	Pob.85	A (subgrupo A2)	V. Altos
23	CML246	Pob.800	B (subgrupo B2)	V. Altos

CML = Líneas liberadas por CIMMYT; SSE = Selección Super Enana

AN = Antonio Narro; M.L. = Mazorca Larga; Pob. = Población; A y B (grupo heterótico).

Obtención de Cruzas de Prueba

En el campo experimental de Tepalcingo, Mor., se sembró en el ciclo de invierno 1996-97 las 23 líneas del CIMMYT y las seis líneas del IMM. Debido a la diferencia en madurez entre las líneas, se utilizaron dos fechas de siembra, sembrándose seis surcos de 5 metros de largo para cada línea con la finalidad de obtener suficiente número de plantas para realizar todas las cruzas posibles.

Las 23 líneas del CIMMYT, fueron cruzadas con las seis líneas del IMM, utilizando un esquema de apareamiento en forma de Diseño-2, las cruzas se realizaron planta a planta, y también se incrementó la semilla de cada uno de los progenitores. Durante la cosecha se juntaron las mazorcas provenientes de cada craza, desgranándose por separado para posteriormente hacer una mezcla de semillas de ambas cruzas (directas y recíprocas) con la finalidad de obtener suficiente semilla.

Las 116 cruzas de prueba obtenidas, más tres cruzas simples élite para mejorar y dos testigos locales, fueron evaluados durante el ciclo de verano en 1997 B, en: Celaya, Guanajuato; Tlaltizapán, Morelos; y Cotaxtla, Veracruz (Cuadro 3.2). Además, en otro experimento adyacente, también fueron evaluadas las 23 líneas del CIMMYT y las seis líneas del IMM, más un testigo.

Para las cruces de prueba, se utilizó un diseño experimental látice simple 11x11 con dos repeticiones, mientras que para las líneas, fue de bloques al azar con tres repeticiones. Tanto las cruces de prueba como las líneas, fueron sembradas en parcelas de un surco de 5 metros de largo, espaciados a 75 cm, sembrando a una distancia de 25 cm entre plantas depositando 2 semillas/ mata para posteriormente ralear a una planta y obtener así 21 plantas por parcela experimental y una densidad de 53,333.3 plantas por hectárea para la localidad de Tlaltizapán y Cotaxtla, mientras que para Celaya se utilizó un surco de 3.8 metros de largo, espaciados a 75 cm, sembrando a una distancia de 19 cm entre plantas depositando 2 semillas/ mata para posteriormente ralear a una planta y obtener 21 planta por parcela y una densidad de 70,175.4 plantas por hectárea (Cuadro 3.3).

El rendimiento de grano fue expresado en kg/ha mediante la siguiente ecuación:

$$\text{Rend.} = \text{PC} \times (1 - \text{HUM} / 100) \times \text{SH} / 85 \times 10,000 / \text{APU}$$

Donde:

- Rend = es el rendimiento de grano ajustado en kilogramos por hectárea
- PC = es el peso de campo de cada parcela al momento de la cosecha
- HUM = es la humedad de grano de cada parcela en la cosecha
- SH = es el 80 por ciento de desgrane
- 85 = es peso seco del grano al 15 por ciento de humedad
- APU = es el área de parcela útil en m²

Cuadro 3.2. Descripción de localidades.

Localidad	Altitud (msnm)	Temp. media°C	Precipitación anual (mm)	Latitud (Norte)	Longitud (Oeste)	Tipo de Clima
Celaya, Gto.	1754	19.6	599.2	20° 31'	100° 49'	BS1 hw(w)(e)g
Tlaltizapán, Mor.	940	23.0	840.0	18° 41'	99° 08'	Aw0 (w)(i)gw"
Cotaxtla, Ver.	15	25.2	1675.6	18° 50'	96° 10'	Aw2 (w)(i)w"

Fuente: García, 1988.

Cuadro 3.3. Características de los ensayos

Ensayo	Localidad	Entradas	Repetición	Parcela	Diseño
Cruzas-9701	Celaya	121	2	1 s x 3.8 m	11x11 Látime
Líneas-9701		30	3	1 s x 3.8 m	DBA
Cruzas-9702	Tlaltizapán	121	2	1 s x 5 m	11x11 Látime
Líneas-9702		30	3	1 s x 5 m	DBA
Cruzas-9703	Cotaxtla	121	2	1 s x 5 m	11x11 Látime
Líneas-9703		30	3	1 s x 5 m	DBA

Cuadro 3.4. Características agronómicas

Carácter	Clave	Medida	Método
Floración masculina	FM	días	Número de días de la siembra al 50 por ciento de espigas con emisión de polen
Floración femenina	FF	días	Número de días de la siembra al 50 por ciento de la emergencia de estigmas
Altura de planta	APTA	cm	Desde la base de la planta hasta la lígula de la vaina de la hoja bandera
Altura de mazorca	AMAZ	cm	Desde la base de la planta hasta el nudo de inserción de la primera mazorca
Acame de raíz	ARA	%	Número de plantas con inclinación igual o mayor de 30° de la vertical
Acame de tallo	ATA	%	Número de plantas con tallos quebrados abajo de la mazorca
Pudrición de maz.	PUD	%	Número de mazorcas podridas
Cobertura de mazorca	COB	%	Número de mazorcas con la punta descubierta
Aspecto de mazorca	ASPM	(1-5)	Lectura visual conjunta de daño por insectos y enfermedades, uniformidad y tamaño de mazorca
Humedad del grano	HUM	%	Lectura en 250 gramos de una muestra de 10 mazorcas, medida en STEINLITE.
Peso campo	PC		Peso total en kg, de mazorcas por parcela
Rendimiento	REND		Rendimiento de grano en kg/ha, al 15 por ciento de humedad y 80 por ciento de desgrane

Análisis estadísticos

Se realizó un análisis de varianza por localidad (Cuadro 3.5). Los análisis se realizaron usando el paquete estadístico "Alfa - Látice" propuesto por Barreto *et al.* (1993) con el siguiente modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + R_i + (B/R)_{ij} + T_k + e_{ijk}$$

Donde:

Y_{ijk} = efecto de la i -ésima repetición, del j -ésimo bloque, del k -ésimo tratamiento

μ = media general

R_i = efecto de la i -ésima repetición

$(B/R)_{ij}$ = efecto del j -ésimo bloque dentro de la i -ésima repetición

T_k = efecto del k -ésimo tratamiento

e_{ijk} = efecto del error experimental

También se realizó un análisis combinado (Cuadro 3.6) usando el paquete PC SAS (SAS Institute, 1989). Los ambientes y repeticiones fueron considerados al azar y las cruza fueron consideradas fijas. Los efectos genotípicos fueron probados para obtener significancia usando el cuadrado medio del error de la interacción genotipo X ambiente como un término de error. Con el siguiente modelo:

$$Y_{ijkl} = \mu + L_{\ell} + (R/L)_{i\ell} + (L R/B)_{ij\ell} + T_k + (TL)_{k\ell} + e_{ijkl}$$

Donde:

- Y_{ijkl} = efecto de la i -ésima repetición, del j -ésimo bloque, del k -ésimo tratamiento, en la ℓ -ésima localidad
- μ = media general
- L_{ℓ} = efecto de la ℓ -ésima localidad
- $(R/L)_{i\ell}$ = efecto de la i -ésima repetición dentro de la ℓ -ésima localidad
- $(L R/B)_{ij\ell}$ = efecto de la interacción entre la i -ésima repetición y la ℓ -ésima localidad dentro del j -ésimo bloque
- T_k = efecto del k -ésimo tratamiento
- $(TL)_{k\ell}$ = efecto de la interacción entre del k -ésimo tratamiento y la ℓ -ésima localidad
- e_{ijkl} = efecto del error experimental

Para comparar las medias de rendimiento y de otros caracteres estudiados de los cruzamientos, se aplicó la prueba de rango múltiple diferencia mínima significativa (DMS).

$$DMS = t (gl EE) \sqrt{2 CMEE / r} \quad (\text{individual})$$

$$DMS = t (gl EE) \sqrt{2 CMEE / r\ell} \quad (\text{combinado})$$

Donde:

- $t (gl EE)$ = valor de t según los grados de libertad del error
- $CMEE$ = cuadrado medio del error experimental
- r = número de repeticiones
- ℓ = número de localidades

Además también se calculó el coeficiente de variación (CV).

$$C.V. \% = \sqrt{CMEE / X} * 100$$

Donde:

CMEE = cuadrado medio del error experimental

X = media general

Cuadro 3.5. Forma del análisis de varianza látice

Fuentes de variación	G.L
Repeticiones (R)	$r-1$
Bloques (ajustados) (B)/R	$r(k-1)$
Tratamientos (sin ajustar) (T)	k^2-1
Tratamientos (ajustados) (T)	$[(k^2-1)]$
Residual (Error intrabloque)	$(k-1)(rk-k-1)$
Total	rk^2-1

Donde r es el número de repeticiones y k es el tamaño de bloque.

Cuadro 3.6. Forma del análisis de varianza látice combinado

Fuentes de variación	G.L
Localidades (L)	$l-1$
Repeticiones (R) / L	$l (r-1)$
Bloque / (L * R)	$rl (k-1)$
Tratamientos (T)	$t-1$
Loc * Tratamientos	$(l-1)(t-1)$
Error	$(k-1)(rk-k-1)$
Total	$rtl-1$

Donde r es el número de repeticiones, t es el número de tratamientos, l es el número de localidades, y k es el tamaño de bloque

Para conocer el grado de asociación entre los 10 estimadores de alelos favorables y sus implicaciones se calcularon las correlaciones simples mediante la siguiente fórmula:

$$r = S_{xy} / S^2_x S^2_y$$

donde:

r = correlación

S_{xy} = covarianza de las variables x e y

S^2_x = varianza de la variable x

S^2_y = varianza de la variable y

Identificación de líneas con alelos favorables

Los criterios para mejoramiento fueron: aumentar el rendimiento de grano, disminuir los días a floración (masculina y femenina), reducir la altura (planta y mazorca), disminuir el acame (raíz y tallo), reducir la pudrición de mazorca, mejorar la cobertura de mazorca y reducir el contenido de humedad del grano. El aumento de rendimiento es el principal objetivo de la mayoría de los programas de mejoramiento, mientras que la identificación de líneas con alelos favorables para mejorar el resto de las variables agronómicas pudiera ser también deseable.

Para este estudio se consideraron tres casos: En el primero, cuando AN1 (P_1) x AN2 (P_2) fue designada la craza simple élite a ser mejorada con 12

líneas, las cuales fueron designadas como líneas P_w . En el segundo, cuando 232-33-30 (P_1) x 255-18-19 (P_2) fue designada la craza simple élite a ser mejorada con 20 líneas, las cuales fueron designadas como líneas P_w . En el tercero, cuando 255-18-19 (P_1) x M.L.S4-1 (P_2) fue designada la craza simple élite a mejorar con 15 líneas, las cuales fueron designadas como líneas P_w .

Las medias ajustadas de las cruzas de prueba (ajustadas para efectos de bloques en el diseño látice) y las medias de las líneas, fueron utilizadas para estimar los seis parámetros genéticos descritos por Dudley (1987a). El procedimiento consiste en que para cualquiera de las tres líneas homocigotas, existen ocho clases de loci (A, ..., H) como se muestra en el Cuadro 2.1 y descritos por Dudley (1984a, 1987a). El procedimiento modificado esta libre del supuesto de que $A=H$ y $z=-\mu$, por lo que la estimación de μG^* fue obtenida utilizando una de las siguientes expresiones apropiadas:

$$\mu G^* = [(P_1 \times P_w) + (P_2 \times P_w) - (P_1 \times P_2) - P_1] / 4 \text{ si } q_{j0}, q_{k1} ;$$

$$\mu G^* = [(P_1 \times P_w) + (P_2 \times P_w) - (P_1 \times P_2) - P_2] / 4 \text{ si } q_{j1}, q_{k0} ;$$

$$\mu G^* = [2 (P_2 \times P_w) - (P_1 \times P_2) - P_2] / 4 \text{ si } q_{j0}, q_{j1} ;$$

$$\mu G^* = [2 (P_1 \times P_w) - (P_1 \times P_2) - P_1] / 4 \text{ si } q_{k0}, q_{k1} ;$$

Donde:

μG^* = significa clase de loci con alelos favorables de líneas donadoras (P_w)

P_1 = primer progenitor del híbrido a mejorar

P_2 = segundo progenitor del híbrido a mejorar

P_w = progenitor donador o línea donadora

De acuerdo a lo anterior, las expresiones, q_{j0} , q_{j1} , q_{k0} y q_{k1} representan varias circunstancias para solucionar q_j y q_k de la ecuación $(P_1 \times P_W) - (P_2 \times P_W) = [(P_1 \times P_2) - P_2] q_j - [(P_1 \times P_2) - P_1] q_k$ (ecuación 1). Si $(P_1 \times P_W) - (P_2 \times P_W)$ es positivo y $< (P_1 \times P_2) - P_2$ entonces q_k es igual a cero (q_{k0}) para estimar valores mínimos de q_j y q_k . Si $(P_1 \times P_W) - (P_2 \times P_W)$ es negativo y $< (P_1 \times P_2) - P_1$ entonces q_j es igual a cero (q_{j0}). Si $(P_1 \times P_W) - (P_2 \times P_W) + (P_1 \times P_2) - P_1$ es positivo y $< (P_1 \times P_2) - P_2$ entonces q_k es igual a uno (q_{k1}) y la ecuación 1 es la solución para q_j . Si $(P_1 \times P_W) - (P_2 \times P_W) - (P_1 \times P_2) - P_2$ es negativo y $< (P_1 \times P_2) - P_1$ entonces q_j es igual a uno (q_{j1}) y la ecuación 1 es la solución para q_k . Las ecuaciones para los otros parámetros (μ_B , μ_C , μ_D , μ_E , μ_F), fueron obtenidas como lo señala Dudley (1987a), considerando también las expresiones q_{j0} , q_{j1} , q_{k0} y q_{k1} .

Para determinar la efectividad de el método propuesto por Dudley, se estimaron otros estadísticos para identificar líneas con alelos favorables: μ_G , ACG, NI, UBND, PTC, TWC, PNG, $\mu_a(B+G)$, además de el comportamiento *per se* de las líneas donadoras, los cuales fueron comparados con μ_G^* .

La aptitud combinatoria general (ACG) fue obtenida considerando el comportamiento promedio de una línea a través de sus cruzas y medida como desviación de la media general (Falconer, 1989).

El estimador mínimo ligado UBND propuesto por Gerloff y Smith (1988a,b) y la predicción de la craza triple PTC (Sprague y Eberhart, 1977) y el comportamiento de la craza triple TWC (Jenkins, 1934). El UBND es definido como el mínimo de las dos expresiones ${}^1(P_1 \times P_w) - P_1$ y ${}^2(P_2 \times P_w) - P_2$. PTC, es obtenido como $[(P_1 \times P_w) + (P_2 \times P_w)] / 2$. Mientras que TWC = ${}^1(P_1 \times P_w) \times P_2$ o ${}^2(P_2 \times P_w) \times P_1$.

El estimador de mejoramiento neto (NI) propuesto por Bernardo (1990a). El NI es obtenido como el máximo de ${}^1[(P_1 \times P_w - P_1 \times P_2)] / 2$, y ${}^2[(P_2 \times P_w - P_1 \times P_2)] / 2$ este estadístico considera el número de loci cuando alelos favorables puedan ser ganados menos el número de loci cuando alelos favorables puedan ser perdidos en la craza simple $P_1 \times P_2$ cuando P_w es cruzada a P_1 o P_2 .

La probabilidad de ganancia neta de la línea donadora (PNG) fue propuesta por Metz (1994) el cual estima el relativo número de loci donde alelos favorables pueden ser ganados así como la proporción de el relativo número de loci donde alelos favorables pueden ser ganados o perdidos. $PNG = {}^1(P_1 \times P_w) + (P_2 \times P_w) - (P_1 \times P_2) - P_1 / 2 [(P_1 \times P_w) - P_1]$ y ${}^2(P_1 \times P_w) + (P_2 \times P_w) - (P_1 \times P_2) - P_1 / 2 [(P_2 \times P_w) - P_1]$. El cual también puede ser estimado como $\mu G' / (\mu G' + \mu D')$ y $\mu G' / (\mu G' + \mu F')$ respectivamente.

El estimador insesgado $\mu_a(B+G)$ propuesto por (Hohls *et al.*, 1995) el cual está libre de la restricción de completa dominancia, y proporciona una medida de cuantificar similitudes entre P_1 y P_2 , cuando ellos son diferentes de P_w . Como loci de la clase B representa loci cuando P_1 y P_2 tienen alelos favorables y P_w no los tiene, sin embargo loci de la clase G representa loci cuando P_1 y P_2 no tienen alelos favorables y P_w si los tiene, es obtenido en base a un modelo de aptitud combinatoria general y específica como sigue; $\mu_a(B+G) = (S_{1w} + S_{2w} - S_{12}) / 2$. Finalmente también se consideró el comportamiento *per se* de las líneas P_w como un estimador del potencial de cada línea en particular.

Debido a que el rendimiento de grano es el carácter para el cual el patrón heterótico es más importante, los valores de parentesco para el resto de la características agronómicas no fueron calculados. Las decisiones para determinar cuando autofecundar o retrocruzar también fueron realizadas solo para rendimiento de grano.

Interpretación de parámetros

Estimaciones positivas de μG indican que las líneas P_w contienen alelos favorables en loci donde P_1 y P_2 contienen alelos desfavorables. De la misma forma, estimaciones positivas de μD , indican que P_1 contiene alelos favorables en loci cuando P_2 y P_w contienen alelos desfavorables. Mientras que estimaciones positivas de μF , indican que P_2 contiene alelos favorables en loci cuando P_1 y P_w contienen alelos desfavorables. El término μB , estima el número relativo de loci donde ambos padres P_1 y P_2 tienen alelos favorables y P_w contiene alelos desfavorables. El término μC , estima el número relativo de loci donde P_1 y P_w tienen alelos favorables y P_2 contiene alelos desfavorables. Mientras que μE , estima el número relativo de loci donde P_2 y P_w tienen alelos favorables y P_1 contiene alelos desfavorables. Por otro lado, la ecuación $(\mu C + \mu F)$, es el número relativo total de loci para los cuales P_1 y P_w tienen los mismos alelos ya sea favorables o desfavorables ($++$ o $--$). Mientras que $(\mu D + \mu E)$, es el número relativo total de loci para los cuales P_2 y P_w tienen los mismos alelos ya sea favorables o desfavorables ($++$ o $--$). Así, estas expresiones muestran la relación o parentesco de P_1 o P_2 con respecto a P_w . Además, para mantener el patrón heterótico de $P_1 \times P_2$, las líneas con $(\mu C + \mu F) > (\mu D + \mu E)$, indica que están más relacionadas a P_1 , por lo tanto éstas podrían ser cruzadas con P_1 . Mientras que líneas con $(\mu D + \mu E) > (\mu C + \mu F)$, indica que están más relacionadas a P_2 , por lo tanto éstas podrían ser cruzadas con P_2 .

Una vez identificadas las líneas superiores con alelos favorables, es muy importante considerar la decisión de si se debe autofecundar en la F_2 de ($P_1 \times P_w$ o $P_2 \times P_w$) o bien retrocruzar a (P_1 o P_2) antes de iniciar la autofecundación. Para determinar esta situación, Dudley (1984a,b,c) señaló que: Valores negativos significativos de $(\mu G^* - \mu D)$ o $(\mu G^* - \mu F)$, sugieren que al menos una retrocruza a P_1 o P_2 podría ser hecha antes de autofecundar. Si los valores son no significativos diferentes de cero $(\mu G^* - \mu D)$ o $(\mu G^* - \mu F)$, indica directa autofecundación en la F_2 . Valores negativos de $(\mu G^* - \mu D)$ o $(\mu G^* - \mu F)$ indican que el número de loci para los cuales P_1 o P_2 tienen alelos favorables y P_w tiene alelos desfavorables es más grande que el número de loci para los cuales P_1 o P_2 tiene alelos desfavorables y P_w tiene alelos favorables, por lo tanto se sugiere una retrocruza a P_1 o P_2 . Mientras que, valores positivos de $(\mu G^* - \mu D)$ o $(\mu G^* - \mu F)$, indican que el número de loci para los cuales P_1 o P_2 tienen alelos desfavorables y P_w tiene alelos favorables es más grande que el número de loci para los cuales P_1 o P_2 tiene alelos favorables y P_w tiene alelos desfavorables, por lo tanto se sugiere una retrocruza a P_w . Para determinar si P_w está más relacionado a P_1 o P_2 , utilizar $(\mu G^* - \mu D)$ o $(\mu G^* - \mu F)$.

Por otro lado, si como usualmente asumimos, los alelos dominantes son favorables y la dominancia es en una dirección positiva, entonces un valor grande de el término μG^* podría identificar a una línea con una alta frecuencia de alelos favorables en loci para los cuales el híbrido ($P_1 \times P_2$) a mejorar carece

de alelos favorables. Sin embargo, no todas las características muestran dominancia para alelos favorables, y esta dominancia no siempre es en una dirección positiva (Dudley, 1988b, Hallauer *et al.*, 1988).

De las características listadas en el Cuadro 3.4, dominancia es para alelos favorables para rendimiento de grano y días a floración (suponiendo que la precocidad es deseable). Sin embargo, dominancia es para alelos desfavorables para mayor días a floración masculina y femenina, mayor altura de planta y mazorca, más acame de raíz y tallo, más pudrición mazorca y menor cobertura de mazorca, así como también para alto contenido de humedad en el grano. La magnitud de μG^* , estima el número relativo de alelos dominantes en P_w en loci para los cuales el híbrido élite tiene alelos recesivos. Sin embargo, cuando se desea reducir la altura de la planta (plantas cortas, por ejemplo), el valor de μG^* no indica que línea deberá ser escogida para mejorar ($P_1 \times P_2$). Si P_1 es el padre a ser mejorado para rendimiento, la adición de alelos recesivos a P_1 en loci de clase μD podría mejorar el híbrido para altura de planta debido a que P_2 ya contiene alelos recesivos en la clase μD . De hecho si nosotros incorporamos alelos desfavorables dominantes en clase μG^* , el número relativo de alelos dominantes en clase μD versus el número relativo de alelos desfavorables dominantes en clase μG^* indican la probabilidad de extraer una mejor línea de la crucea ($P_1 \times P_w$), la cual al ser cruzada con P_2 formara un híbrido más bajo que la crucea de referencia $P_1 \times P_2$ (Dudley, 1988a).

De la misma forma, la diferencia $\mu F - \mu G^*$ indica la probabilidad de extraer una mejor línea de la crucea ($P_2 \times P_w$), la cual cuando es cruzada con P_1 , dará un híbrido más bajo que la crucea élite ($P_1 \times P_2$).

Por lo tanto el interés es adicionar alelos favorables recesivos que puedan ser expresados en el híbrido. Si P_1 es mejorado, entonces valores altos en loci clase μD son importantes ya que P_w contiene alelos recesivos y P_2 es también homocigote recesivo, así la diferencia $\mu D - \mu G^*$, es una medida del valor de P_w si P_1 es mejorada, sin embargo, en este caso alelos dominantes desfavorables estarán presentes en P_w en loci clase μG^* . De la misma forma, Si P_2 es mejorado, entonces valores altos en loci clase μF son importantes ya que P_w contiene alelos recesivos y P_1 es también homocigote recesivo, así la diferencia $\mu F - \mu G^*$, es una medida del valor de P_w si P_2 es mejorada, sin embargo, en este caso alelos dominantes desfavorables estarán presentes en P_w en loci clase μG^* .

Por otro lado la selección de progenitores superiores con alelos favorables para cruces élite x élite, podría ser otra alternativa para reciclar líneas las cuales tendrán mayor frecuencia de alelos favorables.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Debido a las diferencias existentes entre las localidades utilizadas para evaluar el experimento, en este estudio el comportamiento promedio de las cruzas simples y las líneas progenitoras mostraron un patrón de comportamiento muy diferente en Cotaxtla, comparado con Celaya y Tlaltizapán. En general el rendimiento promedio de todos los genotipos en Celaya y Tlaltizapán fue alto, mientras que en Cotaxtla fue bajo (Cuadro 4.1).

Se observó que para las cruzas en Celaya, el rendimiento de grano fue alto (12.89 t/ha), y los materiales fueron más tardíos, con una madurez de 88 y 90 días para floración masculina y femenina, respectivamente. Mientras que en Cotaxtla fue lo contrario, el rendimiento fue bajo (6.15 t/ha), y los materiales fueron más precoces, con una floración promedio de 51 días. Por otro lado, los materiales con mayor altura de planta y mazorca fueron observados en Cotaxtla, y en Celaya, los materiales fueron más bajos.

Para acame de raíz y tallo, en Celaya se registró menor porcentaje de plantas acamadas, menor por ciento de pudrición de mazorca y cobertura, así como menor porcentaje de plantas con infección por *Fusarium*, sin embargo, en Cotaxtla se registraron valores más altos para estos caracteres, observándose

materiales con mayor acame, pudrición y mala cobertura. Para aspecto de mazorca, humedad del grano y número de plantas y mazorcas cosechadas, no se observó diferencias significativas.

En general, para las cruzas se notaron diferencias marcadas para rendimiento y la mayoría de los caracteres registrados en las tres localidades, estas diferencias fueron muy contrastantes entre Celaya y Cotaxtla, mientras que en Tlaltizapán los genotipos tuvieron un comportamiento intermedio para rendimiento y el resto de las características agronómicas, excepto para el por ciento de acame de tallo, el cual fue mucho más alto que en las otras dos localidades, ocurriendo lo mismo para por ciento de humedad del grano.

Con respecto a las líneas evaluadas en Celaya, Tlaltizapán y Cotaxtla, se observó la misma tendencia que en las cruzas simples, es decir, el rendimiento promedio alto (4.75 t/ha), líneas tardías, menor altura de planta y mazorca, fueron registrados en Celaya, mientras que en Cotaxtla ocurrió lo contrario, el rendimiento fue bajo (2.49 t/ha), los materiales fueron más precoces, y la altura de planta y mazorca fue alta. Para el resto de los caracteres medidos, se observó la misma tendencia que en las cruzas simples. En Tlaltizapán, las líneas tuvieron un comportamiento intermedio para rendimiento y características agronómicas, excepto para altura de planta y mazorca, ya que aquí se observó que los materiales fueron mucho más altos,

encontrándose también que las líneas tuvieron alto por ciento de pudrición de mazorca, mayor número de plantas con infección por *Fusarium*, así como mayor contenido de humedad del grano. Sin embargo, en esta localidad se observó el menor porcentaje de mala cobertura.

Cuadro 4.1. Medias de rendimiento y características agronómicas de los genotipos en cada localidad.

	Celaya		Tlaltizapán		Cotaxtla		Combinado	
	cruzas	líneas	cruzas	líneas	cruzas	líneas	cruzas	líneas
REND	12.89	4.75	8.26	4.21	6.15	2.49	9.11	3.94
FM	88.0	101.3	60.8	63.1	51.0	50.3	66.4	73.4
FF	90.0	103.3	61.8	64.1	51.7	50.2	67.8	74.4
APTA	224.2	124.5	242.0	159.8	251.7	145.9	238.3	146.5
AMAZ	116.2	50.6	129.9	78.5	137.0	74.0	128.2	69.2
ARA	4.1	5.3	7.4	16.5	26.7	16.5	13.3	12.9
ATA	1.3	1.2	10.2	7.9	4.2	9.4	5.4	6.2
PUD	2.0	6.9	10.5	22.2	16.6	18.1	9.6	15.8
COB	4.1	6.0	6.1	2.9	27.1	10.9	12.3	6.7
ASPM	2.4	3.2	3.1	3.4	3.5	3.0	3.1	3.2
FUS	6.3	3.4	24.1	24.6				
HUM	15.3	14.1	25.7	21.1	22.0	19.5	21.0	18.4
Media	12.93	4.75	8.27	4.22	6.13	2.49	9.11	3.94
DMS(.05)	3.83		1.74		2.08		1.52	
E.estand.	1.37	0.41	0.62	0.32	0.74	0.34	2.12	0.24
C.V (%)	14.9		10.2		16.2		14.8	

Los valores de: Media, DMS(0.05), Error estándar, y C.V (%), son para rendimiento.

Debido a lo contrastante del comportamiento de los materiales incluidos en este estudio, se procedió a hacer el análisis por localidad, además, de un análisis combinado con las tres localidades.

Análisis de varianza individuales

De acuerdo a los cuadrados medios del análisis de varianza por localidad para rendimiento (t/ha) y caracteres agronómicos. La fuente de variación repeticiones, presentó diferencias altamente significativas para floración masculina y floración femenina únicamente en Celaya. Mientras que para altura de planta hubo diferencias altamente significativas y significativas en las tres localidades, pero altura de mazorca solo en dos localidades mostró alta significancia. Por su parte acame de raíz y cobertura de mazorca, pudrición de mazorca y humedad de grano mostraron diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) y significativas ($P \leq 0.05$) solo en una localidad. La fuente de variación bloques, presentó diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) y significativas ($P \leq 0.05$) para rendimiento de grano en Cotaxtla y Tlaltizapán. Mientras que floración masculina y femenina, altura de mazorca y acame de tallo mostraron diferencias altamente significativas en una localidad. Por su parte acame de raíz mostró diferencias altamente significativas y significativas en dos localidades. La fuente de variación tratamientos (cruzas), mostró diferencias altamente significativas para rendimiento de grano en las tres localidades. Del mismo modo la mayoría de las características agronómicas en cada una de las localidades, mostraron también diferencias altamente significativas en las tres localidades, con excepción de acame de tallo la cual fue significativa en Celaya y no significativa en Cotaxtla.

Por otro lado, la diferencia mínima significativa (DMS), para rendimiento de grano mostró un rango de 1.74 a 3.83 en las tres localidades. Mientras que el coeficiente de variación (CV) fue de 10.2 a 16.2. Además de una eficiencia del diseño de 0.94 a 1.09. Con respecto a los coeficientes de variación (CV), para la mayoría de las variables medidas, se registraron valores aceptables, excepto para aquellas variables expresadas en porcentaje.

En general, la significancia mostrada en bloques, indica que los bloques extrajeron las diferencias del terreno, evitando que en repeticiones se beneficiara a una cruz determinada confirmando así la eficiencia del diseño látice a través del ajuste de medias entre bloques. Mientras que la significancia encontrada en repeticiones se debe a las diferencias en la condición de bloques indicando que repeticiones logró sacar la diferencia del terreno y evitó que se acumulara en el error del diseño.

Por otro lado la significancia encontrada en la fuente de variación cruza para rendimiento y la mayoría de los caracteres agronómicos en cada localidad, significa que las cruza tuvieron un comportamiento diferente entre ellas. Esto fue debido a que los progenitores de dichas cruza fueron desarrollados en ambientes diferentes así como también diferentes esquemas de selección, además de que también fueron derivados de diversas fuentes de

germoplasma. Estos resultados indican que es posible identificar cruza superiores con la certeza de que estas son diferentes de las demás.

Los bajos valores del coeficiente de variación encontrados para rendimiento en cada uno de los análisis individuales en cada localidad, puede atribuirse a la subdivisión de los bloques en sub - bloques regulares. El resto de las características también presentaron valores bajos de coeficiente de variación, excepto aquellas características expresadas en porcentaje lo cual normalmente ocurre con este tipo de variables. La eficiencia relativa obtenida en cada localidad fue de 0.94 a 1.09 por ciento para rendimiento de grano, indicando que se necesitan más repeticiones en un diseño de bloques al azar que en un diseño látice, observándose misma tendencia para el resto de los caracteres.

Análisis de varianza combinado

Se encontraron diferencias altamente significativas en la fuente de variación localidades para todas las variables medidas (Cuadro 4.2), esto era de esperarse, atribuyéndose a las diferencias en las condiciones climáticas donde se evaluaron los experimentos. Cotaxtla, está localizada cerca de la costa del Golfo de México y a nivel del mar, con clima tropical húmedo, mientras que Celaya (subtropical) y Tlaltizapán (tropical), están más distantes y

a una altitud de 1754 y 940 metros sobre el nivel del mar. Diferencias altamente significativas también fueron encontradas en la fuente de variación repeticiones dentro de localidades para floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, así como en acame de raíz y tallo. Mientras que para pudrición de mazorca y humedad solo se encontró diferencias significativas.

Para la fuente de variación tratamientos (cruzas), se observó diferencias altamente significativas para rendimiento y todas las variables estimadas. Además para la interacción cruzas x localidades, también se observó diferencias altamente significativas para todas las variables, excepto para pudrición de mazorca en la cual solo se detectó diferencia significativa.

De lo anterior se observa que las cruzas, localidades y su interacción poseen el 92.2 por ciento de la suma de cuadrados total. Los ambientes contribuyen con el 60.9 por ciento lo cual es debido a lo contrastante de las localidades. Mientras que las cruzas contribuyen con 19.0 por ciento. La interacción cruzas x localidad contribuye con 12.3 por ciento. La alta significancia en la interacción cruzas x localidades, indica que los genotipos mostraron una respuesta diferente en algunas localidades. Por lo tanto, a pesar de la mayor contribución de los ambientes, la interacción con los genotipos fue menor indicando que las diferencias entre los genotipos fue debio a ellos mismos.

Cuadro 4.2. Análisis de varianza combinado para cruzas de prueba evaluadas en tres localidades.

F. Variación	G.L	REND	FM	FF	APTA	AMAZ
Localidades	2	2923.63**	91125.61**	95492.73**	39246.06**	30719.97**
Rep (Loc.)	3	2.02	22.41	18.32**	1806.27**	780.53*
Blk(Rep*Loc)	60	1.97	15.83	4.42	455.6	191.06
Trtamientos	120	15.21**	42.23**	34.42**	1548.11**	1120.15**
Loc. * Trat.	240	4.92**	17.04**	8.83**	416.15**	259.11**
Error	300	1.8	13.31	3.37	360.4	239.68
Total	725	13.25	271.74	274.66	732.64	495.59
DMS (0.05)		1.52	4.13	2.08	24.48	17.52
C.V (%)		14.8	5.5	2.7	7.9	12.1

F. Variación	G.L	ARA	ATA	PUD	COB	HUM
Localidades	2	41058.59**	4926.77**	125626.64**	38679.02**	6739.9**
Rep (Loc.)	3	2096.13**	94.04	70.66*	152.19	7.01*
Blk(Rep*Loc)	60	506.56**	97.58**	45.66**	92.39	2.61
Trtamientos	120	517.31**	101.69**	364.15**	455.87**	16.8**
Loc. * Trat.	240	335.47**	73.40**	125.9*	217.75**	3.99**
Error	300	189.57	64.9	26.16	94.08	2.03
Total	725	455.53	91.79	157.67	306.08	23.99
DMS (0.05)		15.58	9.12	5.79	10.98	1.61
C.V (%)		103.3	150.3	53.1	78.6	6.8

Identificación de líneas donadoras de alelos favorables en cada localidad.

Se encontraron diferencias altamente significativas entre las cruzas simples AN1 x AN2, 232-33-30 x 255-18-19, y 255-18-19 x M.L.S4-1, las cuales fueron designadas como la craza simple élite a ser mejoradas.

Cuando AN1 x AN2 fue designada como la craza a ser mejorada, se encontró diferencias altamente significativas para rendimiento de grano, floración masculina y femenina, acame de raíz y cobertura de mazorca en Celaya; altura de mazorca, acame de raíz y cobertura de mazorca en Tlaltizapán; y altura de mazorca, acame de raíz, pudrición y cobertura de mazorca en Cotaxtla. En general, las cruzas con AN2, tuvieron un rendimiento promedio más alto que cruzas con AN1 en las tres localidades. El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 3.23 a 15.10 t/ha, mientras que para las líneas fue de 1.49 a 8.94 t/ha.

Las 12 líneas involucradas para mejorar AN1 x AN2, tuvieron valores positivos de μG^* , en las tres localidades. En base en los valores de μG^* , las líneas; CML-315, CML-273, CML-311, CML-254 y CML-312 (Celaya); CML-254, CML-258, CML-312, CML-315 y CML-313 (Tlaltizapán); CML-313, CML-311, CML-258, CML-254 y CML-312 (Cotaxtla), pueden ser las más útiles para mejorar el comportamiento en rendimiento de AN1 x AN2.

De las comparaciones de $\mu C + \mu F$ con $\mu D + \mu E$, CML-315, CML-273 y CML-254, están relacionadas con AN1, mientras que CML-311 y CML-312, están relacionadas a AN2 en Celaya. En Tlaltizapán, CML-254 y CML-315, están relacionadas a AN1, mientras que CML-258, CML-312 y CML-313, están relacionadas a AN2. En Cotaxtla, CML-254, esta relacionada a AN1, mientras

que CML-313, CML-311, CML-258 y CML-312, están relacionadas a AN2. Las líneas antes mencionadas pueden ser utilizadas para mejorar a sus respectivos progenitores, haciendo notar que CML-313, tiene comportamiento intermedio por lo que puede ser usada para mejorar ambos progenitores.

Cuando 232-33-30 x 255-18-19 fue designada como la crusa a mejorar, se encontró diferencias altamente significativas para rendimiento de grano, altura de planta y mazorca y acame de raíz, en Celaya; altura de mazorca y acame de raíz en Tlaltizapán; y cobertura de mazorca en Cotaxtla. Cruzas con 232-33-30, tuvieron alto rendimiento que cruzas con 255-18-19 en Celaya y Tlaltizapán, sin embargo en Cotaxtla las cruzaş con 255-18-19 fueron más rendidoras que cruzas con 232-33-30. El comportamiento de las cruzaş tuvo un rango de 1.99 a 17.77 t/ha, y para las líneas fue de 0.96 a 9.77 t/ha.

De las 20 líneas involucradas para mejorar 232 x 255, todas tuvieron valores positivos de μG^* y solo una tuvo valor negativo en Celaya y Tlaltizapán. Mientras que en Cotaxtla, 18 líneas tuvieron valores positivos de μG^* , y solo dos negativos. En base a μG^* , las líneas; CML-264, CML-273, CML-312, CML-258 y CML-314 (Celaya); CML-258, CML-264, CML-281, CML-312, CML-321 y CML-273 (Tlaltizapán); CML-258, CML-313, CML-319, CML-277, CML-281, CML-254, CML-264 y CML-273 (Cotaxtla), pueden ser las líneas más útiles para mejorar el comportamiento en rendimiento de 232-33-30 x 255-18-19.

De acuerdo a la magnitud de $\mu C + \mu F$ con $\mu D + \mu E$, la línea CML-258, está relacionada a 232-33-30, y CML-264, CML-273, CML-312 y 314 están relacionadas a 255-18-19 en Celaya. En Tlaltizapán, CML-258 y CML-321, están relacionadas a 232-33-30, mientras que CML-264, CML-281, CML-312 y CML-273, están relacionadas a 255-18-19. En Cotaxtla, CML-258, CML-319, CML-264 y CML-273, están relacionadas a 232-33-30, mientras que CML-313, CML-277, CML-281 y CML-254, están relacionados a 255-18-19. Haciendo notar que CML-264 y CML-313, tuvieron comportamiento intermedio por lo que puede usarse para mejorar a ambos progenitores, respectivamente.

Cuando 255-18-19 x M.L.S4 fue designada como la crusa a ser mejorada, se encontró diferencias altamente significativas para rendimiento de grano, altura de planta y mazorca, acame de raíz y cobertura de mazorca en Celaya; altura de planta y mazorca, acame de raíz, pudrición y cobertura de mazorca en Tlaltizapán; y altura de planta y mazorca, acame de raíz, pudrición y cobertura de mazorca en Cotaxtla. Las cruzas simples con M.L.S4, tuvieron un rendimiento más alto que cruzas con 255-18-19 en Celaya y Tlaltizapán, sin embargo en Cotaxtla, las cruzas con 255-18-19 fueron más rendidoras que cruzas con M.L.S4. El comportamiento de las cruzas de prueba tuvo un rango de 2.06 a 18.15 t/ha, mientras que para las líneas fue de 0.90 a 8.14 t/ha.

De las 15 líneas involucradas para mejorar 255-18-19 x M.L.S4, cinco tuvieron valores positivos de μG^* y 10 negativos en Celaya. Mientras que en Tlaltizapán, 14 tuvieron valores positivos y solo una tuvo valor negativo de μG . En Cotaxtla, 13 líneas tuvieron valores positivos y dos valores negativos de μG^* . De acuerdo a los valores de μG^* , las líneas; CML-318 y CML-281, (Celaya); CML-312, CML-318, CML-314, CML-320, CML-281, CML-319 y CML-264 (Tlaltizapán); CML-277, CML-321, CML-322, CML-281, CML-319, CML-313, CML-312, CML-264 y CML-314 (Cotaxtla), pueden ser las líneas más útiles para mejorar el comportamiento en rendimiento de la cruce 255-18-19 x M.L.S4. Haciendo notar que las 15 líneas involucradas para el mejoramiento de la cruce 255-18-19 x M.L.S4, todas estuvieron relacionadas a 255-18-19, indicando que poseen alelos comunes y pertenecen al mismo grupo heterótico.

De acuerdo a la magnitud de $\mu C + \mu F$ y $\mu D + \mu E$, CML-318 y CML-281, están relacionadas a 255-18-19, en Celaya, donde todas las líneas se relacionaron más con 255-18-19. En Tlaltizapán, CML-312, CML-314, CML-320, CML-281, CML-319 y CML-264, estuvieron relacionadas a 255-18-19, mientras que CML-318, estuvo más relacionada a M.L.S4. En Cotaxtla, CML-277, CML-321, CML-322, CML-281, CML-319 y CML-314, están relacionadas a 255-18-19. Mientras que CML-313, CML-312 y CML-264, se relacionaron con M.L.S4. Sin embargo, CML-277 y CML-281 mostraron comportamiento intermedio, por lo tanto pueden ser usadas para mejorar a ambos progenitores.

Identificación de líneas donadoras de alelos favorables a través de localidades.

Mejoramiento de AN1 x AN2

Rendimiento de grano

El híbrido a mejorar tuvo un rendimiento de 7.75 t/ha, de las 24 cruzas de prueba identificadas para este caso, 16 cruzas simples tuvieron un rendimiento superior que el híbrido a mejorar. El comportamiento medio de las cruzas sobre las tres localidades tuvo un rango de 4.99 a 10.23 t/ha, mientras que el promedio de las líneas fue de 1.84 a 6.71 t/ha (Cuadro 4.3). Entre las cruzas de prueba con AN1 y cruzas con AN2, se encontraron diferencias significativas. Las cruzas simples con AN2, tuvieron un rendimiento promedio de 1.15 t/ha más alto que las cruzas simples con AN1 (Cuadro 4.4).

De las 12 líneas involucradas (cinco tropicales, seis subtropicales y una de valles altos) para mejorar AN1 x AN2, todas tuvieron valores positivos de μG^* para rendimiento de grano (Cuadro 4.5). Los valores más altos de μG^* , fueron registrados por nueve líneas. La línea CML-258 (tropical) fue la mejor para μG^* , seguida por CML-311 y CML-313 (subtropicales), mientras que el valor más bajo fue registrado por CML-240 (Valles altos). En general, nueve líneas se relacionaron con AN1 y tres con AN2.

Cuadro 4.3. Rendimiento de grano y características agronómicas de líneas y cruzas simples para mejorar AN1 x AN2.

	Rend. de grano (t/ha)			Flor. masculina días			Flor. femenina días			Altura de planta cm		
	per-se	AN1	AN2	per-se	AN1	AN2	per-se	AN1	AN2	per-se	AN1	AN2
AN1	3.50			71.2			72.3			150.0		
AN2	3.29			66.1			67.1			134.1		
AN1			7.75			62.3			63.0			220.8
CML-247	3.93	7.56	8.88	79.2	67.2	66.0	79.8	68.3	66.2	133.9	225.5	221.8
CML-254	4.70	8.21	10.12	76.6	69.8	67.2	77.1	70.8	66.8	163.9	241.8	250.2
CML-258	3.28	9.05	9.75	78.0	68.7	64.2	78.2	69.8	64.5	148.4	243.2	226.0
CML-273	6.71	9.06	8.93	76.2	69.3	66.5	77.0	70.8	67.5	169.6	236.7	231.3
CML-275	3.53	5.62	8.03	79.8	71.0	65.5	80.2	72.2	66.5	177.6	250.7	240.3
CML-311	4.52	9.42	9.00	74.3	66.3	63.5	76.3	67.8	64.7	184.1	247.3	245.0
CML-312	4.83	9.76	8.09	73.1	66.3	64.5	73.7	67.2	65.3	160.9	228.0	223.8
CML-313	4.70	8.25	10.23	77.8	68.2	65.5	78.2	68.8	66.3	183.9	238.2	238.5
CML-315	3.08	5.58	9.72	74.7	67.5	67.5	76.3	69.0	69.0	139.4	211.3	256.3
CML-320	5.04	6.73	8.59	62.9	68.7	66.8	64.1	70.3	68.0	159.9	230.5	229.3
CML-322	3.31	6.96	6.98	72.0	66.2	64.3	72.8	67.5	65.0	130.6	212.2	219.0
CML-240	1.84	4.99	6.62	66.2	62.3	59.5	68.4	64.5	60.3	137.3	211.2	200.7
Media	3.94	9.11		73.4	66.4		74.4	67.8		146.5	238.3	
DMS(0.05)		1.54			2.1			2.1			15.3	
E. estándar	0.243	2.119		1.4	11.1		1.5	11.5		7.1	9.9	

	Altura de mazorca (cm)			Acame de raíz (%)			Acame de tallo (%)			Pudrición de maz. (%)		
	per-se	AN1	AN2	per-se	AN1	AN2	per-se	AN1	AN2	per-se	AN1	AN2
AN1	71.4			15.2			12.3			24.9		
AN2	60.7			7.2			13.9			23.1		
AN1			118.7			20.8			20.3			9.4
CML-247	61.6	121.7	122.7	13.9	7.6	8.1	0.0	5.9	1.7	5.6	6.5	3.4
CML-254	88.1	136.5	124.7	5.3	5.3	5.3	1.0	3.5	2.5	3.5	1.9	4.8
CML-258	70.8	135.0	117.2	14.5	16.2	3.3	11.7	2.4	5.0	5.2	2.7	2.9
CML-273	88.3	125.5	122.3	6.0	4.6	3.9	1.2	4.2	9.9	4.3	4.9	14.4
CML-275	94.2	126.2	124.7	51.4	39.0	15.3	2.5	9.5	2.5	1.7	1.1	6.2
CML-311	78.9	127.7	128.8	23.8	11.2	15.9	2.4	15.0	6.5	7.6	0.8	5.0
CML-312	78.1	121.7	110.7	2.7	4.9	2.6	11.6	2.5	3.1	11.9	2.4	2.7
CML-313	88.1	128.3	124.5	31.0	10.5	17.2	1.5	6.3	9.9	16.3	7.2	4.8
CML-315	59.6	102.2	132.5	2.1	7.8	26.7	6.5	7.6	13.1	9.7	4.5	8.8
CML-320	87.7	122.3	111.8	20.9	6.7	3.3	0.0	11.0	4.9	7.5	5.2	8.6
CML-322	61.6	110.2	110.0	6.7	2.0	10.6	14.9	5.2	9.4	11.4	5.4	8.3
CML-240	73.4	115.7	102.3	6.4	10.1	5.9	11.8	8.4	9.0	10.7	16.3	10.9
Media	69.2	128.2		12.9	13.3		6.2	5.4		15.8	9.6	
DMS(0.05)		14.6			15.0			9.2			6.1	
E. estándar	4.5	8.2		5.5	9.2		6.0	4.2		4.3	5.4	

Cuadro 4.3. Continuación.....

	Cobertura de maz.			Humedad de grano		
	(%)			(%)		
	per-se	AN1	AN2	per-se	AN1	AN2
AN1	7.0			16.6		
AN2	3.1			15.8		
AN1			7.3			17.6
CML-247	2.6	13.3	23.9	24.4	24.0	21.4
CML-254	1.3	13.3	3.0	21.4	20.5	21.3
CML-258	0.0	0.7	10.0	20.4	21.7	19.1
CML-273	5.0	19.1	28.0	22.9	21.2	19.3
CML-275	0.3	4.9	35.4	17.7	20.3	18.0
CML-311	2.5	2.5	2.3	18.1	20.1	19.2
CML-312	15.8	8.3	11.4	23.4	21.7	20.2
CML-313	6.1	3.1	8.9	20.6	20.5	18.7
CML-315	0.0	8.7	6.3	17.5	20.6	21.9
CML-320	1.9	22.9	20.7	13.7	23.0	20.6
CML-322	4.4	1.7	1.7	17.9	21.7	20.5
CML-240	11.1	1.9	0.9	10.7	18.7	16.9
Media	6.7	12.3		18.4	21.0	
DMS(0.05)		10.5			1.6	
E. estándar	3.9	8.8		1.5	3.1	

Cuadro 4.4. Medias de rendimiento de líneas a través de cruzas y la crusa simple élite a mejorar.

	REND	FM	FF	APTA	AMAZ	ARA	ATA	PUD	COB	HUM
	(t/ha)	(días)	(días)	(cm)	(cm)	(%)	(%)	(%)	(%)	(%)
Líneas x AN1	7.60	67.6	68.9	231.4	122.7	10.5	6.8	4.9	8.4	21.1
Líneas x AN2	8.75	65.1	65.8	231.9	119.3	9.8	6.4	6.7	13.1	19.8
AN1 x AN2	7.75	62.3	63.0	220.8	118.7	20.8	20.3	9.4	7.3	17.6
	1.15*	2.5*	3.1*	0.5	3.4	0.7	0.3	1.8	4.7	1.4*

* Diferencias significativas a 0.05 entre líneas x AN1 y líneas x AN2 usando una prueba de t.

Cuadro 4.5. Estimación del número relativo de loci para 12 líneas (P_w) cuando AN1(P1) x AN2(P2) es el híbrido a mejorar.

Rendimiento de grano												
Líneas												
P_w	μ_B	&	μ_C	&	μ_D	&	μ_E	&	μ_F	&	μ_G	&
CML-247	1.09	0.93	1.50	0.93	0.73	0.92	0.73	0.92	1.39	0.92	1.30	0.92
CML-254	1.18	0.93	1.65	0.93	0.59	0.92	0.59	0.92	1.54	0.92	1.77	0.92
CML-258	2.00	0.93	1.34	0.93	0.89	0.92	0.89	0.92	1.24	0.92	1.89	0.92
CML-273	0.03	0.93	1.08	0.92	1.15	0.92	1.04	0.93	1.08	0.92	1.74	0.92
CML-275	0.59	0.93	1.77	0.93	0.46	0.92	0.46	0.92	1.67	0.92	0.60	0.92
CML-311	1.23	0.93	1.01	0.92	1.22	0.92	1.12	0.93	1.01	0.92	1.85	0.92
CML-312	0.93	0.93	0.70	0.92	1.53	0.92	1.43	0.93	0.70	0.92	1.70	0.92
CML-313	1.21	0.93	1.66	0.93	0.57	0.92	0.57	0.92	1.56	0.92	1.81	0.92
CML-315	1.22	0.93	2.20	0.93	0.03	0.92	0.03	0.92	2.10	0.92	1.01	0.92
CML-320	0.25	0.93	1.63	0.93	0.60	0.92	0.60	0.92	1.53	0.92	1.02	0.92
CML-322	0.77	0.93	1.17	0.93	1.06	0.92	1.06	0.92	1.07	0.92	0.67	0.92
CML-240	0.92	0.93	1.57	0.93	0.66	0.92	0.66	0.92	1.47	0.92	0.09	0.92

Líneas								
P_w	$\mu_C + \mu_F$	&	$\mu_D + \mu_E$	&	$\mu_G - \mu_D$	$\mu_G - \mu_F$	$(\mu_C + \mu_F) - (\mu_D + \mu_E)$	
CML-247	2.89	1.31	1.47	1.30	0.57	-0.10	1.43	P1
CML-254	3.19	1.31	1.17	1.30	1.19	0.23	2.02	P1
CML-258	2.58	1.31	1.78	1.30	1.00	0.65	0.81	P1
CML-273	2.17	1.30	2.19	1.31	0.59	0.66	-0.02	P2
CML-275	3.44	1.31	0.92	1.30	0.14	-1.07	2.52	P1
CML-311	2.02	1.30	2.34	1.31	0.63	0.84	-0.32	P2
CML-312	1.40	1.30	2.96	1.31	0.17	1.01	-1.57	P2
CML-313	3.22	1.31	1.14	1.30	1.24	0.25	2.09	P1
CML-315	4.30	1.31	0.06	1.30	0.99	-1.09	4.25	P1
CML-320	3.16	1.31	1.20	1.30	0.42	-0.51	1.97	P1
CML-322	2.24	1.31	2.12	1.30	-0.39	-0.40	0.13	P1
CML-240	3.04	1.31	1.32	1.30	-0.57	-1.38	1.73	P1

& Error estandar

En base en los valores de μ_G^* , CML-258, CML-311 y CML-313, son las líneas más útiles, seguidas por CML-254, CML-273 y CML-312, para mejorar el comportamiento en rendimiento de la craza simple AN1 x AN2.

Betrán *et al.* (1997a) en un estudio bajo condiciones de tres niveles de sequía y

bajo contenido de nitrógeno en el suelo, encontró que CML-258 mostró alta aptitud combinatoria general, mientras que CML-254 fue la mejor para bajo nitrógeno. González *et al.* (1997) en base a cruza dialélicas entre 10 líneas subtropicales, reportó que CML-311 y CML-313 fueron las más importantes para aptitud combinatoria general. Por su parte Misevic (1989b) evaluó 22 líneas por su potencial para mejorar un híbrido élite, encontró que 21 líneas tuvieron valores positivos de μG^* . Mientras que Zanoni y Dudley (1989a) en un estudio con 14 líneas encontraron que todas tuvieron valores positivos de μG^* para rendimiento de grano. Por lo anterior se muestra que μG^* es un estimador confiable para identificar líneas potenciales donadoras de alelos favorables. De las comparaciones de $(\mu C + \mu F)$ y $(\mu D + \mu E)$, CML-258, CML-313, CML-254, CML-247, CML-320 y CML-315, están más relacionadas a AN1 que a AN2, por lo tanto estas líneas poseen alelos comunes y entonces pueden ser utilizadas para mejorar a el progenitor AN1. Mientras que CML-311, CML-273 y CML-312, están relacionadas a AN2, por lo que estas líneas pueden ser utilizadas para mejorar a dicho progenitor, haciendo notar que CML-273 y CML-311 tienen comportamiento intermedio.

Con el objetivo de determinar si se requiere retrocruzar hacia AN1 o AN2 antes de iniciar la autofecundación, se estimaron $(\mu G^* - \mu D)$ y $(\mu G^* - \mu F)$. Las líneas CML-258, CML-311, CML-313 y CML-254, se recomiendan como padres donadores de alelos favorables de rendimiento de grano para mejorar a

AN1 o AN2, utilizando al menos una retrocruza hacia el padre donador. Es decir, CML-258 x AN1, CML-313 x AN1 y CML-254 x AN1, se deberán retrocruzar al menos en una ocasión hacia el padre donador. Posteriormente en la F_2 , se deberá autofecundar y extraer nuevas líneas con alelos favorables de rendimiento las cuales van a mejorar el progenitor AN1. Este progenitor AN1 mejorado, al ser cruzado con AN2 incrementará el potencial de rendimiento en cruzamiento que la cruce simple original. Sin embargo, CML-311 tuvo un comportamiento intermedio, es decir estuvo relacionado con ambos progenitores AN1 y AN2 por lo que se pueden retrocruzar ambos hacia la línea donadora de alelos favorables y mejorar a ambos progenitores. Mientras que, CML-273 la cual fue ubicada como quinto lugar para μG , estuvo relacionada con AN2. En este caso, se recomienda realizar autofecundación directa en la F_2 (CML-273 x AN2) y extraer nuevas líneas con alelos favorables de rendimiento para mejorar el progenitor AN2 y cuando este sea cruzado con AN1 tendrá un comportamiento superior que la cruce simple original.

Con el propósito de tener una idea más clara sobre la clasificación correcta de líneas donadoras, se procedió a realizar estimaciones de otros estadísticos (Cuadro 4.6). La línea CML-258, fue clasificada en primer lugar para μG^* , y la mayoría de los estimadores, excepto en su comportamiento *per se*. Cinco estimadores μG^* , μG , ACG, PTC y $\mu a(B+G)$ clasificaron a CML-258 como la mejor línea. Lo anterior indica que esta línea posee alta frecuencia de

alelos favorables, por lo tanto se considera un donador potencial. Mientras que CML-273 fue clasificada como quinto lugar para μG^* , y con los demás estimadores tuvo un comportamiento intermedio, sin embargo, tuvo el más alto rendimiento *per se*. Zanoni y Dudley (1989a) reportaron que Pa91, fue clasificada por (μG^* , μG , UBND, ACG y PTC) como la mejor línea con alelos favorables. Misevic (1989a,b) encontró que μG^* y PTC clasificó en primer lugar a líneas similares. Por su parte Metz (1994) reportó que PNG y NI clasificaron de manera consistente las mismas líneas comparado con μG^* .

En general la mayoría de los estimadores clasificaron a líneas similares, es decir no hubo cambio significativo en el orden del valor de cada línea; por ejemplo CML-258, siempre fue clasificada en primer lugar con todos los estimadores, mientras que la línea CML-240 fue clasificada en el último lugar con la mayoría de los estimadores. Sin embargo (μG^* , PTC y ACG) clasificaron las mismas líneas de manera más consistente, lo mismo que PTC y ACG, mientras que μG y $\mu a(B+G)$ también clasificaron líneas similares. Lo anterior está justificado por la alta correlación mostrada entre los diferentes estimadores. Estos resultados indican que los diferentes estimadores fueron capaces de detectar diferencias entre líneas donadoras en el número relativo de loci con alelos favorables para rendimiento de grano no presentes en la cruce simple élite a mejorar.

Cuadro 4.6. Clasificación 12 de líneas potenciales donadoras para mejorar AN1 x AN2.

	Per-se	®	μG^*	®	μG	®	ACG	®	NI	®
CML-247	3.916	7	1.298	7	-0.505	6	0.047	7	0.565 ²	5
CML-254	4.695	5	1.770	4	-0.225	4	0.991	4	0.230 ¹	8
CML-258	3.275	10	1.888	1	0.245	1	1.227	1	0.651 ¹	2
CML-273	6.708	1	1.738	5	-0.815	8	0.820	5	0.590 ²	4
CML-275	3.526	8	0.600	11	-1.105	11	-1.346	11	0.142 ²	10
CML-311	4.522	6	1.845	2	-0.160	2	1.040	3	0.627 ²	3
CML-312	4.831	3	1.703	6	-0.380	5	0.749	6	0.169 ²	9
CML-313	4.696	4	1.808	3	-0.190	3	1.069	2	0.252 ¹	7
CML-315	3.078	11	1.013	9	-0.580	7	-0.525	9	0.986 ²	1
CML-320	5.044	2	1.018	8	-1.065	10	-0.509	8	0.423 ²	6
CML-322	3.310	9	0.673	10	-0.978	9	-1.200	10	-0.382	11
CML-240	1.844	12	0.093	12	-1.190	12	-2.362	12	-0.562	12

	UBND	®	PTC	®	TWC	®	$\mu\text{a(B+G)}$	®	PNG	®
CML-247	4.065 ¹	7	8.221	7	8.313 ²	8	2.388	6	0.639 ¹	7
CML-254	4.710 ¹	6	9.164	4	8.934 ²	2	2.942	4	0.752 ¹	3
CML-258	5.553 ¹	3	9.400	1	8.749 ²	4	3.888	1	0.680 ¹	5
CML-273	5.559 ¹	2	8.993	5	8.403 ¹	7	1.765	8	0.616 ²	9
CML-275	2.125 ¹	11	6.827	11	7.890 ²	10	1.190	11	0.566 ¹	10
CML-311	5.716 ²	1	9.213	3	8.586 ¹	6	3.078	2	0.646 ²	6
CML-312	4.800 ²	4	8.922	6	8.753 ¹	3	2.632	5	0.709 ²	4
CML-313	4.753 ¹	5	9.242	2	8.990 ²	1	3.020	3	0.761 ¹	2
CML-315	2.078 ¹	12	7.648	9	8.734 ²	5	2.235	7	0.974 ¹	1
CML-320	3.236 ¹	10	7.664	8	8.171 ²	9	1.268	10	0.630 ¹	8
CML-322	3.464 ¹	8	6.973	10	7.366 ²	11	1.444	9	0.389 ¹	11
CML-240	3.337 ²	9	5.811	12	7.186 ²	12	1.015	12	0.123 ¹	12

® Lugar ocupado

En relación a lo anterior, se realizaron correlaciones para rendimiento de grano entre los 10 diferentes estimadores (Cuadro 4.7). Se encontró que μG^* estuvo altamente correlacionado con todos los estimadores. El coeficiente de correlación más alto ($r=1.00^{**}$) fue entre μG^* con ACG, μG^* con PTC, ACG con PTC y μG con $\mu\text{a(B+G)}$. Zanoni y Dudley (1989a) encontraron que μG^* tuvo alta correlación con UBND ($r=0.95$) y con PTC ($r=0.98$), coincidiendo con

los resultados encontrados en este estudio. Sin embargo ellos reportaron que μG^* tuvo una correlación intermedia con ACG ($r=0.73$), y baja correlación con *per se* ($r=0.55$). La alta correlación de nuestro estudio de μG^* con ACG ($r=1.00$), es debido a que las líneas utilizadas fueron desarrolladas y mejoradas para alto comportamiento en rendimiento, además fueron previamente identificadas por su buena aptitud combinatoria general (Vasal *et al.*, 1995; Córdova y Mickelson, 1995). Misevic (1989ab) encontró alta correlación promedio entre μG^* con PTC y UBND ($r=0.95$) para siete casos de híbridos a mejorar. Bernardo (1990a) reportó que NI tuvo alta correlación con μG^* , PTC y UBND, en dos casos de híbridos a mejorar. Sin embargo, en nuestro estudio estas correlaciones fueron moderadas. Metz (1994) encontró que PNG tuvo alta correlación con μG^* y NI en dos casos de híbridos a mejorar. Hohls *et al.* (1995) reportó que $\mu a(B+G)$ está fuertemente correlacionado con μG^* ($r=0.94$) y PTC ($r=0.97$), sus resultados están de acuerdo con lo encontrado en nuestro estudio. En general, en la mayoría de los casos donde la correlación entre estimadores fue importante, está de acuerdo con las correlaciones reportadas en la literatura cuando se utilizó los mismos estimadores.

La alta correlación entre los diferentes estimadores indican un alto grado de similitud en la clasificación de líneas por los diferentes estimadores. Un punto interesante es que, si existe alta correlación entre μG^* con PTC y TWC, significa que para caracteres con alelos dominantes son favorables,

entonces la evaluación de las cruzas triples podría ser menos costosa comparada con la evaluación tradicional. Además, la alta correlación entre ACG con PTC y TWC, indica que las líneas involucradas en la formación de los híbridos triples son altamente rendidoras, lo cual es una ventaja para la producción de semilla híbrida.

Cuadro 4.7. Correlaciones entre 10 estimadores de el potencial de una línea donadora para mejorar AN1 x AN2.

	μG^*	μG	ACG	NI	UBND	PTC	TWC	PNG	$\mu a(B+G)$	<i>per se</i>
μG^*		0.85**	1.00**	0.60*	0.81**	1.00**	0.88**	0.65*	0.85**	0.66*
μG			0.86**	0.51	0.68*	0.86**	0.80**	0.58*	1.00**	0.16
ACG				0.60*	0.80**	1.00**	0.88**	0.66*	0.85**	0.65*
NI					0.19	0.60*	0.73**	0.84**	0.51	0.40
UBND						0.80**	0.47	0.09	0.68*	0.53
PTC							0.88**	0.66*	0.85**	0.65*
TWC								0.88**	0.80**	0.50
PNG									0.58*	0.41
$\mu a(B+G)$										0.16
<i>per se</i>										

*, ** Significativo al 0.05 y 0.01 nivel de probabilidad.

Floración masculina y femenina

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 59.5 a 71.0 días a floración masculina, y 60.3 a 72.2 días a floración femenina. Mientras que el promedio de las líneas fue de 62.9 a 79.8 y 64.1 a 80.2 días a floración masculina y femenina respectivamente (Cuadro 4.3). El híbrido a ser mejorado tuvo una floración promedio de 62.6 días para ambas floraciones, y fue más precoz que la mayoría de las 24 cruzas de prueba identificadas para

este caso. Únicamente dos cruzas simples fueron más precoces que el híbrido a mejorar, pero tuvieron un comportamiento en rendimiento de grano inferior a el híbrido en referencia, estas cruzas involucran a una línea común CML-240, la cual tuvo un valor bajo de μG^* .

Debido a que el híbrido a mejorar fue más precoz que la mayoría de las cruzas de prueba, y además considerando que las líneas utilizadas en este caso son de madurez intermedia a tardía, no fue tan importante identificar líneas con alelos favorables para reducir los días a floración. Sin embargo, se encontraron diferencias significativas entre las cruzas de prueba con AN1 y cruzas con AN2 para días a floración masculina y femenina, las cruzas con AN2 fueron 2.8 días más precoces que cruzas con AN1, por lo tanto estas diferencias nos indicaron la posibilidad de identificar líneas con alelos favorables para precocidad (Cuadro 4.4). Por lo anterior si se desea mejorar para precocidad, se deberá adicionar alelos favorables recesivos que puedan ser expresados en el híbrido.

Únicamente cuatro líneas CML-240, CML-311, CML-258 y CML-312, mostraron valores aceptables de ($\mu D-\mu G^*$) o ($\mu F-\mu G^*$), indicando la presencia de alelos favorables recesivos en loci clase μD o μF , y que podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir los días a floración masculina y femenina, del híbrido élite a mejorar (Cuadro 4.8). La mejor línea

con la mayor cantidad de alelos recesivos favorables en loci clase μD , fue CML-240 la cual puede ser usada para mejorar a AN1. Sin embargo, esta línea tuvo el más bajo valor de μG^* , indicando su pobre comportamiento en rendimiento de grano. Mientras que CML-258 y CML-311 y CML-312, mostraron valores altos de μG^* para rendimiento de grano, además de poseer alelos favorables para precocidad.

Altura de planta y mazorca

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 200.7 a 250.2 cm, mientras que para las líneas fue de 130.6 a 183.9 cm, para altura de planta. Mientras que para altura de mazorca las cruzas tuvieron un rango de 102.2 a 136.5 cm, y 60.7 a 94.2 para las líneas (Cuadro 4.3). El híbrido a ser mejorado tuvo una altura de planta de 220.8 y 118.7 cm para mazorca, el cual fue más bajo que la mayoría de las cruzas de prueba identificadas en este caso. Sin embargo, cinco cruzas simples mostraron altura de planta y mazorca más baja que el híbrido a mejorar, pero cuatro de ellas tuvieron un comportamiento en rendimiento de grano inferior a el rendimiento del híbrido en referencia. Estas cruzas involucran a una línea común CML-240 y CML-322, las cuales mostraron los valores más bajos de μG^* para rendimiento de grano.

Debido a que el híbrido a mejorar tiene una altura de planta y mazorca aceptable, no se puso énfasis en la identificación de líneas con alelos favorables para reducir la altura de dicho híbrido. Además, no se encontró diferencias entre las cruzas de prueba con AN1 y cruzas con AN2 para altura de planta y mazorca (Cuadro 4.4). Misevic (1989b) reportó que el híbrido B73 x Mo17, fue más bajo en altura de planta que la mayoría de las cruzas evaluadas, y señaló que entre las cruzas con B73 y cruzas con Mo17 no hubo diferencias significativas.

Cinco líneas CML-240, CML-322, CML-247, CML-312 y CML-258 mostraron valores aceptables de (μD - μG^*) o (μF - μG^*), respectivamente (Cuadro 4.8). Estas líneas poseen alelos favorables recesivos en loci clase μD o μF , los cuales podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir la altura de planta y mazorca. La mejor línea con la mayor cantidad de alelos recesivos favorables en loci clase μD , fue CML-240 la cual puede ser usada para mejorar a AN1 y AN2. Sin embargo, esta línea tuvo un bajo valor de μG^* , indicando su pobre comportamiento en rendimiento de grano. Por su parte CML-312, puede usarse también para reducir la altura de planta y mazorca, y además mantener el comportamiento para rendimiento en la craza simple a mejorar. Mientras que CML-258 y CML-247, mostraron valores altos de μG^* para rendimiento de grano, además de poseer alelos favorables para reducir la altura de planta y mazorca. Misevic (1989b) evaluó

22 líneas por su potencial para reducir la altura de planta de B73 x Mo17, sus resultados mostraron que únicamente cuatro líneas mostraron valores positivos de D(F)-G, indicando la presencia de alelos favorables para baja altura de planta, sin embargo también indicó que estas líneas tuvieron bajo comportamiento en rendimiento.

Acame de raíz y tallo

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 2.0 a 39.0 por ciento y el promedio de las líneas fue de 2.1 a 31.0 por ciento, para acame de raíz. Mientras que para acame de tallo las cruzas tuvieron un rango de 0.0 a 15.0 y 0.0 a 14.9 por ciento para las líneas (Cuadro 4.3). El híbrido a ser mejorado tuvo un promedio de 20.5 por ciento para acame de raíz y tallo, mostrando mayor acame que la mayoría de las cruzas de prueba identificadas en este caso. Cuatro cruzas simples mostraron el menor acame de raíz y tallo comparadas con el híbrido a mejorar, estas cruzas tuvieron un comportamiento alto en rendimiento de grano mayor que el rendimiento del híbrido en referencia. Estas cruzas involucran a una línea común CML-258 y CML-312, las cuales tuvieron valores altos para μG^* , indicando que también poseen genes para rendimiento de grano.

Las diferencias encontradas entre las cruzas de prueba con AN1 y cruzas con AN2 para acame de raíz y tallo no fue significativa (Cuadro 4.4). El comportamiento de cruzas simples con AN1 y cruzas con AN2, fueron similares para acame de raíz, con un valor de 10.0 por ciento de acame, este valor fue 10 veces menor que el por ciento de acame de la craza simple élite a mejorar (20.8 por ciento). Mientras que los progenitores AN1 y AN2, tuvieron mayor acame de raíz (15.2 y 7.2 por ciento), respectivamente. Los bajos valores de acame de raíz de las cruzas de prueba, puede ser debido a que hubo mayor influencia de las líneas de CIMMYT. La mayoría de estas líneas fueron desarrolladas y mejoradas por esquemas de selección y una presión de selección para alta densidad de plantas, además, también han sido mejoradas bajo estrés de sequía y bajo contenido de nitrógeno en el suelo. Mientras que para acame de tallo, la diferencia entre cruzas con AN1 y AN2 no fue significativa. Las cruzas de prueba mostraron menor acame de tallo (6.6 por ciento) que la craza simple de referencia (20.3 por ciento) y que los progenitores AN1 y AN2 (13.0 por ciento).

La mayoría de las 12 líneas involucradas en este estudio mostraron alta frecuencia de alelos favorables para reducir el acame de raíz y tallo de la craza simple élite de referencia (Cuadro 4.8). Las líneas CML-312, CML-247, CML-254, CML-258 y CML-273, mostraron valores aceptables de ($\mu D-\mu G^*$) o ($\mu F-\mu G^*$). Estas líneas poseen alelos favorables recesivos en loci clase μD o

μF , los cuales podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir el acame de raíz y tallo, además de que también mostraron alelos favorables para rendimiento de grano.

Putridión de mazorca y cobertura de mazorca

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 0.8 a 16.3 por ciento, mientras que para las líneas fue de 1.7 a 24.9 por ciento, para pudrición de mazorca. Para cobertura de mazorca las cruzas tuvieron un rango de 0.0 a 35.4 y 0.0 a 15.8 por ciento para las líneas (Cuadro 4.3). El híbrido a ser mejorado tuvo 9.4 por ciento para pudrición de mazorca y 7.3 por ciento para cobertura de mazorca. Señalando que la mayoría de las cruzas de prueba mostraron valores menores para pudrición de mazorca y cobertura de mazorca que el híbrido de referencia.

No se encontró diferencia entre cruzas de prueba con AN1 y cruzas con AN2 para pudrición de mazorca, sin embargo para cobertura de mazorca fueron significativas (Cuadro 4.4). Las cruzas simples con AN2, mostraron más pudrición de mazorca que las cruzas con AN1. Pero estas cruzas de prueba tuvieron menor pudrición que el híbrido simple élite a mejorar. Mientras que los progenitores AN1 y AN2, tuvieron mayor pudrición de mazorca (24.9 y 23.1 por ciento), respectivamente. Los bajos valores de pudrición de mazorca de las

cruzas de prueba, puede ser debido a que la mayoría de las líneas de CIMMYT, mostraron bajos valores de pudrición en su comportamiento *per se*. Para cobertura de mazorca, la diferencia entre cruzas con AN1 y AN2 fue altamente significativa. Las cruzas de prueba con AN1 mostraron menos mala cobertura de mazorca que cruzas con AN2. La mayoría de las líneas involucradas registraron valores positivos para ($\mu D-\mu G^*$) o ($\mu F-\mu G^*$), indicando que poseen alta frecuencia de alelos favorables para mejorar la cobertura de mazorca, excepto la línea CML-240, la cual mostró valores negativos indicando que tiene tendencia para provocar pudrición de mazorca (Cuadro 4.8). Las líneas CML-311, CML-312, CML-258, CML-247 y CML-254, poseen alelos favorables, los cuales podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir la pudrición de mazorca. Mientras que CML-311, CML-312, CML-254 y CML-322, pueden ser utilizadas para mejorar la mala cobertura de mazorca. Todas las líneas mencionadas también mostraron alelos favorables para rendimiento de grano, excepto CML-322.

Humedad de grano

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 16.9 a 24.0 por ciento, mientras que para las líneas fue de 10.7 a 24.4 por ciento para contenido de humedad en el grano (Cuadro 4.3). El híbrido a ser mejorado tuvo un contenido de humedad de 17.6 por ciento. Únicamente una

crusa simple mostró menos humedad en el grano, pero mostro un menor rendimiento de grano que el híbrido en referencia. Esta crusa involucra a una línea CML-240, la cual tuvo un valor bajo de μG^* .

Debido a que el híbrido a mejorar mostró menos contenido de humedad en el grano comparado con la mayoría de las cruzas de prueba, no se puso énfasis en identificar líneas con alelos favorables para reducir el contenido de humedad. Las diferencias encontradas entre las cruzas de prueba con AN1 y cruzas con AN2 para contenido de humedad en el grano fue significativa. Las cruzas con AN1 mostraron 1.4 por ciento más humedad que las cruzas con AN2 (Cuadro 4.4). Estas diferencias entre híbridos y líneas, indican que genes para mayor humedad del grano son dominantes pero desfavorables. Por lo tanto el interés es adicionar alelos favorables recesivos que puedan ser expresados en el híbrido.

La mayoría de las 12 líneas involucradas en este caso, mostraron valores negativos de ($\mu D - \mu G^*$) o ($\mu F - \mu G^*$) respectivamente (Cuadro 4.8). Solamente CML-240, mostró valores positivos, indicando la presencia de alelos favorables recesivos en loci clase μD o μF , y que podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir el contenido de humedad. Sin embargo, esta línea tuvo el más bajo valor de μG , indicando su pobre comportamiento en rendimiento. Misevic (1989a) reportó que de 15 líneas

usadas para mejorar un híbrido élite, solo dos líneas fueron identificadas como donadores de alelos favorables para mejora (reducir) el contenido de humedad del grano de el híbrido a mejorar. Señaló también que la mejor línea con valor alto de D(F)-G fue la más baja para rendimiento, además mencionó que todas las líneas con alto valor de μG^* tuvieron valores negativos de D(F)-G. De acuerdo con nuestros resultados, CML-258, CML-311, CML-312 y CML-313, mostraron valores intermedios para bajo contenido de humedad, pero poseen alelos favorables para rendimiento, por lo tanto pueden ser utilizadas para incorporar nuevos alelos favorables para mejorar la cruza simple élite.

En resumen, CML-312 fue la mejor línea identificada como donador de nuevos alelos favorables para rendimiento, a pesar de que fue clasificada en el sexto lugar por los diferentes estimadores, esta línea posee alelos favorables para la mayoría las características agronómicas aquí consideradas. Mientras que CML-258 y CML-311, también fueron identificadas como líneas donadoras de alelos favorables para rendimiento y la mayoría de las características agronómicas evaluadas, sin embargo estas líneas podrían aumentar ligeramente la altura de planta del híbrido a mejorar lo cual sería desfavorable si queremos formar híbridos de porte bajo. Por su parte CML-258 fue clasificada en el primer lugar para rendimiento de grano por todos los estimadores.

Cuadro 4.8. Estimación del número relativo de loci para 12 líneas (P_w) cuando $AN1(P_1) \times AN2(P_2)$ es el híbrido a mejorar.

Floración masculina																
Líneas	μ_B		μ_C		μ_D		μ_E		μ_F		μ_G		$\mu_D-\mu_G$		$\mu_F-\mu_G$	
P_w	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	
CML-247	-4.1	4.9	0.0	4.9	-1.9	4.8	-1.9	4.8	-2.5	4.8	0.0	4.8	-1.9	-2.5		
CML-254	-1.8	4.9	-0.3	4.9	-1.6	4.8	-1.6	4.8	-2.9	4.8	0.9	4.8	-2.4	-3.8		
CML-258	-3.6	4.9	-0.8	4.9	-1.1	4.8	-1.1	4.8	-3.3	4.8	-0.2	4.8	-0.9	-3.2		
CML-273	-1.9	4.9	-0.4	4.9	-1.5	4.8	-1.5	4.8	-2.9	4.8	0.6	4.8	-2.1	-3.5		
CML-275	-3.6	4.9	-1.1	4.9	-0.8	4.8	-0.8	4.8	-3.6	4.8	0.8	4.8	-1.6	-4.3		
CML-311	-2.5	4.9	-0.4	4.9	-1.5	4.8	-1.5	4.8	-2.9	4.8	-0.9	4.8	-0.6	-2.0		
CML-312	-1.6	4.9	-0.1	4.9	-1.8	4.8	-1.8	4.8	-2.7	4.8	-0.7	4.8	-1.1	-2.0		
CML-313	-3.3	4.9	-0.3	4.9	-1.6	4.8	-1.6	4.8	-2.9	4.8	0.1	4.8	-1.6	-2.9		
CML-315	-1.4	4.9	0.3	4.9	-2.2	4.8	-2.2	4.8	-2.2	4.8	0.4	4.8	-2.6	-2.6		
CML-320	-6.5	4.9	-0.1	4.9	-1.8	4.8	-1.8	4.8	-2.7	4.8	0.5	4.8	-2.3	-3.2		
CML-322	-1.2	4.9	-0.1	4.9	-1.8	4.8	-1.8	4.8	-2.7	4.8	-0.7	4.8	-1.0	-2.0		
CML-240	-0.4	4.9	-0.4	4.9	-1.5	4.8	-1.5	4.8	-2.9	4.8	-2.9	4.8	1.4	0.0		
Floración femenina																
Líneas	μ_B		μ_C		μ_D		μ_E		μ_F		μ_G		$\mu_D-\mu_G$		$\mu_F-\mu_G$	
P_w	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	
CML-247	-4.0	5.0	-0.3	5.0	-1.8	5.0	-1.8	5.0	-2.9	5.0	-0.2	5.0	-1.6	-2.7		
CML-254	-1.8	5.0	-0.7	5.0	-1.3	5.0	-1.3	5.0	-3.3	5.0	0.6	5.0	-1.9	-3.9		
CML-258	-3.2	5.0	-1.0	5.0	-1.0	5.0	-1.0	5.0	-3.7	5.0	-0.3	5.0	-0.8	-3.4		
CML-273	-1.6	5.0	-0.5	5.0	-1.5	5.0	-1.5	5.0	-3.2	5.0	0.8	5.0	-2.3	-3.9		
CML-275	-3.1	5.0	-1.1	5.0	-0.9	5.0	-0.9	5.0	-3.8	5.0	0.8	5.0	-1.7	-4.6		
CML-311	-2.7	5.0	-0.5	5.0	-1.5	5.0	-1.5	5.0	-3.1	5.0	-0.7	5.0	-0.8	-2.4		
CML-312	-1.4	5.0	-0.2	5.0	-1.9	5.0	-1.9	5.0	-2.8	5.0	-0.7	5.0	-1.2	-2.1		
CML-313	-3.0	5.0	-0.3	5.0	-1.7	5.0	-1.7	5.0	-3.0	5.0	0.0	5.0	-1.7	-2.9		
CML-315	-1.3	5.0	0.3	5.0	-2.3	5.0	-2.3	5.0	-2.3	5.0	0.7	5.0	-3.0	-3.0		
CML-320	4.9	5.0	-0.3	5.0	-1.8	5.0	-1.8	5.0	-2.9	5.0	0.8	5.0	-2.5	-3.7		
CML-322	-1.0	5.0	-0.3	5.0	-1.7	5.0	-1.7	5.0	-3.0	5.0	-0.7	5.0	-1.0	-2.3		
CML-240	-0.7	5.0	-0.8	5.0	-1.3	5.0	-1.3	5.0	-3.4	5.0	-2.6	5.0	1.4	-0.8		
Altura de planta																
Líneas	μ_B		μ_C		μ_D		μ_E		μ_F		μ_G		$\mu_D-\mu_G$		$\mu_F-\mu_G$	
P_w	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	&	
CML-247	23.2	5.8	20.8	4.7	22.6	4.7	14.7	5.8	20.8	4.7	23.1	4.7	-0.5	-2.4		
CML-254	23.4	5.8	27.8	5.8	15.6	4.7	15.6	4.7	19.8	4.7	30.3	4.7	-14.7	-10.5		
CML-258	21.4	5.8	17.4	4.7	26.0	4.7	18.0	5.8	17.4	4.7	28.6	4.7	-2.6	-11.2		
CML-273	10.5	5.8	20.3	4.7	23.0	4.7	15.1	5.8	20.3	4.7	28.3	4.7	-5.3	-8.0		
CML-275	12.3	5.8	19.1	4.7	24.3	4.7	16.3	5.8	19.1	4.7	34.0	4.7	-9.8	-15.0		
CML-311	9.3	5.8	21.1	4.7	22.3	4.7	14.3	5.8	21.1	4.7	34.4	4.7	-12.1	-13.3		
CML-312	10.8	5.8	20.6	4.7	22.7	4.7	14.8	5.8	20.6	4.7	24.2	4.7	-1.5	-3.6		
CML-313	9.5	5.8	25.7	5.8	17.6	4.7	17.6	4.7	17.8	4.7	26.5	4.7	-8.9	-8.7		
CML-315	29.5	5.8	36.9	5.8	6.5	4.7	6.5	4.7	29.0	4.7	24.2	4.7	-17.8	4.8		
CML-320	13.3	5.8	21.4	4.7	22.0	4.7	14.0	5.8	21.4	4.7	26.2	4.7	-4.3	-4.9		
CML-322	24.8	5.8	27.4	5.8	16.0	4.7	16.0	4.7	19.4	4.7	15.1	4.7	0.9	4.3		
CML-240	12.7	5.8	19.1	4.7	24.3	4.7	16.4	5.8	19.1	4.7	14.3	4.7	10.1	4.8		

& Error estándar.

Cuadro 4.8..Continuación.....

Altura de mazorca														
Líneas														
Pw	μB	&	μC	&	μD	&	μE	&	μF	&	μG	&	μD-μG	μF-μG
CML-247	18.5	4.4	17.4	4.4	11.6	3.7	11.6	3.7	12.1	3.7	13.6	3.7	-2.0	-1.5
CML-254	6.8	4.4	11.6	3.7	17.5	3.7	12.1	4.4	11.6	3.7	20.5	3.7	-3.0	-8.9
CML-258	13.2	4.4	10.1	3.7	19.0	3.7	13.6	4.4	10.1	3.7	18.2	3.7	0.8	-8.2
CML-273	3.3	4.4	13.7	3.7	15.3	3.7	9.9	4.4	13.7	3.7	17.1	3.7	-1.8	-3.4
CML-275	1.1	4.4	14.1	3.7	14.9	3.7	9.5	4.4	14.1	3.7	17.9	3.7	-3.0	-3.8
CML-311	12.9	4.4	17.5	4.4	11.6	3.7	11.6	3.7	12.1	3.7	16.6	3.7	-5.1	-4.5
CML-312	4.6	4.4	11.8	3.7	17.3	3.7	11.9	4.4	11.8	3.7	13.3	3.7	4.0	-1.5
CML-313	4.7	4.4	13.6	3.7	15.5	3.7	10.1	4.4	13.6	3.7	18.4	3.7	-2.9	-4.8
CML-315	17.1	4.4	24.8	4.4	4.2	3.7	4.2	3.7	19.4	3.7	11.2	3.7	-6.9	8.3
CML-320	0.2	4.4	11.9	3.7	17.1	3.7	11.8	4.4	11.9	3.7	13.7	3.7	3.5	-1.8
CML-322	9.8	4.4	14.5	3.7	14.6	3.7	9.2	4.4	14.5	3.7	10.2	3.7	4.4	4.3
CML-240	3.3	4.4	11.2	3.7	17.9	3.7	12.5	4.4	11.2	3.7	9.7	3.7	8.2	1.5
Acame de raíz														
Líneas														
Pw	μB	&	μC	&	μD	&	μE	&	μF	&	μG	&	μD-μG	μF-μG
CML-247	-4.4	5.0	5.5	5.0	1.3	4.2	1.3	4.2	1.5	4.2	-5.1	4.2	6.4	6.6
CML-254	-1.4	5.0	5.4	5.0	1.4	4.2	1.4	4.2	1.4	4.2	-6.3	4.2	7.7	7.7
CML-258	-5.8	5.0	0.2	4.2	6.6	4.2	2.6	5.0	0.2	4.2	-2.1	4.2	8.8	2.3
CML-273	-4.3	5.0	3.2	4.2	3.6	4.2	-0.4	5.0	3.2	4.2	-4.9	4.2	8.5	8.1
CML-275	-13.5	5.0	-0.5	5.0	7.3	4.2	7.3	4.2	-4.5	4.2	4.6	4.2	2.8	-9.1
CML-311	-6.5	5.0	6.6	5.0	0.2	4.2	0.2	4.2	2.6	4.2	-2.2	4.2	2.4	4.8
CML-312	-2.9	5.0	2.8	4.2	4.0	4.2	0.0	5.0	2.8	4.2	-5.1	4.2	9.1	8.0
CML-313	-13.7	6.0	3.4	2.7	3.4	2.7	-4.0	7.6	6.8	7.1	1.6	5.3	1.8	5.2
CML-315	-0.5	6.0	3.4	2.7	3.4	2.7	-10.1	7.6	12.9	7.1	6.4	5.3	-3.0	6.5
CML-320	-11.4	5.0	2.6	4.2	4.3	4.2	0.2	5.0	2.6	4.2	-4.5	4.2	8.8	7.1
CML-322	-5.8	6.0	3.4	2.7	3.4	2.7	-4.9	7.6	7.7	7.1	-1.7	5.3	5.1	9.4
CML-240	-2.6	5.0	2.4	4.2	4.5	4.2	0.4	5.0	2.4	4.2	-3.0	4.2	7.5	5.4
Acame de tallo														
Líneas														
Pw	μB	&	μC	&	μD	&	μE	&	μF	&	μG	&	μD-μG	μF-μG
CML-247	0.3	3.8	0.5	2.4	2.7	2.4	3.5	3.8	0.5	2.4	-6.7	2.4	9.3	7.2
CML-254	-0.6	3.8	1.4	2.4	1.9	2.4	2.7	3.8	1.4	2.4	-7.1	2.4	8.9	8.4
CML-258	-6.0	3.8	1.9	3.8	1.4	2.4	1.4	2.4	2.7	2.4	-6.3	2.4	7.7	9.0
CML-273	0.9	3.8	2.7	3.8	0.6	2.4	0.6	2.4	3.4	2.4	-4.6	2.4	5.2	8.1
CML-275	-0.2	3.8	-0.6	3.8	3.8	2.4	3.8	2.4	0.2	2.4	-5.2	2.4	8.9	5.4
CML-311	2.2	3.8	-0.9	3.8	4.1	2.4	4.1	2.4	-0.1	2.4	-2.8	2.4	6.9	2.7
CML-312	-6.2	4.1	1.6	1.8	1.6	1.8	2.1	4.6	1.9	3.5	-7.0	2.8	8.6	8.9
CML-313	1.3	3.8	2.1	3.8	1.1	2.4	1.1	2.4	2.9	2.4	-4.1	2.4	5.2	7.0
CML-315	-0.7	3.8	2.6	3.8	0.6	2.4	0.6	2.4	3.4	2.4	-3.0	2.4	3.6	6.4
CML-320	0.9	4.1	1.6	1.8	1.6	1.8	2.3	4.6	1.8	3.5	-6.0	2.8	7.6	7.7
CML-322	-5.8	3.8	2.3	3.8	0.9	2.4	0.9	2.4	3.1	2.4	-4.5	2.4	5.4	7.6
CML-240	-3.3	4.1	1.6	1.8	1.6	1.8	2.1	4.6	1.9	3.5	-4.5	2.8	6.1	6.4

Cuadro 4.8...Continuación.....

Putrición de mazorca

Líneas															
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G	
CML-247	3.6	3.4	-3.8	3.4	-3.1	2.6	-3.1	2.6	-4.7	2.6	-6.1	2.6	3.0	1.5	
CML-254	3.8	3.4	-2.3	3.4	-4.6	2.6	-4.6	2.6	3.2	2.6	-6.9	2.6	2.3	10.1	
CML-258	2.7	3.4	-2.9	3.4	-3.9	2.6	-3.9	2.6	-3.8	2.6	-7.2	2.6	3.3	3.4	
CML-273	6.6	3.4	-0.6	3.4	-6.3	2.6	-6.3	2.6	-1.5	2.6	-3.8	2.6	-2.5	2.3	
CML-275	4.9	3.4	-1.7	3.4	-5.2	2.6	-5.2	2.6	-2.6	2.6	-6.8	2.6	1.6	4.2	
CML-311	1.5	3.4	-1.9	3.4	-4.9	2.6	-4.9	2.6	-2.8	2.6	-7.1	2.6	2.2	4.3	
CML-312	-0.8	3.4	-2.9	3.4	-4.0	2.6	-4.0	2.6	-3.8	2.6	-7.3	2.6	3.4	3.5	
CML-313	-1.3	3.4	-3.6	3.4	-3.3	2.6	-3.3	2.6	-4.5	2.6	-5.6	2.6	2.3	1.1	
CML-315	2.4	3.4	-1.9	3.4	-5.0	2.6	-5.0	2.6	-2.8	2.6	-5.3	2.6	0.3	2.5	
CML-320	3.6	3.4	-2.1	3.4	-4.7	2.6	-4.7	2.6	-3.0	2.6	-5.1	2.6	0.4	2.1	
CML-322	1.6	3.4	-2.3	3.4	-4.6	2.6	-4.6	2.6	-3.2	2.6	-5.2	2.6	0.6	2.0	
CML-240	5.3	3.4	-4.3	3.4	-2.5	2.6	-2.5	2.6	-5.2	2.6	-1.8	2.6	-0.8	-3.5	

Cobertura de mazorca

Líneas															
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G	
CML-247	4.3	5.4	1.1	2.4	1.1	2.4	-6.2	7.0	6.4	6.7	9.3	5.0	-8.3	-3.0	
CML-254	3.4	4.4	-0.6	4.4	2.7	3.9	2.7	3.9	-2.5	3.9	0.5	3.9	2.2	-3.0	
CML-258	-0.7	5.4	1.1	2.4	1.1	2.4	-5.6	7.0	5.7	6.7	2.4	5.0	-1.4	3.3	
CML-273	6.0	5.4	1.1	2.4	1.1	2.4	-5.4	7.0	5.5	6.7	11.4	5.0	-10.4	-5.9	
CML-275	1.3	5.4	1.1	2.4	1.1	2.4	-16.2	7.0	16.3	6.7	15.1	5.0	-14.1	1.2	
CML-311	-1.1	4.4	1.0	3.9	1.1	3.9	-0.9	4.4	1.0	3.9	-1.4	3.9	2.5	2.4	
CML-312	-4.8	5.4	1.1	2.4	1.1	2.4	-2.5	7.0	2.6	6.7	3.1	5.0	-2.1	-0.5	
CML-313	-2.6	5.4	1.1	2.4	1.1	2.4	-3.8	7.0	3.9	6.7	1.9	5.0	-0.8	2.0	
CML-315	2.7	4.4	0.5	3.9	1.7	3.9	-0.3	4.4	0.5	3.9	1.2	3.9	0.5	-0.7	
CML-320	8.9	4.4	0.5	3.9	1.6	3.9	-0.4	4.4	0.5	3.9	8.3	3.9	-6.7	-7.8	
CML-322	-2.4	5.4	1.1	2.4	1.1	2.4	-3.3	7.0	3.4	6.7	0.6	5.0	0.5	2.8	
CML-240	-5.9	4.4	0.8	3.9	1.3	3.9	-0.7	4.4	0.8	3.9	1.9	3.9	-0.6	-1.1	

Humedad de grano

Líneas															
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G	
CML-247	-1.1	1.6	0.0	1.6	0.9	1.4	0.9	1.4	-0.4	1.4	2.8	1.4	-1.9	-3.2	
CML-254	-0.5	1.6	0.8	1.6	0.1	1.4	0.1	1.4	0.4	1.4	1.9	1.4	-1.9	-1.5	
CML-258	-0.2	1.6	0.0	1.6	0.9	1.4	0.9	1.4	-0.4	1.4	1.7	1.4	-0.8	-2.1	
CML-273	-1.6	1.6	0.2	1.6	0.7	1.4	0.7	1.4	-0.2	1.4	1.6	1.4	-0.9	-1.8	
CML-275	0.5	1.6	0.1	1.6	0.8	1.4	0.8	1.4	-0.3	1.4	1.0	1.4	-0.2	-1.3	
CML-311	0.3	1.6	0.2	1.4	0.7	1.4	0.3	1.6	0.2	1.4	1.5	1.4	-0.8	-1.3	
CML-312	-1.7	1.6	0.1	1.4	0.8	1.4	0.4	1.6	0.1	1.4	2.1	1.4	-1.3	-2.1	
CML-313	-1.0	1.6	0.0	1.4	0.9	1.4	0.5	1.6	0.0	1.4	1.5	1.4	-0.6	-1.4	
CML-315	1.1	1.9	0.5	0.9	0.5	0.9	-0.6	2.5	1.1	2.4	2.6	1.8	-2.2	-1.5	
CML-320	3.8	1.6	0.1	1.6	0.8	1.4	0.8	1.4	-0.3	1.4	2.4	1.4	-1.5	-2.7	
CML-322	1.2	1.6	0.1	1.4	0.8	1.4	0.4	1.6	0.1	1.4	2.2	1.4	-1.5	-2.1	
CML-240	3.3	1.6	0.2	1.6	0.7	1.4	0.7	1.4	-0.2	1.4	0.3	1.4	0.4	-0.5	

Mejoramiento de 232-33-30 x 255-18-19

Rendimiento de grano

El híbrido a ser mejorado tuvo un rendimiento de 8.08 t/ha, sin embargo, de las 40 cruzas de prueba, 36 cruzas tuvieron un rendimiento superior que el híbrido a mejorar y fueron estadísticamente superiores en rendimiento comparado con 232-33-30 x 255-18-19. El comportamiento de las cruzas tuvo un rango de 5.42 a 11.95 t/ha, mientras que para las líneas fue de 1.844 a 6.954 t/ha (Cuadro 4.9). Entre las cruzas con 232-33-30 y cruzas con 255-18-19, no se encontraron diferencias significativas para rendimiento. Las cruzas con 232-33-30, tuvieron un rendimiento promedio de 0.53 t/ha más alto que las cruzas con 255-18-19 (Cuadro 4.10).

De las 20 líneas involucradas (10 tropicales, ocho subtropicales y dos de valles altos) para mejorar 232 x 255, todas tuvieron valores positivos de μG^* para rendimiento de grano (Cuadro 4.11). La línea CML-240, fue la única que tuvo valor negativo de μG^* . Esta línea fue desarrollada con un fondo genético para resistencia específica de *P. sorghi* y *E. turcicum*, más que como línea parental con superior aptitud combinatoria. Los valores más altos de μG^* , fueron registrados por tres líneas tropicales CML-264, CML-273 y CML-258, seguidas por dos líneas subtropicales CML-319 y CML-312. El valor más bajo

fue registrado por las dos líneas de valles altos CML-240 y CML-246. El bajo valor de CML-246, está de acuerdo con lo reportado por Srinivasan *et al.* (1997) donde indica que ésta línea mostró un bajo valor de aptitud combinatoria general. En general, de las líneas involucradas, siete líneas se relacionaron con 232-33-30 y ocho con 255-18-19.

Cuadro 4.9. Rendimiento de grano y características agronómicas de líneas y cruza simples para mejorar 232 x 255.

	Rend. de grano t/ha			Flor. masculina días			Flor. femenina días			Altura de planta (cm)		
	per-se	232	255	per-se	232	255	per-se	232	255	per-se	232	255
232-33-30	5.49			68.8			70.3			131.0		
255-18-19	5.07			70.0			71.0			113.7		
232-33-30			8.08			67.8			69.3			164.7
CML-247	3.92	9.85	7.02	79.2	69.0	69.5	79.8	70.0	71.0	133.9	239.5	243.0
CML-254	4.70	11.03	8.67	76.6	68.7	69.7	77.1	69.3	70.0	163.9	260.3	234.2
CML-258	3.28	10.22	11.95	78.0	67.2	69.0	78.2	68.5	70.0	148.4	248.8	252.3
CML-264	3.53	11.88	11.11	79.6	69.2	67.5	80.1	70.2	68.7	131.2	243.3	224.5
CML-271	4.72	8.65	9.20	77.2	70.7	68.5	78.1	71.8	70.0	131.2	220.8	227.2
CML-273	6.71	11.32	10.66	76.2	68.5	69.3	77.0	69.3	70.5	169.6	251.7	243.3
CML-275	3.53	9.05	8.64	79.8	68.0	69.7	80.2	68.5	70.3	177.6	264.2	266.2
CML-277	4.14	10.92	9.22	76.6	68.7	66.5	76.0	70.3	67.5	168.1	247.2	249.0
CML-278	3.88	10.08	8.01	76.6	67.5	71.5	76.9	68.0	72.3	166.9	254.3	257.2
CML-281	4.48	11.32	9.38	78.2	67.8	70.0	78.7	69.7	70.8	157.2	250.5	250.0
CML-312	4.83	10.69	10.18	73.1	67.3	66.0	73.7	69.3	67.5	160.9	242.2	239.5
CML-313	4.70	10.76	9.51	77.8	67.0	68.8	78.2	67.5	69.7	183.9	258.3	251.3
CML-314	3.66	10.75	8.85	85.2	65.3	66.8	86.7	67.3	68.2	145.9	202.2	226.8
CML-318	2.14	8.28	9.23	63.9	64.3	63.5	66.0	65.7	64.7	109.9	237.7	244.2
CML-319	6.95	10.51	11.02	73.1	68.7	67.5	72.7	69.2	68.0	160.3	259.3	235.7
CML-320	5.04	8.48	8.23	62.9	70.2	69.8	64.1	72.0	71.5	159.9	248.2	240.0
CML-321	4.81	8.72	10.37	76.0	67.7	67.3	75.9	68.8	68.3	162.7	247.8	244.2
CML-322	3.31	8.81	9.10	72.0	66.2	64.5	72.8	67.3	65.3	130.6	238.2	227.2
CML-240	1.84	6.07	5.42	66.2	61.8	63.3	68.4	65.0	66.3	137.3	209.8	223.2
CML-246	2.22	7.24	8.24	65.1	62.0	63.2	67.2	64.2	65.5	142.2	245.7	249.3
Media	3.94	9.11		73.4	66.4		74.4	67.8		146.5	238.3	
DMS(0.05)		1.54			2.1			2.1			15.3	
E. estándar	0.24	2.12		1.4	11.1		1.5	11.5		7.1	9.9	

Cuadro 4.9. Continuación.....

	Altura de mazorca			Acame de raíz			Acame de tallo			Pudrición de mazorca		
	(cm)			(%)			(%)			(%)		
	per-se	232	255	per-se	232	255	per-se	232	255	per-se	232	255
232-33-30	63.0			7.8			1.6			32.5		
255-18-19	48.8			8.0			1.1			46.2		
232-33-30			73.2			8.4			6.9			55.6
CML-247	61.6	134.2	135.2	13.9	21.3	14.3	0.0	5.8	7.1	5.6	4.8	4.5
CML-254	88.1	145.5	128.7	5.3	1.7	3.4	1.0	4.9	1.9	3.5	4.9	3.1
CML-258	70.8	135.5	142.2	14.5	5.4	23.9	11.7	0.8	3.4	5.2	5.6	4.5
CML-264	47.7	124.3	114.3	3.0	5.5	3.9	12.3	0.0	0.0	2.6	4.8	2.4
CML-271	69.6	119.7	131.0	8.1	14.5	23.1	11.1	1.9	1.6	4.1	6.7	8.3
CML-273	88.3	141.0	147.3	6.0	4.4	12.2	1.2	0.7	1.7	4.3	6.9	5.8
CML-275	94.2	141.8	160.7	51.4	26.0	35.5	2.5	4.2	5.9	1.7	3.9	4.1
CML-277	85.1	139.0	142.8	20.3	23.7	26.1	7.2	3.3	4.2	5.1	3.2	3.9
CML-278	91.8	146.8	157.8	19.0	22.2	37.2	12.0	4.2	6.1	3.4	3.3	11.2
CML-281	83.8	139.5	125.7	0.0	3.2	10.6	0.0	2.5	2.5	3.2	7.7	6.1
CML-312	78.1	119.8	119.2	2.7	3.3	8.6	11.6	0.0	1.8	11.9	8.2	5.2
CML-313	88.1	137.3	132.3	31.0	15.7	34.5	1.5	6.7	4.4	16.3	8.7	5.3
CML-314	54.0	136.0	124.0	14.7	9.3	7.3	1.0	3.2	3.3	5.6	5.8	3.7
CML-318	50.3	113.3	125.5	2.3	22.0	22.1	2.2	8.3	4.1	38.7	23.7	13.3
CML-319	73.2	137.0	121.5	10.8	15.3	9.8	0.0	0.8	2.4	15.8	8.6	17.6
CML-320	87.7	135.5	134.8	20.9	17.7	12.3	0.0	7.2	7.1	7.5	9.0	7.1
CML-321	74.7	125.7	124.8	8.5	19.4	3.1	1.8	6.3	0.8	5.9	7.9	5.8
CML-322	61.6	124.2	122.8	6.7	9.6	9.1	14.9	1.6	0.0	11.4	8.0	11.4
CML-240	73.4	108.0	127.8	6.4	6.6	9.3	11.8	5.9	5.6	10.7	16.9	14.2
CML-246	70.1	126.2	132.2	16.2	17.1	19.8	13.3	7.3	2.5	31.1	15.5	14.9
Media	69.2	128.2		12.9	13.3		6.2	5.4		15.8	9.6	
DMS(0.05)		14.6			15.0			9.2			6.1	
E. estándar	4.5	8.2		5.5	9.2		6.0	4.2		4.3	5.4	

Cuadro 4.9. Continuación.....

	Cobertura de mazorca (%)			Humedad de grano (%)		
	per-se	232	255	per-se	232	255
	232-33-30	16.4			19.6	
255-18-19	24.8			20.2		
232-33-30			21.7			19.8
CML-247	2.6	39.5	7.0	24.4	23.2	21.9
CML-254	1.3	10.7	5.0	21.4	24.0	22.1
CML-258	0.0	10.1	0.8	20.4	23.3	25.2
CML-264	4.6	6.5	6.0	19.8	23.6	21.1
CML-271	3.6	18.3	18.0	23.6	23.8	20.5
CML-273	5.0	20.9	25.0	22.9	22.2	21.0
CML-275	0.3	7.1	10.1	17.7	21.5	19.2
CML-277	6.9	4.7	4.8	18.7	23.0	20.1
CML-278	11.8	9.1	11.3	20.3	22.9	21.4
CML-281	4.3	18.3	12.6	19.2	21.8	21.2
CML-312	15.8	30.8	9.3	23.4	22.6	22.3
CML-313	6.1	7.6	7.1	20.6	21.6	20.6
CML-314	5.3	8.6	7.5	18.2	21.1	20.2
CML-318	0.0	16.8	6.2	7.3	20.0	19.1
CML-319	12.8	32.9	34.2	17.5	21.5	20.6
CML-320	1.9	19.3	14.9	13.7	21.5	22.5
CML-321	21.0	24.1	30.4	19.2	20.8	21.1
CML-322	4.4	14.4	14.7	17.9	22.3	21.1
CML-240	11.1	2.6	0.0	10.7	18.2	19.1
CML-246	6.4	11.1	11.3	18.0	20.3	20.3
Media	6.7	12.3		18.4	21.0	
DMS(0.05)		10.5			1.6	
E. estándar	3.9	8.8		1.5	3.1	

Cuadro 4.10. Medias de rendimiento de líneas a través de cruzas y la craza simple élite a mejorar.

	REND (t/ha)	FM (días)	FF (días)	APTA (cm)	AMAZ (cm)	ARA (%)	ATA (%)	PUD (%)	COB (%)	HUM (%)
Líneas x 232	9.73	67.3	68.6	243.5	131.5	13.2	3.8	8.2	15.7	22.0
Líneas x 255	9.20	67.6	68.8	241.4	132.5	16.3	3.3	7.6	11.8	21.0
232 x 255	8.08	67.8	69.3	164.7	73.2	8.4	6.9	55.6	21.7	19.8
	0.53	0.3	0.2	2.1	1.0	3.1*	0.5	0.6	3.9*	0.9

* Diferencias significativas a 0.05 entre líneas x 232 y líneas x 255 usando una prueba de t.

Cuadro 4.11. Estimación del número relativo de loci para 20 líneas (P_w) cuando 232(P1) x 255(P2) es el híbrido a mejorar.

Rendimiento de grano

Líneas												
P_w	μB	&	μC	&	μD	&	μE	&	μF	&	μG	&
CML-247	1.51	0.93	0.05	0.92	1.46	0.92	1.25	0.93	0.05	0.92	0.93	0.92
CML-254	1.84	0.93	0.17	0.92	1.34	0.92	1.13	0.93	0.17	0.92	1.65	0.92
CML-258	3.26	0.93	1.29	0.93	0.22	0.92	0.22	0.92	1.08	0.92	2.15	0.92
CML-264	3.24	0.93	0.56	0.92	0.95	0.92	0.74	0.93	0.56	0.92	2.46	0.92
CML-271	1.46	0.93	1.00	0.93	0.51	0.92	0.51	0.92	0.79	0.92	1.07	0.92
CML-273	1.39	0.93	0.59	0.92	0.92	0.92	0.71	0.93	0.59	0.92	2.21	0.92
CML-275	1.91	0.93	0.65	0.92	0.86	0.92	0.65	0.93	0.65	0.92	1.14	0.92
CML-277	2.21	0.93	0.33	0.92	1.18	0.92	0.97	0.93	0.33	0.92	1.75	0.92
CML-278	1.83	0.93	0.24	0.92	1.27	0.92	1.06	0.93	0.24	0.92	1.24	0.92
CML-281	2.18	0.93	0.27	0.92	1.24	0.92	1.03	0.93	0.27	0.92	1.89	0.92
CML-312	2.05	0.93	0.63	0.92	0.88	0.92	0.67	0.93	0.63	0.92	1.93	0.92
CML-313	1.97	0.93	0.44	0.92	1.07	0.92	0.86	0.93	0.44	0.92	1.78	0.92
CML-314	2.32	0.93	0.28	0.92	1.23	0.92	1.02	0.93	0.28	0.92	1.61	0.92
CML-318	2.67	0.93	1.10	0.93	0.41	0.92	0.41	0.92	0.89	0.92	0.99	0.92
CML-319	1.26	0.93	0.99	0.93	0.52	0.92	0.52	0.92	0.78	0.92	1.99	0.92
CML-320	0.91	0.93	0.69	0.92	0.82	0.92	0.61	0.93	0.69	0.92	0.89	0.92
CML-321	1.72	0.93	1.27	0.93	0.24	0.92	0.24	0.92	1.06	0.92	1.38	0.92
CML-322	2.18	0.93	0.93	0.93	0.58	0.92	0.58	0.92	0.72	0.92	1.09	0.92
CML-240	1.20	0.93	0.59	0.92	0.92	0.92	0.71	0.93	0.59	0.92	-0.42	0.92
CML-246	2.11	0.93	1.11	0.93	0.40	0.92	0.40	0.92	0.90	0.92	0.48	0.92

Líneas								$(\mu C + \mu F) -$
P_w	$\mu C + \mu F$	&	$\mu D + \mu E$	&	$\mu G - \mu D$	$\mu G - \mu F$	$(\mu D + \mu E)$	
CML-247	0.09	1.30	2.71	1.31	-0.53	0.89	-2.62 P2	
CML-254	0.34	1.30	2.46	1.31	0.31	1.48	-2.12 P2	
CML-258	2.37	1.31	0.43	1.30	1.94	1.07	1.94 P1	
CML-264	1.12	1.30	1.68	1.31	1.52	1.90	-0.56 P2	
CML-271	1.78	1.31	1.02	1.30	0.56	0.29	0.76 P1	
CML-273	1.18	1.30	1.63	1.31	1.29	1.62	-0.45 P2	
CML-275	1.30	1.30	1.50	1.31	0.28	0.49	-0.20 P2	
CML-277	0.66	1.30	2.15	1.31	0.57	1.42	-1.49 P2	
CML-278	0.47	1.30	2.33	1.31	-0.03	1.00	-1.86 P2	
CML-281	0.53	1.30	2.27	1.31	0.65	1.62	-1.74 P2	
CML-312	1.25	1.30	1.55	1.31	1.05	1.31	-0.30 P2	
CML-313	0.88	1.30	1.92	1.31	0.72	1.34	-1.04 P2	
CML-314	0.56	1.30	2.25	1.31	0.39	1.34	-1.69 P2	
CML-318	1.98	1.31	0.82	1.30	0.58	0.10	1.16 P1	
CML-319	1.76	1.31	1.04	1.30	1.47	1.22	0.72 P1	
CML-320	1.38	1.30	1.42	1.31	0.08	0.20	-0.04 P2	
CML-321	2.33	1.31	0.47	1.30	1.15	0.32	1.86 P1	
CML-322	1.65	1.31	1.15	1.30	0.51	0.37	0.50 P1	
CML-240	1.18	1.30	1.62	1.31	-1.33	-1.01	-0.44 P2	
CML-246	2.01	1.31	0.80	1.30	0.08	-0.42	1.21 P1	

& Error estándar

En base en los valores de μG^* , las mejores líneas para mejorar la cruce simple élite 232-33-30 x 255-18-19, son CML-264, CML-273 y CML-258. Sin embargo, CML-319, CML-312, CML-281, CML-313, CML-277, CML-254 y CML-314, también pueden ser consideradas para mejorar a dicha cruce. Vergara *et al.* (1997) en un estudio con 12 líneas con mazorca larga y 12 líneas con mazorca corta, señaló que CML-264 y CML-273, tuvieron alta aptitud combinatoria general en el grupo de líneas con mazorca larga, mientras que CML-254 fue sobresaliente en el grupo de líneas con mazorca corta. De acuerdo a la magnitud de $(\mu C + \mu F)$ y $(\mu D + \mu E)$, CML-258, CML-271, CML-319, CML-321 y CML-322, están relacionadas a 232-33-30. Mientras que CML-264, CML-273, CML-312, CML-281, CML-313, CML-277, CML-254 y CML-314, están relacionadas a 255-18-19. Las líneas mencionadas pueden ser usadas para mejorar a dichos progenitores.

Para determinar si una retrocruza hacia los progenitores 232-33-30 o 255-18-19 podría ser útil, se estimó $(\mu G^* - \mu D)$ y $(\mu G^* - \mu F)$. Para las cruces CML-264 y CML-319 con 232-33-30, y CML-273, CML-258 y CML-312 con 255-18-19, se recomienda retrocruzar hacia los padres donadores, posteriormente derivar líneas para mejorar a dichos progenitores. Sin embargo, CML-312, CML-319 y CML-273 tuvieron comportamiento intermedio, es decir se relacionaron con ambos progenitores por lo que se pueden retrocruzar hacia la línea donadora y mejorar ambos progenitores. Además, en las cruces de CML-

271 x 232-33-30, CML-275 x 255-18-19 y CML-322 x 255-18-19, aunque tuvieron un valor intermedio de μG^* , si son usadas para mejorar el comportamiento de la craza élite, se debe realizar autofecundación en la F_2 .

Para conocer si el estimador μG^* propuesto por (Dudley, 1987a) es confiable para identificar líneas donadoras, se obtuvieron estimaciones de otros estadísticos (Cuadro 4.12). CML-264 fue clasificada en primer lugar por μG^* y la mayoría de los estimadores excepto para su comportamiento *per se*. Además se ubicó en el primer lugar de acuerdo a seis estimadores μG^* , μG , ACG, UBND, PTC, y $\mu a(B+G)$. Zanoni y Dudley (1989a) encontraron resultados similares, reportaron que μG^* , μG , UBND, ACG y PTC clasificaron en primer lugar a la línea Pa91, como donador. Por lo anterior CML-264, posee alta frecuencia de alelos favorables, y es considerada como un donador potencial. Mientras que CML-312 tuvo el quinto lugar para μG^* y la mayoría de los estimadores, además tuvo el cuarto lugar para rendimiento *per se*.

La mayoría de los estimadores clasificaron a líneas de manera consistente, ya que no hubo ningún cambio significativo. Por ejemplo, CML-264 fue ubicada en primer lugar con todos los estimadores, mientras que CML-240 y CML-246 fueron ubicadas en el último lugar. Además, μG^* , ACG y PTC, clasificaron líneas idénticas, al igual que μG y $\mu a(B+G)$, y PTC con ACG, lo anterior es confirmado por la alta correlación encontrada entre ellos. Los

resultados señalan que los diferentes estimadores utilizados fueron capaces de detectar diferencias entre líneas donadoras de alelos favorables para rendimiento de grano no presentes en el híbrido élite a mejorar.

Las correlaciones entre los 10 diferentes estimadores, mostraron que μG^* estuvo altamente relacionado con todos los estimadores (Cuadro 4.13). El coeficiente de correlación más alto ($r=1.00^{**}$) fue registrado entre μG^* con ACG y PTC; ACG con PTC; y μG con $\mu a(B+G)$. Mientras que μG^* con TWC tuvo una correlación de ($r=0.97^{**}$). Sin embargo Hohls *et al.* (1995) reportó una correlación de ($r=0.82$) entre μG^* y TWC. Para el resto de las correlaciones entre estimadores, la mayoría de los casos estuvo de acuerdo con lo reportado por varios investigadores. Misevic (1989a) reportó que tres líneas superiores con respecto a UBND y PTC fueron las mismas que con μG^* , cambiando solo el orden de ubicación. En nuestro estudio, se encontró la misma tendencia entre estos estimadores lo cual está comprobado por la correlación encontrada.

La correlación entre ACG con TWC y PTC ($r=0.96^*$) significa que las líneas involucradas en las predicciones de las cruza triples son de alto comportamiento en cruzamiento además de poseer cierta ventaja en la producción de semilla híbrida. La alta correlación entre los diferentes estimadores indican alto grado de semejanza en la clasificación de líneas.

Cuadro 4.12. Clasificación de 20 líneas potenciales donadoras para mejorar 232 x 255.

	Per-se	®	μG^*	®	μG	®	ACG	®	NI	®
CML-247	3.916	12	0.930	17	-1.423	18	-1.033	17	-0.529	19
CML-254	4.695	8	1.645	9	-0.900	10	0.385	9	0.295 ²	12
CML-258	3.275	17	2.150	3	0.063	2	1.618	2	1.937 ²	1
CML-264	3.525	15	2.460	1	0.208	1	2.032	1	1.517 ²	2
CML-271	4.723	6	1.070	15	-1.378	17	-0.544	14	0.284 ¹	13
CML-273	6.708	2	2.208	2	-0.843	9	1.524	3	1.291 ²	3
CML-275	3.526	14	1.135	13	-1.120	15	-0.625	15	0.279 ²	14
CML-277	4.143	10	1.748	8	-0.660	5	0.604	8	0.568 ²	8
CML-278	3.877	12	1.235	12	-1.108	14	-0.422	12	-0.036	18
CML-281	4.476	9	1.885	6	-0.608	3	0.883	6	0.648 ²	7
CML-312	4.831	4	1.930	5	-0.650	4	0.970	5	1.051 ²	5
CML-313	4.696	7	1.780	7	-0.768	7	0.667	7	0.713 ²	6
CML-314	3.662	13	1.613	10	-0.675	6	0.334	10	0.385 ²	9
CML-318	2.135	19	0.985	16	-0.815	8	-0.713	16	0.101 ¹	15
CML-319	6.954	1	1.990	4	-1.015	12	1.300	4	1.215 ¹	4
CML-320	5.044	3	0.890	18	-1.743	19	-1.111	18	0.076 ²	17
CML-321	4.813	5	1.380	11	-1.090	13	0.078	11	0.318 ¹	11
CML-322	3.310	16	1.085	14	-1.010	11	-0.510	13	0.366 ¹	10
CML-240	1.844	20	-0.415	20	-2.248	20	-3.721	20	-1.006	20
CML-246	2.219	18	0.478	19	-1.345	16	-1.727	19	0.079 ²	16

	UBND	®	PTC	®	TWC	®	$\mu a(B+G)$	®	PNG	®
CML-247	1.950 ²	18	8.433	17	8.962 ¹	13	2.436	18	0.954 ²	1
CML-254	3.599 ²	10	9.851	9	9.556 ¹	5	3.464	10	0.906 ²	3
CML-258	4.723 ¹	5	11.084	2	10.016 ²	1	5.407	2	0.909 ¹	2
CML-264	6.042 ²	1	11.498	1	9.981 ¹	2	5.696	1	0.815 ²	9
CML-271	3.154 ¹	14	8.922	14	8.638 ²	15	2.521	17	0.677 ¹	15
CML-273	5.590 ²	2	10.990	3	9.699 ¹	4	3.597	9	0.790 ²	12
CML-275	3.552 ¹	11	8.841	15	8.562 ¹	17	3.039	15	0.636 ²	17
CML-277	4.145 ²	8	10.070	8	9.502 ¹	7	3.959	5	0.842 ²	7
CML-278	2.936 ²	16	9.044	12	9.080 ¹	12	3.066	14	0.840 ²	8
CML-281	4.304 ²	7	10.349	6	9.701 ¹	3	4.072	3	0.877 ²	4
CML-312	5.111 ²	3	10.436	5	9.385 ¹	10	3.981	4	0.755 ²	13
CML-313	4.435 ²	6	10.133	7	9.420 ¹	8	3.746	7	0.802 ²	10
CML-314	3.779 ²	9	9.800	10	9.414 ¹	9	3.929	6	0.853 ²	6
CML-318	2.787 ¹	17	8.753	16	8.653 ²	14	3.646	8	0.706 ¹	14
CML-319	5.015 ¹	4	10.766	4	9.551 ²	6	3.249	12	0.793 ¹	11
CML-320	2.987 ¹	15	8.356	18	8.280 ¹	18	1.794	19	0.563 ²	18
CML-321	3.223 ¹	13	9.544	11	9.226 ²	11	3.098	13	0.854 ¹	5
CML-322	3.318 ¹	12	8.956	13	8.591 ²	16	3.262	11	0.654 ¹	16
CML-240	0.353 ²	20	5.745	20	7.073 ¹	20	0.784	20	-0.830	20
CML-246	1.747 ¹	19	7.739	19	8.158 ²	19	2.590	16	0.546 ¹	19

® Lugar ocupado

Cuadro 4.13. Correlaciones entre 10 estimadores de el potencial de una línea donadora para mejorar 232 x 255.

	μG^*	μG	ACG	NI	UBND	PTC	TWC	PNG	$\mu a(B+G)$	<i>per se</i>
μG^*		0.87**	1.00**	0.89**	0.96**	1.00**	0.97**	0.74**	0.87**	0.59**
μG			0.87**	0.84**	0.81**	0.87**	0.87**	0.65**	1.00**	0.11
ACG				0.91**	0.96**	1.00**	0.96**	0.75**	0.87**	0.58**
NI					0.92**	0.91**	0.81**	0.54*	0.84**	0.45*
UBND						0.96**	0.87**	0.61**	0.81**	0.61**
PTC							0.96**	0.75**	0.87**	0.58**
TWC								0.80**	0.87**	0.52*
PNG									0.65**	0.44
$\mu a(B+G)$										0.11
<i>per se</i>										

*, ** Significativo al 0.05 y 0.01 nivel de probabilidad.

Floración masculina y femenina

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango para floración masculina de 61.8 a 71.5 y 62.9 a 85.2, mientras que para floración femenina fue de 64.2 a 72.3 y 64.1 a 86.7 para cruzas y líneas respectivamente (Cuadro 4.9). El híbrido a ser mejorado tuvo una floración masculina y femenina de 67.8 y 69.3 días, y fue más precoz que la mayoría de las cruzas de prueba identificadas para este caso. Doce cruzas fueron más precoces que el híbrido a mejorar, pero tuvieron un rendimiento de grano inferior que el híbrido de referencia. Dos de las cruzas precoces involucran a una línea común CML-240 y CML-246, la cual tuvo un valor bajo de μG^* .

No hubo diferencias significativas entre cruzas con 232-33-30 y cruzas con 255-18-19 para floración (Cuadro 4.10). Sin embargo, si el interés es adicionar alelos favorables recesivos que puedan ser expresados en el híbrido. Únicamente seis líneas CML-240, CML-246, CML-318, CML-322, CML-314 y CML-312 mostraron valores aceptables de ($\mu D - \mu G^*$) o ($\mu F - \mu G^*$), indicando la presencia de alelos favorables, que podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para precocidad (Cuadro 4.14). Las líneas CML-246 y CML-240 pueden ser usadas para mejorar a 255-18-19. Sin embargo, estas líneas tuvieron bajo valor de μG^* , indicando su pobre comportamiento en rendimiento. Mientras que CML-312 y CML-314, mostraron valores altos de μG^* para rendimiento, además de poseer alelos favorables para reducir los días a floración, y pueden ser usadas para mejorar ambos progenitores. Dudley *et al.* (1996) indicó que genes para precocidad son dominantes si la precocidad es deseable, por lo tanto las líneas con el valor más negativo de μG^* podría indicar la presencia de alelos favorables.

Altura de planta y mazorca

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 164.7 a 266.2 cm, y para las líneas fue de 109.9 a 183.9 cm, para altura de planta. Mientras que para altura de mazorca las cruzas tuvieron un rango de 73.2 a 160.7 cm, y 48.8 a 94.2 para las líneas (Cuadro 4.9). El híbrido a ser

mejorado tuvo baja altura de planta y mazorca de 164.7 y 73.2 cm respectivamente, que la mayoría de las cruzas de prueba en este caso. Señalando que esto fue debido a que este híbrido es genéticamente de porte bajo (braquítico), además sus líneas progenitoras son también braquíticas.

No se encontraron diferencias entre cruzas con 232-33-30 y cruzas con 255-18-19 para altura de planta y mazorca (Cuadro 4.10). Sin embargo las diferencias entre híbridos y líneas, indican que genes para mayor altura de planta y mazorca son dominantes. Por lo tanto el interés es adicionar alelos favorables recesivos que puedan ser expresados en el híbrido. Para este caso particular se puso especial énfasis en identificar líneas con alelos favorables para no incrementar la altura de planta y mazorca del híbrido a mejorar.

Las 20 líneas involucradas en este caso, todas tuvieron valores negativos de $(\mu D - \mu G^*)$ o $(\mu F - \mu G^*)$, esto era de esperarse debido a que las líneas son generalmente de altura de planta y mazorca normal, por lo tanto, al ser cruzadas con líneas braquíticas sus híbridos fueron de altura de planta y mazorca normal (Cuadro 4.14). Estos resultados muestran que genes para mayor altura de planta y mazorca son dominantes y que genes recesivos son para baja altura. Sin embargo, si deseamos mejorar la craza simple, sin aumentar considerablemente su altura de planta y mazorca, podría utilizarse CML-264 ya que mostró valores aceptables de $(\mu D - \mu G^*)$ o $(\mu F - \mu G^*)$, indicando

la presencia de alelos favorables para baja altura de planta y mazorca. Además ésta línea fue la mejor para μG^* indicando que también posee alelos favorables para rendimiento. Mientras que las líneas CML-312 y CML-271, mostraron también valores altos de μG^* para rendimiento, además de poseer alelos favorables en loci clase μD o μF para baja altura de planta y mazorca. Dudley *et al.* (1996) indicó que alelos son dominantes para mayor altura de planta y mazorca. Sin embargo los mejoradores desean plantas cortas y mazorca baja, por lo tanto alelos recesivos son favorables y la diferencia $\mu D - \mu G$ o $\mu F - \mu G$, mide el valor neto de una línea para altura de planta y mazorca.

Acame de raíz y tallo

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 1.7 a 37.2 por ciento y para las líneas fue de 0.0 a 51.4 por ciento para acame de raíz. Mientras que para acame de tallo, las cruzas tuvieron un rango de 0.0 a 8.3 y 0.0 a 14.9 por ciento para las líneas (Cuadro 4.9). El híbrido a ser mejorado tuvo 8.4 y 6.9 por ciento para acame de raíz y tallo. De las 40 cruzas de prueba identificadas en este caso, 11 cruzas simples mostraron menor acame de raíz y 35 cruzas mostraron menor acame de tallo comparadas con el híbrido a mejorar. La mayoría de estas cruzas tuvieron un comportamiento alto en rendimiento de grano, mayor que el rendimiento del híbrido en referencia.

Se detectó diferencias significativas entre cruzas con 232-33-30 y cruzas con 255-18-19 para acame de raíz, mientras que para acame de tallo no fue significativa (Cuadro 4.10). Las cruzas con 232-33-30 tuvieron 3.1 por ciento menos acame de raíz que cruzas con 255-18-19. Sin embargo, las cruzas mostraron dos veces más acame de raíz que la craza simple élite. Por el contrario, para acame de tallo, no hubo diferencias significativas entre cruzas con 232-33-30 y cruzas con 255-18-19, las cuales tuvieron dos veces menos acame de tallo que la craza simple de referencia. Los bajos valores de acame de raíz y tallo de las cruzas de prueba, puede ser debido a que hubo influencia de las líneas de CIMMYT. Generalmente, la mayoría de estas líneas fueron desarrolladas y mejoradas por esquemas de selección en los que se pone una presión de selección para alta densidad de plantas, sequía y bajo contenido de nitrógeno en el suelo.

De las 20 líneas involucradas, nueve mostraron valores positivos de μD o μF , para acame de raíz y 17 para acame de tallo, indicando que poseen alelos favorables para resistencia de acame de raíz y tallo (Cuadro 4.14). Las líneas CML-264, CML-273, CML-312 y CML-281, mostraron valores aceptables de (μD - μG^*) o (μF - μG^*), estas líneas poseen alelos favorables en loci clase μD o μF , los cuales podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir el acame de raíz y tallo. Estas líneas también mostraron alelos favorables para rendimiento de grano.

Pudrición de mazorca y cobertura de mazorca

El híbrido a ser mejorado tuvo 55.6 por ciento para pudrición de mazorca y 21.7 por ciento para cobertura de mazorca. Este híbrido mostró mayor pudrición y cobertura de mazorca que la mayoría de las cruzas de prueba. De la misma forma, las líneas progenitoras de dicho híbrido también mostraron mayor pudrición y cobertura de mazorca que las líneas de CIMMYT, involucradas en este estudio (Cuadro 4.9). No se encontró diferencias entre cruzas con 232-33-30 y cruzas con 255-18-19 para pudrición de mazorca, mientras que las diferencias para cobertura de mazorca fue significativa (Cuadro 4.10). Los bajos valores de pudrición de mazorca y cobertura de mazorca de la mayoría de las cruzas de prueba, puede ser debido a que la mayoría de las líneas de CIMMYT, mostraron bajos valores de pudrición y cobertura de mazorca en su comportamiento *per se*. Estos resultados indican la posibilidad de que genes favorables dominantes son para menor pudrición y buena cobertura de mazorca, los cuales fueron importantes en este estudio.

Todas las líneas tuvieron valores positivos de μD o μF , para pudrición de mazorca. Mientras que para cobertura de mazorca, 15 líneas tuvieron valores positivos de μD o μF . Las líneas CML-319, CML-264, CML273, CML-281 y CML-322, mostraron valores aceptables de (μD - μG^*) o (μF - μG^*), respectivamente, para menor pudrición de mazorca (Cuadro 4.14). Para

mejorar cobertura de mazorca, CML-264, CML-258, CML-273, CML-312 y CML-254 poseen alelos favorables. Las líneas mencionadas poseen alelos favorables recesivos en loci clase μD o μF , los cuales podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir la pudrición y cobertura de mazorca, además de mejorar el rendimiento de grano.

Humedad de grano

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 18.2 a 24.0 por ciento, mientras que el promedio de las líneas fue de 7.3 a 24.4 por ciento para contenido de humedad en el grano (Cuadro 4.9). El híbrido a ser mejorado tuvo una humedad de 19.8 por ciento. Este híbrido mostró menor contenido de humedad en el grano que la mayoría de las cruzas de prueba para este caso. Únicamente una cruz mostró menos humedad en el grano, pero su comportamiento en rendimiento fue inferior que el híbrido en referencia. Esta cruz involucra a una línea CML-240, la cual tuvo bajo valor de μG^* . No se encontró diferencias entre las cruzas de prueba con 232-33-30 y cruzas con 255-18-19 para contenido de humedad en el grano (Cuadro 4.10).

La mayoría de las líneas mostraron valores negativos de $(\mu D - \mu G^*)$ o $(\mu F - \mu G^*)$, respectivamente (Cuadro 4.14). Solamente tres líneas CML-240, CML-246 y CML-275 mostraron valores aceptables, indicando la presencia de

alelos favorables recesivos en loci clase μD o μF , que podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir el contenido de humedad en el híbrido élite. La mejor línea con alelos recesivos favorables fue CML-275 la cual puede ser usada para mejorar a ambos progenitores. Sin embargo, CML-264, CML-273, CML-258, CML-312 y CML-319, tuvieron valores intermedios para contenido de humedad en el grano, además de que también poseen altos valores de μG^* para rendimiento, por lo tanto pueden ser utilizadas para incorporar alelos favorables para mejorar la cruce simple élite.

En conclusión, CML-264 fue la mejor línea identificada como donador superior de nuevos alelos favorables, seguida por CML-312, las cuales pueden usarse como donadoras de alelos para rendimiento y la mayoría de las características agronómicas. Mientras que CML-273, es otra línea donadora de alelos para rendimiento y otras características agronómicas sin embargo, podría aumentar ligeramente la altura de planta y mazorca de el híbrido a mejorar lo cual sería desfavorable si queremos formar híbridos de porte bajo. El uso de CML-264 y CML-273 como donadores de alelos favorables para mejorar el comportamiento del híbrido, ofrece una ventaja comparativa que la alternativa de cada característica por si sola ya que CML-264 x CML-273 es una cruce altamente heterótica y a la vez de muy buena aptitud combinatoria general (Córdova y Mickelson, 1995), el análisis de loci realizado comprueba lo antes indicado.

Cuadro 4.14. Estimación del número relativo de loci para 20 líneas (P_w) cuando $232(P_1) \times 255(P_2)$ es el híbrido a mejorar.

Floración masculina														
Líneas														
P_w	μB	&	μC	&	μD	&	μE	&	μF	&	μG	&	$\mu D-\mu G$	$\mu F-\mu G$
CML-247	-4.7	4.9	-0.7	4.9	-0.4	4.8	-0.4	4.8	-0.1	4.8	0.5	4.8	-0.8	-0.6
CML-254	-3.5	4.9	-0.6	4.9	-0.5	4.8	-0.5	4.8	0.0	4.8	0.4	4.8	-0.9	-0.4
CML-258	-4.7	4.9	-0.4	4.9	-0.7	4.8	-0.7	4.8	0.2	4.8	-0.1	4.8	-0.6	0.3
CML-264	-5.4	4.9	-1.3	4.9	0.2	4.8	0.2	4.8	-0.7	4.8	0.0	4.8	0.1	-0.7
CML-271	-3.5	4.9	-1.4	4.9	0.3	4.8	0.3	4.8	-0.8	4.8	0.6	4.8	-0.4	-1.4
CML-273	-3.4	4.9	-0.6	4.9	-0.5	4.8	-0.5	4.8	0.0	4.8	0.3	4.8	-0.7	-0.3
CML-275	-5.2	4.9	-0.4	4.9	-0.7	4.8	-0.7	4.8	0.2	4.8	0.3	4.8	-0.9	-0.1
CML-277	-4.3	4.9	-1.4	4.9	0.3	4.8	0.3	4.8	-0.8	4.8	-0.4	4.8	0.6	-0.4
CML-278	-4.0	6.3	-0.5	2.8	-0.5	2.8	-2.0	8.4	1.5	8.3	1.3	6.2	-1.8	0.2
CML-281	-4.4	4.9	-0.3	4.9	-0.8	4.8	-0.8	4.8	0.3	4.8	0.3	4.8	-1.1	0.0
CML-312	-3.0	4.9	-1.2	4.9	0.1	4.8	0.1	4.8	-0.6	4.8	-0.8	4.8	0.9	0.3
CML-313	-4.7	4.9	-0.4	4.9	-0.7	4.8	-0.7	4.8	0.2	4.8	-0.2	4.8	-0.5	0.4
CML-314	-9.3	4.9	-0.5	4.9	-0.6	4.8	-0.6	4.8	0.1	4.8	-1.1	4.8	0.5	1.3
CML-318	0.3	4.9	-1.0	4.9	0.0	4.8	0.0	4.8	-0.5	4.8	-2.2	4.8	2.2	1.8
CML-319	-2.3	4.9	-1.1	4.9	0.0	4.8	0.0	4.8	-0.5	4.8	-0.1	4.8	0.1	-0.4
CML-320	3.8	4.9	-0.9	4.9	-0.2	4.8	-0.2	4.8	-0.3	4.8	0.8	4.8	-1.0	-1.2
CML-321	-4.0	4.9	-0.9	4.9	-0.2	4.8	-0.2	4.8	-0.3	4.8	-0.4	4.8	0.3	0.1
CML-322	-3.1	4.9	-1.3	4.9	0.2	4.8	0.2	4.8	-0.7	4.8	-1.5	4.8	1.6	0.8
CML-240	-1.6	4.9	-0.5	4.9	-0.6	4.8	-0.6	4.8	0.1	4.8	-2.9	4.8	2.3	3.0
CML-246	-1.0	4.9	-0.5	4.9	-0.6	4.8	-0.6	4.8	0.1	4.8	-2.9	4.8	2.3	2.9

Floración femenina														
Líneas														
P_w	μB	&	μC	&	μD	&	μE	&	μF	&	μG	&	$\mu D-\mu G$	$\mu F-\mu G$
CML-247	-4.4	5.0	-0.3	5.0	-0.5	5.0	-0.5	5.0	0.0	5.0	0.3	5.0	-0.8	-0.3
CML-254	-3.5	5.0	-0.4	5.0	-0.4	5.0	-0.4	5.0	-0.1	5.0	-0.1	5.0	-0.3	0.0
CML-258	-4.2	5.0	-0.2	5.0	-0.6	5.0	-0.6	5.0	0.1	5.0	-0.3	5.0	-0.4	0.4
CML-264	-5.1	5.0	-1.0	5.0	0.1	5.0	0.1	5.0	-0.6	5.0	-0.2	5.0	0.3	-0.5
CML-271	-3.3	5.0	-1.0	5.0	0.2	5.0	0.2	5.0	-0.7	5.0	0.5	5.0	-0.3	-1.2
CML-273	-3.3	5.0	-0.3	5.0	-0.5	5.0	-0.5	5.0	0.0	5.0	0.0	5.0	-0.6	0.0
CML-275	-5.1	5.0	-0.1	5.0	-0.7	5.0	-0.7	5.0	0.2	5.0	-0.2	5.0	-0.5	0.4
CML-277	-3.3	5.0	-1.3	5.0	0.5	5.0	0.5	5.0	-1.0	5.0	-0.5	5.0	0.9	-0.5
CML-278	-4.0	6.5	-0.4	2.9	-0.4	2.9	-2.2	8.7	1.7	8.6	1.1	6.4	-1.5	0.7
CML-281	-4.0	5.0	-0.3	5.0	-0.5	5.0	-0.5	5.0	0.0	5.0	0.2	5.0	-0.7	-0.2
CML-312	-2.4	5.0	-1.0	5.0	0.2	5.0	0.2	5.0	-0.7	5.0	-0.7	5.0	0.9	0.0
CML-313	-4.5	5.0	0.0	5.0	-0.8	5.0	-0.8	5.0	0.3	5.0	-0.6	5.0	-0.2	0.9
CML-314	-9.2	5.0	-0.4	5.0	-0.5	5.0	-0.5	5.0	0.0	5.0	-1.0	5.0	0.6	1.0
CML-318	-0.2	5.0	-0.8	5.0	0.0	5.0	0.0	5.0	-0.5	5.0	-2.3	5.0	2.3	1.8
CML-319	-1.8	5.0	-0.9	5.0	0.0	5.0	0.0	5.0	-0.5	5.0	-0.6	5.0	0.6	0.1
CML-320	4.1	5.0	-0.7	5.0	-0.1	5.0	-0.1	5.0	-0.4	5.0	1.0	5.0	-1.1	-1.3
CML-321	-3.4	5.0	-0.7	5.0	-0.1	5.0	-0.1	5.0	-0.4	5.0	-0.6	5.0	0.5	0.3
CML-322	-3.0	5.0	-1.1	5.0	0.3	5.0	0.3	5.0	-0.8	5.0	-1.8	5.0	2.0	1.0
CML-240	-1.1	5.0	-0.3	5.0	-0.6	5.0	-0.6	5.0	0.1	5.0	-2.1	5.0	1.5	2.2
CML-246	-0.9	5.0	-0.3	5.0	-0.6	5.0	-0.6	5.0	0.1	5.0	-2.5	5.0	1.9	2.6

Cuadro 4.14...Continuación.....

Altura de planta

Líneas														
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G
CML-247	45.3	5.8	18.0	5.8	7.5	4.7	7.5	4.7	9.3	4.7	46.7	4.7	-39.2	-37.4
CML-254	28.9	5.8	6.2	4.7	19.3	4.7	10.6	5.8	6.2	4.7	54.0	4.7	-34.8	-47.8
CML-258	42.7	5.8	18.0	5.8	7.5	4.7	7.5	4.7	9.3	4.7	54.4	4.7	-46.8	-45.1
CML-264	38.6	5.8	8.0	4.7	17.5	4.7	8.8	5.8	8.0	4.7	47.4	4.7	-29.9	-39.3
CML-271	38.0	5.8	18.7	5.8	6.8	4.7	6.8	4.7	10.0	4.7	38.1	4.7	-31.3	-28.1
CML-273	26.2	5.8	10.7	4.7	14.9	4.7	6.2	5.8	10.7	4.7	54.2	4.7	-39.3	-43.5
CML-275	35.4	5.8	17.6	5.8	7.9	4.7	7.9	4.7	8.9	4.7	58.7	4.7	-50.8	-49.8
CML-277	31.6	5.8	17.5	5.8	8.0	4.7	8.0	4.7	8.9	4.7	50.1	4.7	-42.2	-41.3
CML-278	36.0	5.8	17.8	5.8	7.7	4.7	7.7	4.7	9.2	4.7	54.0	4.7	-46.3	-44.8
CML-281	33.8	5.8	12.6	4.7	12.9	4.7	4.2	5.8	12.6	4.7	55.5	4.7	-42.7	-42.9
CML-312	27.2	5.8	12.1	4.7	13.4	4.7	4.8	5.8	12.1	4.7	50.8	4.7	-37.4	-38.8
CML-313	22.7	5.8	11.0	4.7	14.5	4.7	5.8	5.8	11.0	4.7	57.8	4.7	-43.3	-46.8
CML-314	25.9	5.8	23.2	5.8	2.3	4.7	2.3	4.7	14.6	4.7	33.3	4.7	-31.1	-18.8
CML-318	57.1	5.8	18.7	5.8	6.8	4.7	6.8	4.7	10.1	4.7	46.6	4.7	-39.8	-36.5
CML-319	30.8	5.8	6.9	4.7	18.7	4.7	10.0	5.8	6.9	4.7	54.2	4.7	-35.5	-47.3
CML-320	29.4	5.8	10.7	4.7	14.8	4.7	6.1	5.8	10.7	4.7	52.5	4.7	-37.7	-41.8
CML-321	28.9	5.8	11.9	4.7	13.7	4.7	5.0	5.8	11.9	4.7	53.4	4.7	-39.8	-41.6
CML-322	38.3	5.8	10.0	4.7	15.5	4.7	6.8	5.8	10.0	4.7	46.8	4.7	-31.3	-36.8
CML-240	31.2	5.8	20.4	5.8	5.1	4.7	5.1	4.7	11.8	4.7	34.3	4.7	-29.3	-22.6
CML-246	44.2	5.8	18.0	5.8	7.5	4.7	7.5	4.7	9.3	4.7	49.8	4.7	-42.3	-40.5

Altura de mazorca

Líneas														
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G
CML-247	34.0	4.4	9.9	4.4	2.3	3.7	2.3	3.7	2.8	3.7	33.3	3.7	-31.0	-30.5
CML-254	18.4	4.4	1.9	3.7	10.3	3.7	3.2	4.4	1.9	3.7	38.1	3.7	-27.8	-36.2
CML-258	31.5	4.4	11.3	4.4	0.9	3.7	0.9	3.7	4.2	3.7	35.4	3.7	-34.5	-31.2
CML-264	29.7	4.4	3.6	3.7	8.6	3.7	1.5	4.4	3.6	3.7	29.2	3.7	-20.6	-25.6
CML-271	19.0	5.2	6.1	2.3	6.1	2.3	-6.7	6.7	11.8	6.3	35.0	4.7	-28.9	-23.3
CML-273	25.4	4.4	11.2	4.4	1.0	3.7	1.0	3.7	4.1	3.7	38.0	3.7	-37.1	-33.9
CML-275	17.7	5.2	6.1	2.3	6.1	2.3	-10.5	6.7	15.6	6.3	49.9	4.7	-43.8	-34.3
CML-277	25.4	4.4	10.6	4.4	1.6	3.7	1.6	3.7	3.5	3.7	36.4	3.7	-34.8	-32.9
CML-278	21.4	5.2	6.1	2.3	6.1	2.3	-6.5	6.7	11.6	6.3	48.4	4.7	-42.3	-36.8
CML-281	18.3	4.4	2.6	3.7	9.6	3.7	2.5	4.4	2.6	3.7	35.8	3.7	-26.3	-33.2
CML-312	14.6	4.4	5.9	3.7	6.3	3.7	-0.8	4.4	5.9	3.7	29.3	3.7	-23.0	-23.3
CML-313	17.3	4.4	4.8	3.7	7.3	3.7	0.2	4.4	4.8	3.7	36.9	3.7	-29.6	-32.1
CML-314	31.9	4.4	3.1	3.7	9.1	3.7	2.0	4.4	3.1	3.7	34.5	3.7	-25.4	-31.4
CML-318	25.4	5.2	6.1	2.3	6.1	2.3	-7.1	6.7	12.2	6.3	32.3	4.7	-26.2	-20.1
CML-319	21.9	4.4	2.2	3.7	10.0	3.7	2.9	4.4	2.2	3.7	34.1	3.7	-24.2	-31.9
CML-320	17.6	4.4	5.9	3.7	6.3	3.7	-0.8	4.4	5.9	3.7	37.1	3.7	-30.8	-31.2
CML-321	19.2	4.4	5.9	3.7	6.3	3.7	-0.8	4.4	5.9	3.7	32.1	3.7	-25.8	-26.3
CML-322	24.9	4.4	5.8	3.7	6.4	3.7	-0.7	4.4	5.8	3.7	31.3	3.7	-24.8	-25.5
CML-240	11.2	5.2	6.1	2.3	6.1	2.3	-10.9	6.7	16.0	6.3	33.4	4.7	-27.3	-17.4
CML-246	27.0	4.4	11.2	4.4	1.0	3.7	1.0	3.7	4.0	3.7	30.6	3.7	-29.5	-26.5

Cuadro 4.14...Continuación.....

Acame de raíz

Líneas														
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G
CML-247	1.8	5.0	-1.7	5.0	1.9	4.2	1.9	4.2	-1.6	4.2	4.9	4.2	-3.0	-6.5
CML-254	-1.9	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-0.7	7.6	0.9	7.1	-0.2	5.3	0.3	1.2
CML-258	-4.7	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-9.1	7.6	9.3	7.1	7.9	5.3	-7.8	1.5
CML-264	0.7	5.0	-0.4	5.0	0.5	4.2	0.5	4.2	-0.3	4.2	-1.7	4.2	2.2	1.5
CML-271	3.1	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-4.1	7.6	4.4	7.1	7.5	5.3	-7.4	-3.1
CML-273	-0.9	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-3.7	7.6	4.0	7.1	2.0	5.3	-1.9	2.0
CML-275	-12.8	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-4.6	7.6	4.9	7.1	13.7	5.3	-13.6	-8.8
CML-277	1.6	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-1.0	7.6	1.3	7.1	9.0	5.3	-8.9	-7.7
CML-278	1.5	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-7.3	7.6	7.6	7.1	14.5	5.3	-14.4	-6.9
CML-281	1.5	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-3.5	7.6	3.8	7.1	1.2	5.3	-1.1	2.6
CML-312	0.2	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-2.5	7.6	2.8	7.1	0.2	5.3	-0.1	2.6
CML-313	-7.8	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-9.2	7.6	9.5	7.1	13.2	5.3	-13.1	-3.7
CML-314	-3.4	5.0	-0.5	5.0	0.6	4.2	0.6	4.2	-0.4	4.2	0.1	4.2	0.5	-0.5
CML-318	9.8	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	0.1	7.6	0.2	7.1	7.0	5.3	-6.9	-6.8
CML-319	0.7	5.0	-1.3	5.0	1.5	4.2	1.5	4.2	-1.2	4.2	2.2	4.2	-0.7	-3.5
CML-320	-3.1	5.0	-1.3	5.0	1.5	4.2	1.5	4.2	-1.2	4.2	3.5	4.2	-2.0	-4.7
CML-321	1.2	5.0	-4.0	5.0	4.2	4.2	4.2	4.2	-3.9	4.2	1.6	4.2	2.7	-5.5
CML-322	1.2	5.0	-0.1	5.0	0.3	4.2	0.3	4.2	0.0	4.2	0.6	4.2	-0.4	-0.6
CML-240	0.0	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-1.2	7.6	1.5	7.1	0.6	5.3	-0.5	0.9
CML-246	0.3	6.0	0.1	2.7	0.1	2.7	-1.2	7.6	1.4	7.1	5.8	5.3	-5.7	-4.4

Acame de tallo

Líneas														
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G
CML-247	1.9	3.8	1.9	3.8	1.0	2.4	1.0	2.4	1.7	2.4	1.1	2.4	-0.1	0.6
CML-254	-0.3	3.8	0.7	2.4	2.2	2.4	2.0	3.8	0.7	2.4	-0.3	2.4	2.5	1.0
CML-258	-6.1	3.8	2.2	3.8	0.7	2.4	0.7	2.4	2.0	2.4	-1.1	1.4	1.8	3.1
CML-264	-7.5	3.8	1.6	3.8	1.3	2.4	1.3	2.4	1.3	2.4	-2.1	2.4	3.5	3.5
CML-271	-6.1	3.8	1.4	2.4	1.5	2.4	1.3	3.8	1.4	2.4	-1.1	2.4	2.7	2.5
CML-273	-1.3	3.8	1.8	3.8	1.1	2.4	1.1	2.4	1.6	2.4	-1.5	2.4	2.6	3.1
CML-275	-0.1	3.8	2.0	3.8	0.9	2.4	0.9	2.4	1.8	2.4	0.4	2.4	0.5	1.4
CML-277	-3.1	3.8	1.8	3.8	1.1	2.4	1.1	2.4	1.6	2.4	-0.3	2.4	1.4	1.8
CML-278	-4.8	3.8	2.1	3.8	0.9	2.4	0.9	2.4	1.8	2.4	0.4	2.4	0.4	1.4
CML-281	-0.1	3.8	1.6	3.8	1.3	2.4	1.3	2.4	1.3	2.4	-0.9	2.4	2.2	2.2
CML-312	-6.7	3.8	2.0	3.8	0.9	2.4	0.9	2.4	1.8	2.4	-1.7	2.4	2.6	3.5
CML-313	0.6	3.8	0.9	2.4	2.0	2.4	1.8	3.8	0.9	2.4	0.8	2.4	1.3	0.1
CML-314	-0.2	3.8	1.6	3.8	1.3	2.4	1.3	2.4	1.4	2.4	-0.5	2.4	1.8	1.9
CML-318	0.6	3.8	0.4	2.4	2.5	2.4	2.3	3.8	0.4	2.4	1.1	2.4	1.4	-0.7
CML-319	-0.5	3.8	2.0	3.8	0.9	2.4	0.9	2.4	1.7	2.4	-1.3	2.4	2.3	3.1
CML-320	2.1	3.8	1.4	2.4	1.5	2.4	1.2	3.8	1.4	2.4	1.6	2.4	-0.1	-0.2
CML-321	-0.6	3.8	0.1	2.4	2.8	2.4	2.6	3.8	0.1	2.4	-0.2	2.4	3.1	0.3
CML-322	-8.5	3.8	1.1	2.4	1.9	2.4	1.6	3.8	1.1	2.4	-1.6	2.4	3.5	2.7
CML-240	-4.5	3.8	1.4	2.4	1.5	2.4	1.3	3.8	1.4	2.4	0.9	2.4	0.7	0.5
CML-246	-5.7	3.8	0.3	2.4	2.7	2.4	2.4	3.8	0.3	2.4	0.5	2.4	2.2	-0.2

Cuadro 4.14...Continuación.....

Pudrición de mazorca

Líneas														
Pw	µB	&	µC	&	µD	&	µE	&	µF	&	µG	&	µD-µG	µF-µG
CML-247	-2.8	3.4	2.3	2.6	2.4	2.6	9.3	3.4	2.3	2.6	-23.1	2.6	25.5	25.4
CML-254	-2.1	3.4	1.9	2.6	2.8	2.6	9.7	3.4	1.9	2.6	-23.5	2.6	26.2	25.3
CML-258	-2.4	3.4	2.1	2.6	2.6	2.6	9.5	3.4	2.1	2.6	-22.9	2.6	25.6	25.0
CML-264	-1.8	3.4	1.7	2.6	2.9	2.6	9.8	3.4	1.7	2.6	-23.7	2.6	26.6	25.4
CML-271	-1.0	3.9	2.3	1.7	2.3	1.7	8.4	4.7	3.2	4.2	-21.3	3.2	23.6	24.5
CML-273	-1.3	3.4	2.1	2.6	2.6	2.6	9.5	3.4	2.1	2.6	-22.3	2.6	24.9	24.3
CML-275	-1.2	3.9	2.3	1.7	2.3	1.7	9.1	4.7	2.4	4.2	-23.4	3.2	25.7	25.8
CML-277	-3.3	3.9	2.3	1.7	2.3	1.7	8.8	4.7	2.7	4.2	-23.5	3.2	25.8	26.2
CML-278	-2.4	3.9	2.3	1.7	2.3	1.7	5.3	4.7	6.3	4.2	-19.9	3.2	22.2	26.1
CML-281	-0.5	3.4	1.9	2.6	2.8	2.6	9.6	3.4	1.9	2.6	-22.0	2.6	24.8	23.9
CML-312	-4.9	3.4	1.6	2.6	3.1	2.6	10.0	3.4	1.6	2.6	-22.1	2.6	25.2	23.7
CML-313	-7.0	3.4	1.5	2.6	3.2	2.6	10.1	3.4	1.5	2.6	-22.0	2.6	25.1	23.5
CML-314	-2.8	3.4	1.8	2.6	2.9	2.6	9.7	3.4	1.8	2.6	-23.1	2.6	26.0	24.9
CML-318	-15.9	3.4	-3.7	3.4	8.4	2.6	8.4	2.6	3.2	2.6	-12.8	2.6	21.2	15.9
CML-319	-5.9	3.9	2.3	1.7	2.3	1.7	4.7	4.7	6.8	4.2	-16.7	3.2	19.0	23.5
CML-320	-2.1	3.4	1.9	2.6	2.8	2.6	9.7	3.4	1.9	2.6	-21.4	2.6	24.2	23.3
CML-321	-1.9	3.4	1.8	2.6	2.9	2.6	9.7	3.4	1.8	2.6	-22.0	2.6	24.9	23.8
CML-322	-4.0	3.9	2.3	1.7	2.3	1.7	7.5	4.7	4.0	4.2	-19.8	3.2	22.1	23.8
CML-240	0.1	3.4	1.7	2.6	3.0	2.6	9.9	3.4	1.7	2.6	-17.7	2.6	20.7	19.3
CML-246	-10.3	3.4	2.2	2.6	2.5	2.6	9.4	3.4	2.2	2.6	-17.9	2.6	20.4	20.0

Cobertura de mazorca

Líneas														
Pw	µB	&	µC	&	µD	&	µE	&	µF	&	µG	&	µD-µG	µF-µG
CML-247	9.0	4.4	-11.0	4.4	9.5	3.9	9.5	3.9	-6.8	3.9	2.1	3.9	7.4	-8.9
CML-254	2.0	4.4	-4.3	4.4	2.8	3.9	2.8	3.9	-0.1	3.9	-5.6	3.9	8.4	5.5
CML-258	1.4	4.4	-5.2	4.4	3.7	3.9	3.7	3.9	-1.0	3.9	-6.8	3.9	10.5	5.8
CML-264	-0.5	4.4	-3.0	4.4	1.5	3.9	1.5	3.9	1.2	3.9	-6.4	3.9	7.9	7.6
CML-271	6.0	4.4	-2.9	4.4	1.4	3.9	1.4	3.9	1.3	3.9	-0.5	3.9	1.9	1.7
CML-273	8.7	5.4	-0.8	2.4	-0.8	2.4	1.4	7.0	1.3	6.7	0.9	5.0	-1.6	0.4
CML-275	2.8	4.4	-2.1	4.4	0.6	3.9	0.6	3.9	2.1	3.9	-5.2	3.9	5.8	7.3
CML-277	-2.4	4.4	-2.8	4.4	1.3	3.9	1.3	3.9	1.4	3.9	-7.2	3.9	8.5	8.5
CML-278	-2.1	4.4	-2.3	4.4	0.8	3.9	0.8	3.9	1.9	3.9	-4.4	3.9	5.2	6.3
CML-281	4.3	4.4	-4.3	4.4	2.8	3.9	2.8	3.9	-0.1	3.9	-1.8	3.9	4.6	1.7
CML-312	0.8	4.4	-8.2	4.4	6.7	3.9	6.7	3.9	-4.0	3.9	0.5	3.9	6.2	-4.5
CML-313	-0.7	4.4	-3.0	4.4	1.5	3.9	1.5	3.9	1.2	3.9	-5.9	3.9	7.3	7.1
CML-314	0.0	4.4	-3.2	4.4	1.6	3.9	1.6	3.9	1.1	3.9	-5.5	3.9	7.1	6.6
CML-318	4.4	4.4	-5.5	4.4	4.0	3.9	4.0	3.9	-1.3	3.9	-3.8	3.9	7.8	2.5
CML-319	9.1	4.4	-2.6	4.4	1.0	3.9	1.0	3.9	1.7	3.9	7.3	3.9	-6.3	-5.6
CML-320	6.3	4.4	-4.0	4.4	2.4	3.9	2.4	3.9	0.2	3.9	-1.0	3.9	3.4	1.2
CML-321	2.3	5.4	-0.8	2.4	-0.8	2.4	0.3	7.0	2.4	6.7	3.6	5.0	-4.3	-1.2
CML-322	3.8	4.4	-2.8	4.4	1.3	3.9	1.3	3.9	1.4	3.9	-2.3	3.9	3.5	3.7
CML-240	-6.2	4.4	-3.5	4.4	2.0	3.9	2.0	3.9	0.7	3.9	-8.9	3.9	10.9	9.6
CML-246	1.1	4.4	-2.8	4.4	1.3	3.9	1.3	3.9	1.4	3.9	-3.9	3.9	5.2	5.3

Cuadro 4.14..Continuación.....

Humedad de grano

Líneas														
Pw	μB	&	μC	&	μD	&	μE	&	μF	&	μG	&	$\mu D-\mu G$	$\mu F-\mu G$
CML-247	-1.0	1.6	-0.6	1.6	0.4	1.4	0.4	1.4	-0.3	1.4	1.4	1.4	-1.1	-1.7
CML-254	0.8	1.6	-0.7	1.6	0.5	1.4	0.5	1.4	-0.4	1.4	1.7	1.4	-1.2	-2.1
CML-258	1.6	1.9	-0.1	0.9	-0.1	0.9	-0.8	2.5	0.9	2.4	2.6	1.8	-2.7	-1.8
CML-264	1.2	1.6	-0.9	1.6	0.7	1.4	0.7	1.4	-0.6	1.4	1.3	1.4	-0.7	-1.9
CML-271	-1.5	1.9	-0.1	0.9	-0.1	0.9	-0.7	2.5	0.8	2.4	1.1	1.8	-1.2	-0.4
CML-273	-0.7	1.6	-0.6	1.6	0.3	1.4	0.3	1.4	-0.3	1.4	1.0	1.4	-0.6	-1.2
CML-275	1.3	1.6	-0.8	1.6	0.6	1.4	0.6	1.4	-0.5	1.4	0.3	1.4	0.3	-0.9
CML-277	1.4	1.6	-1.0	1.6	0.8	1.4	0.8	1.4	-0.7	1.4	0.9	1.4	-0.2	-1.6
CML-278	0.9	1.6	-0.6	1.6	0.4	1.4	0.4	1.4	-0.3	1.4	1.2	1.4	-0.8	-1.6
CML-281	1.1	1.6	-0.4	1.6	0.2	1.4	0.2	1.4	-0.1	1.4	0.9	1.4	-0.7	-1.0
CML-312	-0.5	1.6	-0.3	1.6	0.1	1.4	0.1	1.4	0.0	1.4	1.4	1.4	-1.3	-1.4
CML-313	0.2	1.6	-0.5	1.6	0.3	1.4	0.3	1.4	-0.2	1.4	0.7	1.4	-0.4	-0.9
CML-314	1.2	1.6	-0.5	1.6	0.3	1.4	0.3	1.4	-0.2	1.4	0.5	1.4	-0.2	-0.7
CML-318	4.2	1.6	-0.5	1.6	0.3	1.4	0.3	1.4	-0.2	1.4	-0.1	1.4	0.3	-0.1
CML-319	1.7	1.6	-0.5	1.6	0.3	1.4	0.3	1.4	-0.2	1.4	0.7	1.4	-0.4	-0.9
CML-320	4.0	1.9	-0.1	0.9	-0.1	0.9	-0.3	2.5	0.4	2.4	1.3	1.8	-1.4	-0.9
CML-321	0.8	1.6	-0.2	1.6	0.0	1.4	0.0	1.4	0.1	1.4	0.6	1.4	-0.7	-0.5
CML-322	1.9	1.6	-0.6	1.6	0.3	1.4	0.3	1.4	-0.3	1.4	1.0	1.4	-0.7	-1.3
CML-240	3.9	1.9	-0.1	0.9	-0.1	0.9	-0.3	2.5	0.3	2.4	-0.4	1.8	0.3	0.8
CML-246	1.1	1.6	-0.3	1.6	0.0	1.4	0.0	1.4	0.0	1.4	0.3	1.4	-0.3	-0.3

& Error estándar

Mejoramiento de 255-18-19 x M.L.S4

Rendimiento de grano

El híbrido a ser mejorado tuvo un rendimiento de 12.38 t/ha, superior a las 30 cruzas de prueba en este caso. La diferencia entre las nuevas cruzas con respecto al híbrido élite fue de 1.52 t/ha. El comportamiento de las cruzas de prueba tuvo un rango de 5.42 a 11.91 t/ha, mientras que para las líneas fue de 1.84 a 6.95 t/ha (Cuadro 4.15). No se encontraron diferencias entre cruzas con 255-18-19 y cruzas con M.L.S4. Sin embargo, las cruzas con M.L.S4, rindieron 0.46 t/ha más que las cruzas con 255-18-19 (Cuadro 4.16).

De las 15 líneas involucradas (cuatro tropicales, nueve subtropicales y dos de valles altos) para mejorar 255-18-19 x M.L.S4, todas tuvieron valores positivos de μG^* para rendimiento de grano (Cuadro 4.17). La línea CML-240, fue la única que tuvo valor negativo de μG^* . Esta línea fue desarrollada con un fondo genético para resistencia específica de *P. sorghi* y *E. turcicum*, más que como línea parental con superior aptitud combinatoria. Los valores altos de μG^* , fueron registrados por dos líneas tropicales CML-264 y CML-281, seguidas por dos líneas subtropicales CML-312 y CML-318. Mientras que el valor más bajo fue registrado por las dos líneas de valles altos CML-240 y CML-246. El bajo valor de las líneas de valles altos puede ser debido a que

estas son muy precoces en comparación con las demás líneas, estando de acuerdo con lo reportado por Srinivasan *et al.* (1997). Todas las líneas involucradas en este caso se relacionaron con 255-18-19 y ninguna con M.L.S4.

En base en los valores de μG^* , CML-312 y CML-264, pueden ser las líneas más útiles, seguidas por CML-281 y CML-318 para mejorar el híbrido simple 255-18-19 x M.L.S4. El potencial de estas líneas ha sido reportado por varios investigadores (Vergara, *et al.*, 1997; González, *et al.*, 1997; Córdova y Mickelson, 1995). Por lo anterior se muestra que μG^* es un buen estimador confiable para identificar líneas potenciales con alelos favorables. De las comparaciones de ($\mu C + \mu F$) con ($\mu D + \mu E$), todas las líneas se relacionaron con 255-18-19, por lo tanto estas líneas poseen alelos comunes y pueden ser usadas para mejorar a dicho progenitor.

Para determinar si una retrocruza hacia 255-18-19 o M.L.S4, antes de autofecundar podría ser útil, se estimaron ($\mu G^* - \mu D$) y ($\mu G^* - \mu F$). De lo anterior CML-312 y CML-264, son donadores de alelos favorables de rendimiento y mejorar a 255-18-19, usando una retrocruza hacia el padre donador, seguidos también por CML-281 y CML-318. Sin embargo CML-312, aunque estuvo relacionado con 255-18-19, mostró un comportamiento intermedio por lo que puede ser retrocruzada hacia ambos padres.

Cuadro 4.15. Rendimiento de grano y características agronómicas de líneas y cruzas simples para mejorar 255 x M.L.S4.

	Rend. de grano (t/ha)			Flor. masculina días			Flor. femenina días			Altura de planta (cm)		
	per-se	255	MLS4	per-se	255	MLS4	per-se	255	MLS4	per-se	255	MLS4
255-18-19	4.62			69.1			70.0			115.8		
M.L.S4-1	1.85			79.5			82.9			103.9		
255-18-19			12.38			65.8			67.7			186.7
CML-264	3.53	11.23	10.26	79.6	67.5	70.2	80.1	68.8	71.5	131.2	233.5	249.7
CML-275	3.53	8.86	8.10	79.8	69.3	68.7	80.2	70.2	70.0	177.6	270.7	265.7
CML-277	4.14	9.78	10.61	76.6	65.8	66.3	76.0	66.8	67.3	168.1	245.3	263.2
CML-281	4.48	10.65	11.91	78.2	68.8	68.0	78.7	70.2	68.8	157.2	270.5	257.7
CML-312	4.83	10.99	10.89	73.1	66.8	65.0	73.7	68.0	66.2	160.9	233.0	251.3
CML-313	4.70	9.62	9.16	77.8	67.5	68.0	78.2	68.0	70.3	183.9	254.7	267.5
CML-314	3.66	8.72	9.74	85.2	65.7	66.0	86.7	67.2	68.0	145.9	234.5	244.0
CML-315	3.08	8.66	10.39	74.7	63.7	66.8	76.3	64.5	67.8	139.4	220.3	244.2
CML-318	2.14	10.14	9.60	63.9	64.3	64.7	66.0	66.7	65.8	109.9	229.0	247.0
CML-319	6.95	9.54	11.57	73.1	69.5	68.0	72.7	70.5	69.2	160.3	254.3	263.8
CML-320	5.04	9.14	10.40	62.9	68.3	68.7	64.1	70.2	70.8	159.9	230.3	252.8
CML-321	4.81	9.91	11.44	76.0	67.8	66.5	75.9	69.3	66.8	162.7	246.8	253.8
CML-322	3.31	9.11	10.76	72.0	64.7	65.0	72.8	65.5	66.3	130.6	227.3	243.8
CML-240	1.84	5.42	6.25	66.2	63.3	60.7	68.4	66.3	63.3	137.3	223.2	232.3
CML-246	2.22	7.60	7.38	65.1	63.2	61.5	67.2	64.0	64.3	142.2	237.5	250.8
Media	3.94	9.10		73.4	66.4		74.4	67.8		146.5	238.3	
DMS(0.05)		1.54			2.1			2.1			15.3	
E. estándar	0.24	2.12		1.4	11.1		1.5	11.5		7.1	9.9	

Cuadro 4.15. Continuación.....

	Altura de mazorca (cm)			Acame de raíz (%)			Acame de tallo (%)			Pudrición de maz. (%)		
	per-se	255	MLS4	per-se	255	MLS4	per-se	255	MLS4	per-se	255	MLS4
255-18-19	48.9			11.2			3.7			40.8		
M.L.S4-1	44.2			6.1			3.4			61.3		
255-18-19			88.2			12.6			8.6			41.4
CML-264	47.7	122.3	134.0	3.0	0.7	5.9	12.3	0.0	2.4	2.6	5.0	12.4
CML-275	94.2	150.0	150.0	51.4	27.2	23.4	2.5	3.3	6.5	1.7	4.6	9.5
CML-277	85.1	130.5	150.2	20.3	23.3	18.7	7.2	1.7	5.1	5.1	3.3	3.7
CML-281	83.8	146.5	145.7	0.0	5.8	9.3	0.0	2.4	4.8	3.2	5.9	10.3
CML-312	78.1	116.5	134.7	2.7	10.2	5.9	11.6	0.0	4.3	11.9	5.0	14.9
CML-313	88.1	136.5	152.7	31.0	39.5	11.6	1.5	9.6	5.7	16.3	10.1	24.2
CML-314	54.0	127.3	139.5	14.7	13.4	1.6	1.0	1.9	3.3	5.6	3.8	7.1
CML-315	59.6	109.0	135.2	2.1	3.6	7.1	6.5	3.3	3.5	9.7	11.7	8.2
CML-318	50.3	116.7	132.2	2.3	4.0	34.0	2.2	2.3	5.1	38.7	10.9	15.4
CML-319	73.2	125.0	148.2	10.8	11.6	5.6	0.0	0.9	3.3	15.8	20.9	12.3
CML-320	87.7	119.3	131.2	20.9	18.5	2.5	0.0	3.3	5.6	7.5	11.6	7.1
CML-321	74.7	127.7	128.2	8.5	11.0	15.5	1.8	0.8	9.9	5.9	4.1	5.6
CML-322	61.6	130.0	120.2	6.7	5.8	14.1	14.9	0.8	1.7	11.4	7.6	9.2
CML-240	73.4	127.8	132.7	6.4	9.3	21.7	11.8	5.6	8.4	10.7	14.2	24.8
CML-246	70.1	129.8	132.7	16.2	14.8	17.9	13.3	6.6	6.8	31.1	14.1	26.0
Media	69.2	128.2		12.9	13.3		6.2	5.4		15.8	9.6	
DMS(0.05)		14.6			15.0			9.2			6.1	
E. estándar	4.5	8.2		5.5	9.2		6.0	4.2		4.3	5.4	

Cuadro 4.15. Continuación.....

	Cobertura de maz.		Humedad de grano			
	(%)		(%)			
	per-se	255	MLS4	per-se	255	MLS4
255-18-19	11.6			22.9		
M.L.S4-1	1.8			13.1		
255-18-19			11.5			20.9
CML-264	4.6	19.0	2.2	19.8	21.4	24.6
CML-275	0.3	8.7	13.0	17.7	20.4	20.4
CML-277	6.9	6.4	7.1	18.7	20.0	22.9
CML-281	4.3	11.8	9.0	19.2	21.6	24.1
CML-312	15.8	9.6	5.4	23.4	22.1	23.4
CML-313	6.1	13.2	1.0	20.6	21.3	22.8
CML-314	5.3	8.0	1.0	18.2	20.2	22.7
CML-315	0.0	9.4	8.7	17.5	20.2	23.0
CML-318	0.0	18.8	5.1	7.3	19.8	20.3
CML-319	12.8	33.7	13.5	17.5	21.9	23.3
CML-320	1.9	10.7	1.7	13.7	22.6	24.1
CML-321	21.0	13.6	1.6	19.2	21.4	21.9
CML-322	4.4	20.1	6.1	17.9	21.4	23.7
CML-240	11.1	0.0	8.3	10.7	19.1	19.9
CML-246	6.4	14.7	12.1	18.0	19.6	19.4
Media	6.7	12.3		18.4	21.0	
DMS(0.05)		10.5			1.6	
E. estándar	3.9	8.8		1.5	3.1	

Cuadro 4.16. Medias de rendimiento de líneas a través de cruzas y la crusa simple élite a mejorar.

	REND	FM	FF	APTA	AMAZ	ARA	ATA	PUD	COB	HUM
	(t/ha)	(días)	(días)	(cm)	(cm)	(%)	(%)	(%)	(%)	(%)
Líneas x 255	9.29	66.4	67.7	240.7	127.7	13.2	2.8	8.8	13.2	20.9
Líneas x M.L.S4	9.75	66.1	67.5	251.6	137.3	13.1	5.2	12.8	6.9	22.3
255 x M.L.S4	12.38	65.8	67.7	186.7	88.2	12.6	8.6	41.4	11.5	20.9
	0.46	0.3	0.2	10.8*	9.6*	0.1	2.3	4.0*	6.3*	1.4*

* Diferencias significativas a 0.05 entre líneas x 255 y líneas x M.L.S4 usando una prueba de t.

Cuadro 4.17. Estimación del número relativo de loci para 15 líneas (P_w) cuando 255(P1) x M.L.S4(P2) es el híbrido a mejorar.

Rendimiento de grano												
Líneas												
P_w	μ_B	&	μ_C	&	μ_D	&	μ_E	&	μ_F	&	μ_G	&
CML-264	0.98	0.93	2.39	0.92	2.88	0.92	1.49	0.93	2.39	0.92	1.82	0.92
CML-275	-0.16	0.93	2.44	0.92	2.82	0.92	1.44	0.93	2.44	0.92	0.98	0.92
CML-277	1.09	0.93	3.53	0.93	1.73	0.92	1.73	0.92	2.15	0.92	0.85	0.92
CML-281	1.46	0.93	3.64	0.93	1.63	0.92	1.63	0.92	2.26	0.92	1.39	0.92
CML-312	0.42	0.93	2.61	0.92	2.66	0.92	1.27	0.93	2.61	0.92	1.91	0.92
CML-313	-0.29	0.93	2.52	0.92	2.75	0.92	1.36	0.93	2.52	0.92	1.14	0.92
CML-314	0.85	0.93	3.58	0.93	1.69	0.92	1.69	0.92	2.20	0.92	0.37	0.92
CML-315	1.28	0.93	3.76	0.93	1.51	0.92	1.51	0.92	2.37	0.92	0.51	0.92
CML-318	1.24	0.93	2.50	0.92	2.77	0.92	1.38	0.93	2.50	0.92	1.38	0.92
CML-319	-0.14	0.93	3.83	0.93	1.43	0.92	1.43	0.92	2.45	0.92	1.03	0.92
CML-320	0.43	0.93	3.64	0.93	1.63	0.92	1.63	0.92	2.26	0.92	0.64	0.92
CML-321	0.99	0.93	3.71	0.93	1.56	0.92	1.56	0.92	2.32	0.92	1.09	0.92
CML-322	1.37	0.93	3.74	0.93	1.53	0.92	1.53	0.92	2.35	0.92	0.72	0.92
CML-240	0.06	0.93	3.53	0.93	1.73	0.92	1.73	0.92	2.15	0.92	-1.33	0.92
CML-246	0.00	0.93	2.58	0.92	2.69	0.92	1.30	0.93	2.58	0.92	0.19	0.92

Líneas								
P_w	$\mu_C + \mu_F$	&	$\mu_D + \mu_E$	&	$\mu_G - \mu_D$	$\mu_G - \mu_F$	$(\mu_C + \mu_F) - (\mu_D + \mu_E)$	
CML-264	4.78	1.30	4.37	1.31	-1.06	-0.58	0.42	P1
CML-275	4.89	1.30	4.26	1.31	-1.84	-1.46	0.63	P1
CML-277	5.68	1.31	3.47	1.30	-0.89	-1.30	2.22	P1
CML-281	5.90	1.31	3.25	1.30	-0.24	-0.87	2.65	P1
CML-312	5.22	1.30	3.93	1.31	-0.75	-0.70	1.29	P1
CML-313	5.04	1.30	4.11	1.31	-1.61	-1.38	0.93	P1
CML-314	5.78	1.31	3.37	1.30	-1.32	-1.83	2.41	P1
CML-315	6.13	1.31	3.02	1.30	-1.00	-1.86	3.12	P1
CML-318	5.00	1.30	4.15	1.31	-1.39	-1.12	0.85	P1
CML-319	6.28	1.31	2.87	1.30	-0.41	-1.42	3.42	P1
CML-320	5.90	1.31	3.25	1.30	-0.99	-1.62	2.65	P1
CML-321	6.03	1.31	3.12	1.30	-0.47	-1.24	2.92	P1
CML-322	6.09	1.31	3.06	1.30	-0.81	-1.64	3.04	P1
CML-240	5.68	1.31	3.47	1.30	-3.07	-3.48	2.22	P1
CML-246	5.16	1.30	3.99	1.31	-2.50	-2.39	1.17	P1

& Error estándar.

Con el propósito de tener una idea precisa sobre la identificación correcta de las líneas, se obtuvieron estimaciones de otros estadísticos (Cuadro 4.18). CML-312 fue ubicada en primer lugar por μG^* , sin embargo con los demás estimadores estuvo entre los primeros cinco lugares. Mientras que CML-264 tuvo un comportamiento similar, es decir se ubicó en segundo lugar con respecto a μG^* , así como con la mayoría de los estimadores. Sin embargo CML-281 se ubicó en el tercer lugar para μG^* y UBND, pero tuvo los primeros lugares con el resto de los estimadores, excepto en su comportamiento *per se*. Lo anterior indica que CML-281 posee alta frecuencia de alelos favorables para rendimiento, siendo comprobado por su alto valor de ACG. Por otro lado el valor relativo de las líneas mencionadas está de acuerdo con lo reportado por diferentes investigadores (Vergara *et al.*, 1997; Gonzáles *et al.*, 1997; Córdova y Mickelson, 1995). En este estudio se encontró que NI y TWC, identificaron las mismas líneas, coincidiendo con lo reportado por Hohls *et al.* (1995) quienes encontraron que NI y TWC son teóricamente idénticos por lo que su semejanza en identificar mismas líneas no debe ser una sorpresa.

En general la clasificación de líneas no fue muy consistente, sin embargo, las líneas con valores bajos de μG^* , mostraron misma tendencia con todos los estimadores. Por su parte μG y $\mu a(B+G)$ identificaron mismas líneas, al igual que ACG y PTC, lo mismo que NI y TWC. Estos resultados están comprobados por la alta correlación encontrada entre ellos ($r=1.00^{**}$).

Cuadro 4.18. Clasificación de 15 líneas potenciales donadoras para mejorar 255 x M.L.S4.

	Per-se	Ⓢ	μG*	Ⓢ	μG	Ⓢ	ACG	Ⓢ	NI	Ⓢ
CML-264	3.525	10	1.815	2	-0.220	2	1.149	3	-0.575	4
CML-275	3.526	9	0.983	8	-1.355	13	-1.115	13	-1.763	13
CML-277	4.143	7	0.848	9	-0.650	7	0.601	6	-0.885	7
CML-281	4.476	6	1.390	3	-0.193	1	1.688	1	-0.234	1
CML-312	4.831	3	1.913	1	-0.450	4	1.345	2	-0.746	5
CML-313	4.696	5	1.138	5	-1.193	12	-0.205	11	-1.380	12
CML-314	3.662	8	0.365	13	-1.013	9	-0.361	12	-1.320	11
CML-315	3.078	12	0.513	12	-0.720	8	-0.069	10	-0.997	9
CML-318	2.135	14	1.378	4	-0.310	3	0.277	8	-1.121	10
CML-319	6.954	1	1.028	7	-1.173	11	0.962	5	-0.407	2
CML-320	5.044	2	0.635	11	-1.088	10	0.174	9	-0.991	8
CML-321	4.813	4	1.088	6	-0.578	6	1.084	4	-0.469	3
CML-322	3.310	11	0.718	10	-0.573	5	0.341	7	-0.812	6
CML-240	1.844	15	-1.333	15	-2.255	15	-3.759	15	-3.068	15
CML-246	2.219	13	0.188	14	-1.523	14	-2.106	14	-2.393	14

	UBND	Ⓢ	PTC	Ⓢ	TWC	Ⓢ	μa(B+G)	Ⓢ	PNG	Ⓢ
CML-264	6.610 ¹	1	10.743	3	11.807 ¹	4	2.790	2	0.432 ²	2
CML-275	4.235 ¹	11	8.479	13	10.619 ¹	13	0.525	13	0.287 ²	10
CML-277	5.157 ¹	6	10.195	6	11.497 ²	7	1.932	7	0.328 ¹	7
CML-281	6.029 ¹	3	11.282	1	12.148 ²	1	2.852	1	0.461 ¹	1
CML-312	6.366 ¹	2	10.939	2	11.684 ¹	5	2.332	4	0.418 ¹	3
CML-313	5.001 ¹	7	9.389	11	11.002 ¹	12	0.850	12	0.311 ²	9
CML-314	4.103 ¹	12	9.233	12	11.062 ²	11	1.211	9	0.178 ¹	13
CML-315	4.040 ¹	13	9.525	10	11.385 ²	9	1.795	8	0.254 ¹	12
CML-318	5.518 ¹	4	9.871	8	11.261 ¹	10	2.612	3	0.355 ²	6
CML-319	4.923 ¹	8	10.556	5	11.975 ²	2	0.888	11	0.418 ¹	4
CML-320	4.515 ¹	9	9.768	9	11.391 ²	8	1.055	10	0.281 ¹	11
CML-321	5.291 ¹	5	10.678	4	11.913 ²	3	2.080	6	0.411 ¹	5
CML-322	4.490 ¹	10	9.935	7	11.570 ²	6	2.088	5	0.320 ¹	8
CML-240	0.803 ¹	15	5.835	15	9.314 ²	15	-1.278	15	-1.635	15
CML-246	2.975 ¹	14	7.488	14	9.989 ¹	14	0.187	14	0.068 ²	14

Ⓢ Lugar ocupado.

Las correlaciones entre los 10 estimadores mostraron que μG^* se

relacionó con la mayoría de los estimadores, excepto con *per se* (Cuadro 4.19).

El alto coeficiente de correlación ($r=1.00^{**}$) encontrado entre NI y TWC,

también fue reportado por Hohls *et al.* (1995). Por su parte Bernardo (1990a)

encontró una correlación de ($r=0.92$) entre NI y PTC, la cual está de acuerdo a

la observado en este estudio ($r=0.98^{**}$). Mientras que Metz (1994) reportó que

la correlación entre PNG y NI fue de ($r=0.88$) y con μG^* ($r=0.96$), estos

resultados fueron similares a los encontrados en este estudio.

Cuadro 4.19. Correlaciones entre 10 estimadores de el potencial de una línea donadora para mejorar 255 x M.L.S4.

	μG^*	μG	ACG	NI	UBND	PTC	TWC	PNG	$\mu a(B+G)$	<i>per se</i>
μG^*		0.83**	0.87**	0.79**	0.97**	0.87**	0.79**	0.87**	0.83**	0.47
μG			0.89**	0.85**	0.89**	0.89**	0.85**	0.76**	1.00**	0.22
ACG				0.98**	0.94**	1.00**	0.98**	0.84**	0.89**	0.64*
NI					0.87**	0.98**	1.00**	0.81**	0.85**	0.67**
UBND						0.94**	0.87**	0.85**	0.89**	0.50
PTC							0.98**	0.84**	0.89**	0.64*
TWC								0.81**	0.85**	0.67**
PNG									0.76**	0.51
$\mu a(B+G)$										0.22
<i>per se</i>										

*, ** Significativo al 0.05 y 0.01 nivel de probabilidad.

Floración masculina y femenina

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de

60.7 a 70.2 para floración masculina y 63.3 a 71.5 para femenina, mientras que

en las líneas fue de 62.9 a 85.2 y 64.1 a 86.7, respectivamente (Cuadro 4.15).

El híbrido a ser mejorado tuvo una floración masculina de 65.8 y femenina de 67.7, y fue más precoz que la mitad de las 30 cruzas identificadas en este caso. Quince cruzas fueron igual o más precoces que el híbrido a mejorar, pero tuvieron un rendimiento inferior. Dos de las cruzas precoces involucran a una línea común CML-240 y CML-246, la cual tuvo bajo valor de μG^* .

No se encontró diferencias significativas entre cruzas con 255-18-19 y cruzas con M.L.S4 para días a floración (Cuadro 4.16). Sin embargo, el interés es adicionar alelos favorables que puedan ser expresados en el híbrido. Únicamente seis líneas CML-240, CML-246, CML-322, CML-318, CML-315 y CML-312 mostraron valores aceptables de ($\mu D-\mu G^*$) o ($\mu F-\mu G^*$), indicando la presencia de alelos favorables recesivos en loci clase μD o μF (Cuadro 4.20). Las líneas CML-246 y CML-240, pueden usarse para mejorar a 255-18-19, sin embargo, estas líneas tuvieron bajos valores de μG^* , indicando su pobre comportamiento en rendimiento. Mientras que CML-312 y CML-318, tuvieron valores altos de μG^* para rendimiento, además de poseer alelos favorables para precocidad, por lo que pueden usarse para mejorar ambos progenitores. Dudley (1988b) señaló que si la precocidad es deseable, valores negativos de μG^* pueden ser usados para identificar líneas. Además, mencionó que la magnitud de μG^* estima la madurez de líneas precoces, en este caso CML-240 y CML-246 mostraron valores negativos, mientras que las líneas tardías mostraron valores positivos.

Altura de planta y mazorca

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 186.7 a 270.7 cm, y para las líneas fue de 103.9 a 183.9 cm, para altura de planta. Mientras que para altura de mazorca las cruzas tuvieron un rango de 88.2 a 150.2 cm, y 44.2 a 94.2 para las líneas (Cuadro 4.15). El híbrido a ser mejorado tuvo baja altura de planta y mazorca 186.7 y 88.2 cm respectivamente, comparado con la mayoría de las cruzas de prueba. Esto fue debido a que este híbrido es genéticamente de porte bajo (braquítico), además sus líneas progenitoras son también braquíticas.

Se encontró diferencias significativas entre las cruzas con 255-18-19 y cruzas con M.L.S4 para altura de planta y mazorca. Las cruzas con 255-18-19 fueron 10.8 y 9.6 cm más altas en planta y en mazorca, que las cruzas con M.L.S4, además también fueron más altas el híbrido simple élite de referencia (Cuadro 4.16). Estas diferencias entre híbridos y líneas, indican que genes para mayor altura de planta y mazorca son dominantes. Por lo tanto el interés es adicionar alelos favorables recesivos que puedan ser expresados en el híbrido. Debido a que la altura de planta y mazorca del híbrido élite es adecuada, se puso especial atención en identificar líneas que no pudieran aumentar dicha altura.

Todas las 15 líneas involucradas en este estudio tuvieron valores negativos de $(\mu D - \mu G^*)$ o $(\mu F - \mu G^*)$, esto era de esperarse debido a que todas estas líneas son generalmente de altura de planta y mazorca normal, por lo tanto, al ser cruzadas con líneas braquíticas sus híbridos fueron de altura de planta y mazorca normal (Cuadro 4.20). Estos resultados muestran que genes para mayor altura de planta y mazorca son dominantes y que genes recesivos son para baja altura. Sin embargo, si se desea mejorar la cruce simple de referencia, sin aumentar considerablemente su altura de planta y mazorca, la línea CML-315 mostró valores aceptables de $(\mu D - \mu G^*)$ o $(\mu F - \mu G^*)$, indicando la presencia de alelos favorables para baja altura de planta y mazorca. Sin embargo, esta línea tuvo bajo comportamiento en rendimiento de grano. Mientras que CML-312 y CML-264, mostraron valores altos de μG^* para rendimiento, además de poseer alelos favorables en loci clase μD o μF para reducir la altura de planta y mazorca. Dudley (1988b) indicó que las líneas con mayor altura de planta y mazorca tuvieron valores grandes y negativos de μG^* , mientras que líneas con altura baja mostraron valores negativo pero pequeños.

Acame de raíz y tallo

El comportamiento promedio de las cruces tuvo un rango de 0.7 a 39.5 por ciento, y el promedio de las líneas fue de 0.0 a 51.4 por ciento, para acame de raíz. Mientras que para acame de tallo, las cruces tuvieron un rango de 0.0

a 9.6 y 0.0 a 14.9 por ciento para las líneas (Cuadro 4.15). El híbrido a ser mejorado tuvo 12.6 y 8.6 por ciento para acame de raíz y tallo. De las 30 cruzas de prueba identificadas en este caso, 16 cruzas simples mostraron menor por ciento de acame de raíz y 28 cruzas mostraron menos acame de tallo comparadas con el híbrido a mejorar.

No se encontró diferencias entre las cruzas con 255-18-19 y cruzas con M.L.S4 para acame de raíz y tallo (Cuadro 4.16). El comportamiento de cruzas con 255-18-19 y cruzas con M.L.S4 para acame de raíz fue similar entre ellos así como con el híbrido de referencia. Mientras que para acame de tallo, las cruzas con 255-18-19 tuvieron 2.3 por ciento menos acame que cruzas con M.L.S4, las cuales tuvieron menor acame de tallo que el híbrido simple élite. Los bajos valores de acame de raíz y tallo de las cruzas de prueba, puede ser debido a que hubo mayor influencia de las líneas de CIMMYT. Generalmente, la mayoría de estas líneas fueron desarrolladas y mejoradas por esquemas de selección en los que se pone una presión de selección para alta densidad de plantas, sequía y bajo contenido de nitrógeno en el suelo.

De las 15 líneas involucradas en este caso, nueve mostraron valores positivos de μD o μF , para acame de raíz y 14 para acame de tallo, indicando que poseen alta frecuencia de alelos favorables para mejorar la resistencia de acame de raíz y tallo (Cuadro 4.20). Las líneas CML-312, CML-264, CML-281

y CML-319, mostraron valores aceptables de ($\mu D-\mu G^*$) o ($\mu F-\mu G^*$), respectivamente. Estas líneas poseen alelos favorables recesivos en loci clase μD o μF , los cuales podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir el acame de raíz y tallo. Todas estas líneas también mostraron alelos favorables para aumentar el rendimiento de grano. En general la mayoría de las líneas involucradas mostraron valores positivos de μD o μF , indicando la presencia de alelos favorables para reducir acame de tallo.

Pudrición de mazorca y cobertura de mazorca

El híbrido a ser mejorado tuvo 41.4 por ciento de pudrición de mazorca y 11.5 por ciento de cobertura de mazorca. Señalando que este híbrido mostró mayor pudrición y cobertura de mazorca que la mayoría de las cruzas de prueba. De la misma forma, las líneas progenitoras de dicho híbrido también mostraron mayor pudrición y cobertura de mazorca que las líneas donadoras involucradas (Cuadro 4.15). Las diferencias encontradas entre las cruzas con 255-18-19 y cruzas con M.L.S4 para pudrición y cobertura de mazorca fue significativa. La cruza con ambos progenitores mostraron menor pudrición de mazorca y mejor cobertura que la cruce simple de referencia. Sin embargo, cruza con 255-18-19 tuvieron 4.0 por ciento menos pudrición, pero mostraron 6.3 por ciento de mala cobertura que las cruzas con M.L.S4 (Cuadro 4.16). Los bajos valores de pudrición de mazorca y cobertura de mazorca de la mayoría

de las cruzas de prueba, puede ser debido a que la mayoría de las líneas de CIMMYT, mostraron bajos valores de pudrición y cobertura de mazorca en su comportamiento *per se*. Estos resultados indican la posibilidad de que genes favorables dominantes son para menor pudrición y buena cobertura de mazorca, los cuales fueron importantes en este estudio.

Quince líneas, tuvieron valores positivos de μD o μF , para pudrición de mazorca y 12 líneas para cobertura de mazorca. Las líneas CML-312, CML-264 y CML-281, mostraron valores aceptables de $(\mu D - \mu G^*)$ o $(\mu F - \mu G^*)$, para menor pudrición de mazorca y CML-312, CML-264 y CML-321 para buena cobertura de mazorca (Cuadro 4.20). Estas líneas poseen alelos favorables recesivos los cuales podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir la pudrición y cobertura de mazorca.

Humedad de grano

El comportamiento promedio de las cruzas de prueba tuvo un rango de 19.1 a 24.1 por ciento, mientras que para las líneas fue de 7.3 a 23.4 por ciento para contenido de humedad en el grano (Cuadro 4.15). El híbrido a ser mejorado tuvo un contenido de humedad de 20.9 por ciento. Este híbrido mostró menor contenido de humedad que la mayoría de las cruzas de prueba identificadas en este caso. Únicamente cinco cruzas mostraron menor

humedad en el grano, cuatro de ellas involucran dos líneas en común CML-240 y CML-246, sin embargo estas líneas mostraron bajo valor de μG^* .

Las diferencias entre las cruzas con 255-18-19 y cruzas con M.L.S4 para contenido de humedad fue significativa (Cuadro 4.16). Las diferencias entre híbridos y líneas, indican que genes para mayor contenido de humedad son dominantes desfavorables. Por lo tanto el interés es adicionar alelos favorables recesivos que puedan ser expresados en el híbrido.

La mayoría de las líneas involucradas en este caso, mostraron valores negativos de $(\mu D - \mu G^*)$ o $(\mu F - \mu G^*)$. Solamente cuatro líneas CML-240, CML-246, CML-318 y CML-275 mostraron valores positivos aceptables, indicando la presencia de alelos favorables recesivos en loci clase μD o μF , y que podrían enriquecer la probabilidad de extraer nuevas líneas para reducir el contenido de humedad en el grano de el híbrido élite (Cuadro 4.20). La mejor línea con la mayor cantidad de alelos recesivos favorables en loci clase μD , fue CML-275 la cual puede ser usada para mejorar a la craza simple élite. Sin embargo, CML-318 y CML-321, mostraron valores intermedios para bajo contenido de humedad en el grano, además de poseer altos valores de μG^* para rendimiento de grano, por lo tanto pueden ser utilizadas para incorporar alelos favorables para mejorar la craza simple élite. Misevic (1989b) reportó que 17 de 22 líneas tuvieron valores positivos de D(F)-G, y señaló que estas líneas poseen alelos

favorables para baja humedad en el grano. También indicó que las líneas con valores altos y positivos de D(F)-G, mostraron bajo comportamiento en rendimiento.

En conclusión, CML-312 fue la mejor línea identificada como donador superior de alelos favorables para rendimiento de grano y para la mayoría de las características agronómicas, sin embargo puede aumentar la humedad del grano. Mientras que CML-281, es otra línea donadora de alelos favorables para rendimiento de grano y algunas características agronómicas, pero puede aumentar la altura de planta y mazorca, y la humedad en el grano. Por otro lado CML-264, fue identificada como donador de alelos favorables para rendimiento de grano y algunas características agronómicas, pero puede aumentar los días a floración masculina y femenina de el híbrido a mejorar lo cual sería desfavorable si queremos formar nuevos híbridos precoces.

El uso de CML-312 para mejorar la craza 255-18-19 x M.L.S4, es una alternativa precisa y altamente confiable. Córdova y Mickelson (1995) encontraron que CML-312 fue la mejor para ACG entre 18 líneas subtropicales cruzadas con siete probadores, entre ellas 255-18-19 x M.L.S4 mostró la mejor ACG entre los probadores, y la craza (255-18-19 x M.L.S4) x CML-312, mostró el valor más alto de aptitud combinatoria específica, con un rendimiento de 19 t/ha en Celaya Gto.

Cuadro 4.20. Estimación del número relativo de loci para 15 líneas (P_w) cuando $255(P_1) \times M.L.S4(P_2)$ es el híbrido a mejorar.

Floración masculina

Líneas P_w	μ_B	&	μ_C	&	μ_D	&	μ_E	&	μ_F	&	μ_G	&	$\mu_D-\mu_G$	$\mu_F-\mu_G$
CML-264	-4.6	4.9	-5.4	4.9	-1.5	4.8	-1.5	4.8	-0.1	4.8	0.7	4.8	-2.2	-0.8
CML-275	-4.6	4.9	-6.2	4.9	-0.7	4.8	-0.7	4.8	-1.0	4.8	0.8	4.8	-1.4	-1.7
CML-277	-4.4	4.9	-5.9	4.9	-0.9	4.8	-0.9	4.8	-0.7	4.8	-0.7	4.8	-0.3	0.0
CML-281	-4.1	4.9	-6.2	4.9	-0.6	4.8	-0.6	4.8	-1.0	4.8	0.5	4.8	-1.1	-1.5
CML-312	-2.8	4.9	-6.5	4.9	-0.4	4.8	-0.4	4.8	-1.3	4.8	-0.8	4.8	0.4	-0.5
CML-313	-4.2	4.9	-5.9	4.9	-0.9	4.8	-0.9	4.8	-0.7	4.8	0.1	4.8	-1.1	-0.8
CML-314	-8.9	4.9	-5.9	4.9	-0.9	4.8	-0.9	4.8	-0.7	4.8	-0.8	4.8	-0.1	0.1
CML-315	-3.9	4.9	-5.2	4.9	-1.6	4.8	-1.6	4.8	0.0	4.8	-1.1	4.8	-0.5	1.1
CML-318	1.1	4.9	-5.9	4.9	-0.9	4.8	-0.9	4.8	-0.7	4.8	-1.5	4.8	0.6	0.8
CML-319	-1.4	4.9	-6.4	4.9	-0.4	4.8	-0.4	4.8	-1.2	4.8	0.6	4.8	-1.1	-1.8
CML-320	3.6	4.9	-5.9	4.9	-0.9	4.8	-0.9	4.8	-0.7	4.8	0.5	4.8	-1.4	-1.2
CML-321	-3.6	4.9	-6.4	4.9	-0.5	4.8	-0.5	4.8	-1.2	4.8	-0.1	4.8	-0.4	-1.0
CML-322	-2.8	4.9	-5.9	4.9	-0.9	4.8	-0.9	4.8	-0.7	4.8	-1.3	4.8	0.4	0.6
CML-240	-1.3	4.9	-6.7	4.9	-0.2	4.8	-0.2	4.8	-1.5	4.8	-2.7	4.8	2.6	1.3
CML-246	-0.6	4.9	-6.5	4.9	-0.4	4.8	-0.4	4.8	-1.2	4.8	-2.6	4.8	2.2	1.3

Floración femenina

Líneas P_w	μ_B	&	μ_C	&	μ_D	&	μ_E	&	μ_F	&	μ_G	&	$\mu_D-\mu_G$	$\mu_F-\mu_G$
CML-264	-4.4	5.0	-6.4	5.0	-1.3	5.0	-1.3	5.0	0.1	5.0	0.7	5.0	-1.9	-0.6
CML-275	-4.5	5.0	-7.1	5.0	-0.5	5.0	-0.5	5.0	-0.6	5.0	0.6	5.0	-1.2	-1.3
CML-277	-3.9	5.0	-6.9	5.0	-0.7	5.0	-0.7	5.0	-0.5	5.0	-0.9	5.0	0.2	0.4
CML-281	-4.0	5.0	-7.4	5.0	-0.2	5.0	-0.2	5.0	-0.9	5.0	0.3	5.0	-0.6	-1.2
CML-312	-2.7	5.0	-7.5	5.0	-0.1	5.0	-0.1	5.0	-1.0	5.0	-0.9	5.0	0.8	-0.2
CML-313	-3.9	5.0	-6.5	5.0	-1.2	5.0	-1.2	5.0	0.0	5.0	0.2	5.0	-1.3	-0.2
CML-314	-9.0	5.0	-6.8	5.0	-0.8	5.0	-0.8	5.0	-0.4	5.0	-0.6	5.0	-0.2	0.3
CML-315	-4.5	5.0	-6.2	5.0	-1.4	5.0	-1.4	5.0	0.3	5.0	-1.3	5.0	-0.1	1.6
CML-318	0.7	5.0	-7.3	5.0	-0.4	5.0	-0.4	5.0	-0.8	5.0	-1.3	5.0	0.9	0.5
CML-319	-0.8	5.0	-7.4	5.0	-0.3	5.0	-0.3	5.0	-0.9	5.0	0.5	5.0	-0.8	-1.4
CML-320	3.8	5.0	-6.9	5.0	-0.7	5.0	-0.7	5.0	-0.4	5.0	0.8	5.0	-1.6	-1.2
CML-321	-3.3	5.0	-7.7	5.0	0.0	5.0	0.0	5.0	-1.2	5.0	-0.4	5.0	0.4	-0.8
CML-322	-2.9	5.0	-6.8	5.0	-0.8	5.0	-0.8	5.0	-0.4	5.0	-1.5	5.0	0.7	1.1
CML-240	-1.2	5.0	-7.8	5.0	0.2	5.0	0.2	5.0	-1.3	5.0	-2.0	5.0	2.2	0.7
CML-246	-0.9	5.0	-7.0	5.0	-0.7	5.0	-0.7	5.0	-0.5	5.0	-2.3	5.0	1.7	1.8

Cuadro 4.20..Continuación.....

Alturas de planta

Líneas														
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G
CML-264	37.5	5.8	27.7	5.8	13.7	4.7	13.7	4.7	21.8	4.7	45.2	4.7	-31.5	-23.4
CML-275	24.6	5.8	19.5	4.7	22.0	4.7	16.0	5.8	19.5	4.7	61.5	4.7	-39.5	-42.0
CML-277	25.4	5.8	28.2	5.8	13.3	4.7	13.3	4.7	22.2	4.7	51.5	4.7	-38.3	-29.3
CML-281	32.8	5.8	17.5	4.7	23.9	4.7	18.0	5.8	17.5	4.7	59.4	4.7	-35.5	-41.9
CML-312	22.9	5.8	28.3	5.8	13.2	4.7	13.2	4.7	22.3	4.7	45.5	4.7	-32.3	-23.2
CML-313	20.9	5.8	26.9	5.8	14.5	4.7	14.5	4.7	20.9	4.7	54.9	4.7	-40.4	-34.0
CML-314	29.0	5.8	26.1	5.8	15.4	4.7	15.4	4.7	20.1	4.7	44.0	4.7	-28.7	-23.9
CML-315	28.7	5.8	29.7	5.8	11.8	4.7	11.8	4.7	23.7	4.7	40.5	4.7	-28.8	-16.8
CML-318	46.3	5.8	28.2	5.8	13.2	4.7	13.2	4.7	22.2	4.7	43.4	4.7	-30.2	-21.2
CML-319	31.7	5.8	26.1	5.8	15.4	4.7	15.4	4.7	20.1	4.7	53.9	4.7	-38.6	-33.8
CML-320	23.1	5.8	29.3	5.8	12.1	4.7	12.1	4.7	23.4	4.7	45.2	4.7	-33.1	-21.8
CML-321	26.1	5.8	25.4	5.8	16.0	4.7	16.0	4.7	19.5	4.7	49.5	4.7	-33.6	-30.1
CML-322	34.8	5.8	27.8	5.8	13.6	4.7	13.6	4.7	21.9	4.7	42.2	4.7	-28.6	-20.3
CML-240	27.5	5.8	26.0	5.8	15.5	4.7	15.5	4.7	20.0	4.7	38.3	4.7	-22.8	-18.3
CML-246	33.3	5.8	27.0	5.8	14.4	4.7	14.4	4.7	21.1	4.7	46.5	4.7	-32.1	-25.4

Altura de mazorca

Líneas														
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G
CML-264	30.4	4.4	15.1	4.4	6.9	3.7	6.9	3.7	12.8	3.7	29.8	3.7	-22.9	-17.1
CML-275	18.1	4.4	12.2	4.4	9.8	3.7	9.8	3.7	9.8	3.7	40.7	3.7	-30.9	-30.9
CML-277	17.8	4.4	17.1	4.4	4.9	3.7	4.9	3.7	14.8	3.7	35.9	3.7	-31.0	-21.2
CML-281	20.2	4.4	10.8	3.7	11.2	3.7	8.8	4.4	10.8	3.7	40.0	3.7	-28.8	-29.2
CML-312	13.9	4.4	16.7	4.4	5.3	3.7	5.3	3.7	14.4	3.7	28.5	3.7	-23.3	-14.2
CML-313	18.4	4.4	16.2	4.4	5.8	3.7	5.8	3.7	13.9	3.7	38.0	3.7	-32.3	-24.2
CML-314	29.9	4.4	15.2	4.4	6.8	3.7	6.8	3.7	12.9	3.7	32.4	3.7	-25.7	-19.6
CML-315	21.4	4.4	18.7	4.4	3.3	3.7	3.3	3.7	16.4	3.7	26.8	3.7	-23.5	-10.4
CML-318	27.3	4.4	16.1	4.4	5.9	3.7	5.9	3.7	13.7	3.7	28.0	3.7	-22.0	-14.3
CML-319	21.9	4.4	18.0	4.4	4.0	3.7	4.0	3.7	15.6	3.7	34.0	3.7	-30.0	-18.4
CML-320	9.0	4.4	15.2	4.4	6.9	3.7	6.9	3.7	12.8	3.7	28.4	3.7	-21.5	-15.6
CML-321	16.8	4.4	12.3	4.4	9.7	3.7	9.7	3.7	9.9	3.7	29.7	3.7	-20.0	-19.8
CML-322	20.8	4.4	8.5	3.7	13.5	3.7	11.1	4.4	8.5	3.7	29.5	3.7	-16.0	-20.9
CML-240	18.6	4.4	13.4	4.4	8.6	3.7	8.6	3.7	11.1	3.7	30.9	3.7	-22.3	-19.8
CML-246	20.8	4.4	12.9	4.4	9.1	3.7	9.1	3.7	10.6	3.7	31.4	3.7	-22.3	-20.8

Cuadro 4.20...Continuación.....

Acame de raíz

Líneas	μB	&	μC	&	μD	&	μE	&	μF	&	μG	&	$\mu\text{D}-\mu\text{G}$	$\mu\text{F}-\mu\text{G}$
Pw														
CML-264	-2.8	6.0	1.6	2.7	1.6	2.7	-3.5	7.6	4.2	7.1	-1.7	5.3	3.4	6.0
CML-275	-14.7	5.0	0.7	4.2	2.6	4.2	0.0	5.0	0.7	4.2	8.0	4.2	-5.4	-7.3
CML-277	-1.3	5.0	0.5	4.2	2.8	4.2	0.2	5.0	0.5	4.2	5.8	4.2	-3.1	-5.4
CML-281	1.3	6.0	1.6	2.7	1.6	2.7	-2.7	7.6	3.4	7.1	0.0	5.3	1.6	3.4
CML-312	1.1	5.0	0.6	4.2	2.7	4.2	0.2	5.0	0.6	4.2	-0.7	4.2	3.4	1.2
CML-313	-3.1	5.0	-4.1	5.0	7.3	4.2	7.3	4.2	-6.6	4.2	6.8	4.2	0.5	-13.5
CML-314	-4.0	5.0	0.0	5.0	3.3	4.2	3.3	4.2	-2.6	4.2	-2.2	4.2	5.5	-0.4
CML-315	-0.9	6.0	1.6	2.7	1.6	2.7	-2.7	7.6	3.4	7.1	-1.1	5.3	2.8	4.5
CML-318	-0.8	6.0	1.6	2.7	1.6	2.7	-15.9	7.6	16.6	7.1	12.3	5.3	-10.7	4.3
CML-319	-2.7	5.0	0.1	4.2	3.1	4.2	0.6	5.0	0.1	4.2	-0.4	4.2	3.5	0.5
CML-320	-5.6	5.0	-1.1	5.0	4.4	4.2	4.4	4.2	-3.7	4.2	-0.7	4.2	5.1	-3.0
CML-321	-0.4	6.0	1.6	2.7	1.6	2.7	-3.2	7.6	3.9	7.1	3.1	5.3	-1.5	0.8
CML-322	-2.1	6.0	1.6	2.7	1.6	2.7	-5.1	7.6	5.8	7.1	2.4	5.3	-0.8	3.4
CML-240	-0.2	6.0	1.6	2.7	1.6	2.7	-7.1	7.6	7.8	7.1	6.2	5.3	-4.6	1.7
CML-246	-2.3	6.0	1.6	2.7	1.6	2.7	-2.5	7.6	3.2	7.1	4.3	5.3	-2.7	-1.1

Acame de tallo

Líneas	μB	&	μC	&	μD	&	μE	&	μF	&	μG	&	$\mu\text{D}-\mu\text{G}$	$\mu\text{F}-\mu\text{G}$
Pw														
CML-264	-6.8	3.8	2.0	3.8	0.6	2.4	0.6	2.4	1.8	2.4	-2.5	2.4	3.1	4.3
CML-275	0.0	3.8	2.2	3.8	0.4	2.4	0.4	2.4	2.0	2.4	-0.6	2.4	1.1	2.7
CML-277	-3.1	3.8	2.2	3.8	0.4	2.4	0.4	2.4	2.1	2.4	-1.4	2.4	1.8	3.5
CML-281	0.6	3.8	2.0	3.8	0.6	2.4	0.6	2.4	1.8	2.4	-1.3	2.4	1.9	3.1
CML-312	-6.0	3.8	2.5	3.8	0.2	2.4	0.2	2.4	2.3	2.4	-2.0	2.4	2.2	4.3
CML-313	1.8	3.8	0.3	2.4	2.3	2.4	2.1	3.8	0.3	2.4	0.8	2.4	1.5	-0.5
CML-314	-0.4	3.8	1.7	3.8	0.9	2.4	0.9	2.4	1.6	2.4	-1.8	2.4	2.7	3.4
CML-315	-2.8	3.8	1.4	3.8	1.2	2.4	1.2	2.4	1.3	2.4	-1.4	2.4	2.6	2.7
CML-318	-0.5	3.8	2.1	3.8	0.5	2.4	0.5	2.4	1.9	2.4	-1.2	2.4	1.8	3.2
CML-319	-0.2	3.8	2.0	3.8	0.6	2.4	0.6	2.4	1.8	2.4	-2.0	2.4	2.7	3.9
CML-320	1.0	3.8	2.0	3.8	0.7	2.4	0.7	2.4	1.8	2.4	-0.9	2.4	1.5	2.7
CML-321	-1.8	4.1	1.3	1.8	1.3	1.8	-3.4	4.6	5.9	3.5	2.0	2.8	-0.7	3.9
CML-322	-8.1	3.8	1.6	3.8	1.0	2.4	1.0	2.4	1.5	2.4	-2.5	2.4	3.5	3.9
CML-240	-3.6	3.8	2.1	3.8	0.5	2.4	0.5	2.4	1.9	2.4	0.4	2.4	0.1	1.5
CML-246	-4.5	3.8	1.4	3.8	1.2	2.4	1.2	2.4	1.3	2.4	0.3	2.4	0.9	1.0

Cuadro 4.20...Continuación.....

Pudrición de mazorca

Líneas														
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G
CML-264	2.9	3.4	-8.3	3.4	-1.7	2.6	-1.7	2.6	2.0	2.6	-16.2	2.6	14.5	18.2
CML-275	2.5	3.4	-8.9	3.4	-1.1	2.6	-1.1	2.6	1.4	2.6	-17.0	2.6	16.0	18.4
CML-277	-1.0	3.4	-10.0	3.4	0.1	2.6	0.1	2.6	0.3	2.6	-18.8	2.6	18.9	19.1
CML-281	2.3	3.4	-9.0	3.4	-0.9	2.6	-0.9	2.6	1.3	2.6	-16.5	2.6	15.6	17.8
CML-312	-1.1	3.4	-7.6	3.4	-2.3	2.6	-2.3	2.6	2.6	2.6	-15.6	2.6	13.3	18.2
CML-313	0.3	3.4	-6.6	3.4	-3.4	2.6	-3.4	2.6	3.7	2.6	-12.0	2.6	8.6	15.7
CML-314	-0.2	3.4	-9.3	3.4	-0.7	2.6	-0.7	2.6	1.0	2.6	-17.8	2.6	17.2	18.8
CML-315	0.0	3.4	-11.0	3.4	1.0	2.6	1.0	2.6	-0.7	2.6	-15.6	2.6	16.6	14.9
CML-318	-12.9	3.4	-9.0	3.4	-1.0	2.6	-1.0	2.6	1.3	2.6	-14.0	2.6	13.0	15.3
CML-319	0.2	3.4	-12.3	3.4	2.3	2.6	2.3	2.6	-2.0	2.6	-12.3	2.6	14.6	10.3
CML-320	0.8	3.4	-11.2	3.4	1.3	2.6	1.3	2.6	-1.0	2.6	-15.9	2.6	17.2	14.9
CML-321	-0.7	3.4	-9.7	3.4	-0.2	2.6	-0.2	2.6	0.5	2.6	-18.3	2.6	18.0	18.8
CML-322	-1.7	3.4	-9.7	3.4	-0.2	2.6	-0.2	2.6	0.6	2.6	-16.4	2.6	16.1	16.9
CML-240	4.2	3.4	-7.5	3.4	-2.5	2.6	-2.5	2.6	2.8	2.6	-10.8	2.6	8.3	13.6
CML-246	-5.7	3.4	-7.1	3.4	-2.8	2.6	-2.8	2.6	3.1	2.6	-10.5	2.6	7.7	13.7

Cobertura de mazorca

Líneas														
Pw	μ B	&	μ C	&	μ D	&	μ E	&	μ F	&	μ G	&	μ D- μ G	μ F- μ G
CML-264	3.0	4.4	0.7	4.4	4.2	3.9	4.2	3.9	-4.2	3.9	-0.5	3.9	4.7	-3.8
CML-275	1.8	5.4	2.4	2.4	2.4	2.4	-4.6	7.0	4.6	6.7	3.2	5.0	-0.8	1.4
CML-277	-2.7	5.4	2.4	2.4	2.4	2.4	-2.8	7.0	2.8	6.7	0.2	5.0	2.2	2.6
CML-281	0.6	4.4	1.7	3.9	3.1	3.9	-1.8	4.4	1.7	3.9	1.9	3.9	1.3	-0.2
CML-312	-6.6	4.4	1.4	3.9	3.5	3.9	-1.4	4.4	1.4	3.9	0.4	3.9	3.1	1.0
CML-313	0.5	4.4	1.8	4.4	3.0	3.9	3.0	3.9	-3.1	3.9	-2.2	3.9	5.3	-0.9
CML-314	-2.8	4.4	0.7	3.9	4.2	3.9	-0.7	4.4	0.7	3.9	-1.1	3.9	5.3	1.8
CML-315	2.1	4.4	2.3	3.9	2.6	3.9	-2.3	4.4	2.3	3.9	1.2	3.9	1.4	1.1
CML-318	6.0	4.4	1.5	4.4	3.4	3.9	3.4	3.9	-3.5	3.9	0.2	3.9	3.2	-3.6
CML-319	5.4	4.4	-0.2	4.4	5.0	3.9	5.0	3.9	-5.1	3.9	6.0	3.9	-1.0	-11.1
CML-320	-0.3	4.4	0.2	3.9	4.7	3.9	-0.2	4.4	0.2	3.9	-0.2	3.9	4.9	0.4
CML-321	-6.7	4.4	1.9	4.4	3.0	3.9	3.0	3.9	-3.0	3.9	-2.0	3.9	5.0	-1.1
CML-322	4.4	4.4	1.4	4.4	3.5	3.9	3.5	3.9	-3.5	3.9	0.8	3.9	2.7	-4.3
CML-240	-8.0	5.4	2.4	2.4	2.4	2.4	-6.6	7.0	6.6	6.7	0.8	5.0	1.6	5.8
CML-246	1.1	4.4	1.8	3.9	3.1	3.9	-1.8	4.4	1.8	3.9	3.4	3.9	-0.3	-1.6

Cuadro 4.20...Continuación.....

Humedad de grano

Líneas	μB		μC		μD		μE		μF		μG		$\mu D-\mu G$	$\mu F-\mu G$
Pw		&		&		&		&		&		&		
CML-264	-0.1	1.9	0.9	0.9	0.9	0.9	-3.6	2.5	2.6	2.4	2.8	1.8	-1.9	-0.3
CML-275	1.8	1.6	2.4	1.6	-0.5	1.4	-0.5	1.4	-0.5	1.4	-0.8	1.4	0.3	0.3
CML-277	-0.3	1.9	0.9	0.9	0.9	0.9	-3.4	2.5	2.4	2.4	2.0	1.8	-1.0	0.5
CML-281	0.3	1.9	0.9	0.9	0.9	0.9	-3.2	2.5	2.2	2.4	2.6	1.8	-1.6	-0.4
CML-312	0.2	1.6	2.7	1.6	-0.8	1.4	-0.8	1.4	-0.2	1.4	0.4	1.4	-1.2	-0.6
CML-313	1.2	1.6	2.8	1.6	-0.9	1.4	-0.9	1.4	-0.1	1.4	0.1	1.4	-0.9	-0.2
CML-314	0.1	1.9	0.9	0.9	0.9	0.9	-3.2	2.5	2.2	2.4	1.9	1.8	-0.9	0.4
CML-315	0.4	1.9	0.9	0.9	0.9	0.9	-3.3	2.5	2.3	2.4	2.0	1.8	-1.1	0.3
CML-318	5.0	1.6	2.5	1.6	-0.6	1.4	-0.6	1.4	-0.4	1.4	-0.9	1.4	0.3	0.6
CML-319	3.1	1.6	2.8	1.6	-0.8	1.4	-0.8	1.4	-0.2	1.4	0.3	1.4	-1.2	-0.5
CML-320	5.3	1.6	2.8	1.6	-0.9	1.4	-0.9	1.4	-0.1	1.4	0.7	1.4	-1.6	-0.9
CML-321	1.7	1.6	2.5	1.6	-0.6	1.4	-0.6	1.4	-0.4	1.4	-0.1	1.4	-0.5	-0.3
CML-322	0.8	1.9	0.9	0.9	0.9	0.9	-3.1	2.5	2.1	2.4	2.4	1.8	-1.4	-0.3
CML-240	4.9	1.6	2.6	1.6	-0.7	1.4	-0.7	1.4	-0.3	1.4	-1.2	1.4	0.5	0.9
CML-246	-0.2	1.6	0.9	1.4	1.0	1.4	-1.9	1.6	0.9	1.4	0.3	1.4	0.8	0.6

& Error estándar.

CONCLUSIONES

Las estimaciones de el número relativo de alelos favorables en líneas potenciales donadoras propuesto por Dudley (1987a), fue efectivo. El método utilizado para estimar (μG^*) proporcionó información adicional sobre el parentesco relativo entre líneas. Para rendimiento de grano, estas mediciones estuvieron de acuerdo con la información de pedigrí de la mayoría de las líneas involucradas en este estudio.

Para el mejoramiento de la craza simple élite AN1 x AN2, las mejores líneas con alto valor de μG^* para rendimiento de grano fueron; CML-258, CML-247 y CML-254 (tropicales), CML-311 y CML-312 (subtropicales), las cuales mostraron un comportamiento estable a través de las tres localidades, además de que siempre estuvieron dentro de los primeros cinco lugares para μG^* . Por lo anterior estas líneas pueden ser donadoras potenciales de alelos favorables para mejorar los progenitores de la craza simple élite.

Para el mejoramiento de la craza simple élite 232-33-30 x 255-18-19, las mejores líneas con alto valor de μG^* para rendimiento de grano fueron: CML-258, CML-264 y CML-273 (tropicales) y CML-312 (subtropical), las cuales mostraron un comportamiento estable a través de las tres localidades, además

de que siempre estuvieron dentro de los primeros cinco lugares para μG^* . Por lo anterior estas líneas pueden ser donadoras potenciales de alelos favorables para mejorar los progenitores de la craza simple élite.

Para el mejoramiento de la craza simple élite 255-18-19 x M.L.S4, las mejores líneas con alto valor de μG^* para rendimiento de grano fueron; CML-281, CML-264 (tropicales), CML-312 y CML-318 (subtropicales), las cuales mostraron un comportamiento estable a través de las tres localidades, además de que siempre estuvieron dentro de los primeros cinco lugares para μG^* . Por lo anterior estas líneas pueden ser donadoras potenciales de alelos favorables para mejorar los progenitores de la craza simple élite.

Para el mejoramiento simultáneo de los progenitores de las tres cruza simples élite AN1 x AN2, 232-33-30 x 255-18-19 y 255-18-19 x M.L.S4, las líneas CML-312 y CML-313 (subtropicales), pueden ser utilizadas como donadoras potenciales de alelos favorables para rendimiento de grano y mejorar a los progenitores de las tres cruza simples. Mientras que para el mejoramiento de los progenitores de dos cruza simples élite, CML-258, CML-254 y CML-273 (tropicales), pueden ser utilizadas como donadoras potenciales de alelos favorables para rendimiento de grano para mejorar a los progenitores de las cruza simples AN1 x AN2 y 232-33-30 x 255-18-19. Mientras que CML-264, CML-281 (tropicales), CML-319 y CML-321 (subtropicales), pueden ser

utilizadas como donadoras potenciales de alelos favorables para rendimiento de grano para mejorar a los progenitores de las cruzas simples 232-33-30 x 255-18-19 y 255-18-19 x M.L.S4.

El mejoramiento simultáneo para rendimiento y otras características agronómicas importantes en las tres cruzas simples élite, utilizando las líneas involucradas en este estudio, podría no ser adecuado, como el mejoramiento para cada característica por si sola. Por lo tanto es necesario considerar las posibles ventajas y desventajas para cada caso en particular. Al mismo tiempo debemos considerar la inversión económica, en tiempo y recursos humanos disponibles y la complementariedad de las nuevas líneas que se desarrollen. Al respecto Misevic (1989a) señaló que la mejor oportunidad de mejorar el rendimiento de un híbrido élite es utilizando líneas donadoras no relacionadas con los progenitores del híbrido élite. Resultados similares fueron reportados por Dudley (1987a) y Zanoni y Dudley (1989a). Nuestros resultados demuestran la efectividad del método de Dudley, ya que la mayoría de las líneas identificadas como donadoras de alelos favorables en este estudio, también fueron previamente identificadas por otros investigadores como líneas con alto valor agronómico.

En general la mayoría de líneas identificadas con alto valor de μG^* como donadoras potenciales de alelos favorables para rendimiento de grano,

también mostraron buen comportamiento en rendimiento *per se*. Mientras que para la mayoría de las características agronómicas, las líneas identificadas como donadoras potenciales para reducir la floración, mejorar el acame de raíz y tallo, entre otros, está de acuerdo con la información de pedigrí de las líneas.

Con la comparación de los 10 diferentes métodos para clasificar líneas, se encontró alta correlación entre ellos confirmando la confiabilidad del método de Dudley. Además aquellas líneas que mostraron una estabilidad en su clasificación con la mayoría de los nuevos estimadores, tendrán una alta frecuencia de alelos favorables. Nuestros resultados indican que los diferentes estimadores utilizados fueron capaces de detectar diferencias entre líneas donadoras en el número relativo de loci con alelos favorables para rendimiento de grano no presentes en la crusa simple élite a mejorar.

Considerando el germoplasma de CIMMYT, las líneas tropicales identificadas como donadoras potenciales de alelos favorables, fueron derivadas de Tuxpeño (Población 21) y La Posta (Población 43). Mientras que las líneas subtropicales, provienen de la Población 500, 501 y 502. Sin embargo es importante considerar que las líneas donadoras no estén emparentadas con los progenitores de las cruzas simples a mejorar.

RESUMEN

Con propósito de mejorar los progenitores de tres cruzas simples élite, se utilizaron 23 líneas provenientes del CIMMYT las cuales fueron cruzadas con los seis progenitores. Las cruzas de prueba obtenidas fueron evaluadas en tres localidades durante 1997. El método propuesto por Dudley (1987a), fue usado para identificar líneas potenciales donadoras de alelos favorables. Cuando AN1 x AN2, fue designada como la craza a mejorar, CML-258 y 311 fueron identificadas como líneas donadoras para mejorar el progenitor AN1. Cuando 232-33-30 x 255-18-19, fue la craza simple a mejorar, CML-264 y 312 fueron las líneas donadoras para mejorar el progenitor 255-18-19. Cuando 255-18-19 x M.L.S4, fue la craza simple a mejorar, CML-312 y 264 fueron las líneas donadoras para mejorar el progenitor 255-18-19. Por otro lado, CML-312, 313, y CML-258, 254, 273, 264, 319, 321, pueden ser usadas para mejorar los progenitores de tres y dos cruzas simples de referencia, respectivamente. De acuerdo a los resultados, la mayoría de las líneas usadas en este estudio mostraron ser donadoras de alelos favorables para rendimiento de grano y otros caracteres agronómicos. Sin embargo, el mejoramiento simultáneo entre caracteres importantes podría no ser adecuado en algunos casos como el mejoramiento para un carácter por si solo.

LITERATURA CITADA

- Allison, J.C. and R.N. Curnow. 1966. On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* 6:541-544.
- Barreto, H.J., G.O. Edmeades, S.C. Chapman y J. Crossa. 1993. El diseño Alfa-Látice en fitomejoramiento y agronomía: Generación y Análisis. Síntesis de resultados experimentales del PRM 1992, Vol. 4 (1993), pp.273-283. ✖
- Bauman, L.F. 1981. Reviews of methods used by breeders to develop superior corn inbreds. *Proc. Annu. Corn Sorghum Ind. Res. Conf.* 36:199-209.
- Bernardo, R. 1990a. An alternative statistic for identifying lines useful for improving parents of an elite single cross. *Theor Appl Genet.* 80:105-109.
- 1990b. Methods of choosing parents in a pedigree breeding program given an elite inbred tester. *Maydica.* 35:267-271.
- 1990c. Identifying populations useful for improving parents of a single cross based on net transfer of alleles. *Theor Appl Genet.* 80:349-352.
- 1992. Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. *Theor. Appl. Genet.* 83:628-634.
- 1994. Prediction of maize single-cross performance using RFLP's and information from related hybrids. *Crop Sci.* 34:20-25. ✖
- Betrán, F.J., D. Beck, G.O. Edmeades, J.M. Ribaut, M. Banzinger and C. Sánchez. 1997a. Genetic analysis of abiotic stress tolerance in tropical maize hybrids. In: Book of abstracts. The Genetic and Exploitation of Heterosis in Crops. 17-22 August 1997.

Betrán, J.F., D. Beck, J.M. Ribaut, and D. González. 1997b. Correlations between molecular marker data and hybrid performance in tropical maize. Agronomy abstract, American Society of Agronomy (ASA); Anaheim, California 1997, page 71.

CIMMYT. 1994. CIMMYT, 1993/94 World maize facts and trends. Maize seed industries, revisited: Emerging roles of the public and private sectors. México, D.F. CIMMYT.

Córdova, H.S. and Mickelson. 1995. Subtropical Maize Subprogram Annual Research Report 1995. CIMMYT Maize Program. México, D.F.

_____ and S. Castellanos. 1996. Subtropical Maize Subprogram Annual Research Report 1996. CIMMYT Maize Program. México, D.F.

_____. 1997. Subtropical Maize Subprogram Annual Research Report 1997. CIMMYT Maize Program. México, D.F.

Cota, A.O., Valenzuela, V.J.M., Ortega, C.A. y Soqui, G.A.A. 1991. CIANO H-430 nuevo híbrido de maíz blanco. SARH, INIFAP, CIANO. Folleto Técnico No.17. Cd. Obregón, Sonora. México.

Davis, L.R. 1927. Report of the plant breeder. Rep. Puerto Rico Agric. Exp. Stn. 1972. pp. 14-15.

Dudley, J.W. 1982. Theory for transfer of alleles. *Crop Sci.* 22:631-637.

_____. 1984a. A method of identifying lines for use in improving parents of a single cross. *Crop Sci.* 24:355-357. *

_____. 1984b. Identifying parents for use in a pedigree breeding program. *Proc. Annu. Corn Sorghum Ind. Res. Conf.* 39:176-188.

_____. 1984c. Theory for identification and use of exotic germplasm in maize breeding programs. *Maydica.* 29:391-407. *

- Dudley, J.W. 1984d. A method for identifying populations containing favorable alleles not present in elite germplasm. *Crop Sci.* 24:1053-1054.
- _____. 1987a. Modification of methods for identifying inbred lines useful for improving parents of a elite single crosses. *Crop Sci.* 27:944-947. *
- _____. 1987b. Modification of methods for identifying populations to be used for improving parents of elite single crosses. *Crop Sci.* 27:940-943.
- _____. 1988a. Theory for identification of lines or populations useful for improvement of elite single crosses. In *Proceedings of the 2nd International Conference on Quantitative Genetics*. Weir, B.S., Eisen, E.J., Goodman, M.M, and Namukoong, G. (eds). pp. 451-461. Raleigh, N.C. Sinauer Associates Inc., Sunderland, MA.
- _____. 1988b. Evaluation of maize populations as sources of favorable alleles. *Crop Sci.* 28:486-491.
- _____, M.A. Saghai Maroof and G.K. Ruedner. 1992. Molecular marker information and selection of parents in corn breeding programs. *Crop Sci.* 32:301-304.
- _____, K.R. Lamkey and J.L. Geadelmann. 1996. Evaluation of populations for their potential to improve three maize hybrids. *Crop Sci.* 36:1553-1559.
- Duvick, D.N. 1984. Genetic contributions to yield gains to U. S. hybrids maize, 1930 to 1980. In *Genetic contributions to yield gains of five major crop plants*. Chapter 2. Walter, R. Ferh. Editor. Special Pub. No. 7. Crop Science Soc. Am. Madison, W. 5311. pp. 15-47.
- East, E.M. 1908. Inbreeding in corn. *Connecticut Agric. Exp. Stn. Rep.* 1907. pp.419-28.
- Emping, L.T., C.O. Gardner and W.A. Compton. 1972. Theoretical gains for different population improvement procedures. *Nebraska Agric. Exp. Stn. Bull.* MP26.(revised).

- Falconer, D.S. 1989. Introduction to Quantitative Genetics. third edition. Longman Inc., New York. 16:282-289.
- García, E. 1988. Modificaciones al sistema de clasificación climática de Koppen (para adaptarlo a las condiciones de la Rep. Mexicana). 4a Ed. UNAM. Instituto de Geografía. México, 217 pp.
- Gerloff, J.E. and O.S. Smith. 1988a. Choice of method for identifying germplasm with superior alleles. 1. Theoretical results. Theor. Appl. Genet. 76:209-216.
- _____ 1988b. Choice of method for identifying germplasm with superior alleles. 2. Computer simulation results. Theor. Appl. Genet. 76:217-227.
- González, J.S., H. Córdova, S. Rodríguez, H. De León y V. Serrato. (1997). determinación de un patrón heterótico a partir de la evaluación de un dialelo de diez líneas de maíz subtropical. Agron. Mesoam. 8(1):1-7.
- Hallauer, A.R. 1975. Relation of gene action and type of tester in maize breeding procedures. Proc. Ann. Corn Sorghum Ind. Res. Conf. 30:150-165.
- _____ and J.B. Miranda FO. 1981. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press Ames, Iowa, 50010. 468 pp.
- _____. 1987. Maize. In Principles of cultivars development. Vol. 2. Crop Species. Chapter 8. Walter, R. Ferh, Editor. Iowa State University. Mc Millan Publishing company. New York. pp. 249-294.
- _____, W.A. Russell and K.R. Lamkey. 1988. Corn breeding. In Corn and Corn Improvement. G. F. Sprague and J. W. Dudley (eds), third edition, pp. 463-564. Am. Soc. Agron., Madison, Wis.
- _____. 1990. Methods used in developing maize inbreds. Maydica 35:1-16.

- Hogan, R.M. and J.W. Dudley. 1991. Evaluation of a method for identifying sources of favorable alleles to improve an elite single cross. *Crop Sci.* 31:700-704.
- Hohls, T., G.P. Clarke, P.E. Shanahan and H.O. Gevers. 1995. An unbiased estimator for identifying lines useful for the improvement of elite single crosses, based on a combining ability model. *Heredity.* 75:155-163.
- Hull, F.H. 1945. Recurrent selection for specific combining ability in corn. *J. Am. Soc. Agron.* 37:134-145.
- Jenkins, M.T. and A. M. Brunson. 1932. Methods of testing inbred lines of maize in cross-bred combinations. *J. Am. Soc. Agron.* 24:523-530. ✖
- _____. 1934. Methods of estimating the performance of double crosses in corn. *J. Am. Soc. Agron.*, 26:199-204. ✖
- _____. 1935. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of corn upon the hybrids made after successive generations of selfing. *Iowa State J. Sci.* 3:429-450. ✖
- Jones, D.F. 1918. The effects of inbreeding and cross-breeding upon development. *Connecticut Agric. Exp. Stn. Bull.* 207:5-100.
- Johnson, B., M. Obaidi, L.D. Van Vleck and S. Katchman. 1994. The probability of correctly identifying superior maize genotypes. *Procc. Annu. Corn Sorghum Ind. Res. Conf.* 49:127-139.
- Kempthorne, O. 1957. *An Introduction to Genetics Statistics.* New York: John Wiley and Sons, Inc; London: Chapman, Hall, Ltd.
- Lamkey, K.R., B.J. Schnicker and T.L. Gocken. 1993. Choice of source populations for inbred line improvement. *Procc. Annu. Corn Sorghum Ind. Res. Conf.* 48:91-103.

- Lamkey, K.R. and A.E. Melchinger. 1995. Epistasis in a elite maize hybrid and choice of generation for inbred line development. *Crop Sci.* 35:1272-1281.
- López, P.E. 1986. Comparación entre diferentes probadores para evaluar líneas de maíz. Folleto de divulgación. Vol. 1 No. 7. UAAAN. Buenavista Saltillo, Coah. México.
- Matzinger, D.F. 1953. Comparison of three types of testers for the evaluation of inbreds lines of corn. *Agron. J.* 45:493-495.
- Metz, G. 1994. Probability of net gain of favorable alleles for improving an elite single corss. *Crop Sci.* 34:668-672.
- Misevic, D. 1989a. Identification of inbred lines as a source of new alleles for improvement of elite maize single crosses. *Crop Sci.* 29:1120-1125.
- _____. 1989b. Evaluation of three test statistics used to identify maize inbred lines with new favorable alleles not present in elite single cross. *Theor. Appl. Genet.* 77:402-408.
- _____. 1990. Evaluation of commercial maize hybrids as source of new favorable alleles. *Maydica* 35:287-295.
- Pfarr, D.G. and K.R. Lamkey. 1992a. Evaluation of theory for identifying populations for genetic improvement of maize hybrids. *Crop Sci.* 32:663-669.
- _____. 1992b. Comparison of methods for identifying populations for genetic improvement of maize hybrids. *Crop Sci.* 32:670-677.
- Rowlings, J.O. and D.L. Thompson. 1962. Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop Sci.* 2:217-220.

SAS USER's Guide. 1989. SAS Institute Inc. Statistical Analysis System.5. Cary, N. C. USA. 956 pp.

Secretaría de Agricultura y Recursos Hidráulicos (SARH). 1998. Variedades recomendadas de los principales cultivos con indicaciones para la época de siembra y cosecha, ciclo Otoño - Invierno 1997-1998 y Primavera - Verano 1998.

Shull, G.M. 1909. A pure line method of corn breeding. Am. Breeders' Assoc. Rep. 5:51-59.

Smith, J.S.C. and O.S. Smith. 1987. Associations among inbred lines of maize using electrophoretic, chromatographic, and pedigree data. 1. Multivariate and cluster analysis of data from 'Lancaster Sure Crop' derived lines. Theor. Appl. Genet. 73:654-664.

Sorrells, M.E. and W.A. Wilson. 1997. Review and interpretation. Direct classification and selection of superior alleles for crop improvement. Crop Sci. 37:691-697.

Sprague, G.F. and L.A. Tatum. 1942. General vs specific combining ability in single crosses of corn. J. Am. Soc. Agron. 34:923-932.

_____. 1946. Early testing of inbred lines of corn. J. Am. Soc. Agron. 38:107-117.

_____ and S.A. Eberhart. 1977. Corn breeding. In: G.F. Sprague (ed) Corn and corn improvement. 2nd ed. Agronomy 18. 6:305-363.

Srinivasan G. J.L. Torrez, and M. Banzinger. 1997. Heterosis and combining ability of elite highland maize lines under nitrogen-stress vs non -stress conditions. In: Book of abstracts. The Genetic and Exploitation of Heterosis in Crops. 17-22 August 1997.

- Stojsin, D. and L.W. Kannenberg. 1995. Evaluation of maize populations as sources of favorable alleles for improvement of two single-cross hybrids. *Crop Sci.* 35:1353-1359.
- Stuber, C.W., S.E. Lincoln, D.W. Wolff, T. Helentjaris and E.S. Lander. 1992. Identification of genetic factors contributing to heterosis in a hybrid from two elite maize inbred lines using molecular markers. *Genetics.* 132:823-839.
- Vasal, S.K., D.L. Beck, and J. Crossa. 1986. Studies on the combining ability of CIMMYT maize germplasm. CIMMYT Research Highlights 1986. CIMMYT, El Batán, México.
- , S. Mc Lean, F. San Vicente and S.K. Ramanujam. 1995. Heterotic patterns and the choice testers. Overview. CIMMYT Maize Program Internally Managed External Review of Breeding Strategies and Methodologies. 1995. Briefing Document.
- , F.M. San Vicente, S.D. Mc Lean, S.K. Ramanujam, M. Barandarian, A. Ramírez y J.G. Avila. 1996. Avances en el desarrollo de líneas como probadores en germoplasma tropical de maíz. XLII Reunión Anual del PCCMCA. San Salvador, El Salvador.
- Vergara, N. 1984. Rendimiento y aptitud combinatoria de cruza posibles de maíz (*Zea mays* L) entre seis poblaciones tropicales del CIMMYT con ocho cruza simples élite de la UAAAN. Tesis a Nivel Licenciatura. UAAAN, Buenavista, Coahuila.
- , S.K. Vasal, S.D. McLean, G. Srinivasan and S. Rodríguez H. 1997. Heterosis and combining ability among long and short-ear maize inbred lines. In: Book of abstracts. The Genetic and Exploitation of Heterosis in Crops. 17-22 August 1997.
- Zanoni, U. and J.W. Dudley. 1989a. Comparison of different methods of identifying inbreds useful for improving elite maize hybrids. *Crop Sci.* 29:577-582. *

Zanoni, U. and J.W. Dudley. 1989b. Use of F₂ generations to identify inbreds with favorable alleles not present in an elite hybrid. *Crop Sci.* 29:583-589.

_____. 1989c. Testcross evaluation of F₂ populations from maize inbreds selected for unique favorable alleles. *Crop Sci.* 29:589-595.

Zerh, B.E., J.W. Dudley, J.Chojecki, M.A. Saghai-Marooof and R.P. Mowers. 1992. Use of RFLP markers to search for alleles in a maize population for improvement of an elite hybrid. *Theor. Appl. Genet.* 38:903-911.

APENDICE