

**Dirección de retrocruzas y dosis óptima de germoplasma para
derivar líneas elite en maíz**

CIRILO CAHUARE RAMOS

T E S I S

**Presentada como requisito parcial
para obtener el grado de**

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO**

Universidad Autónoma Agraria

Antonio Narro



Saltillo, Coahuila, México, Junio 2011

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIRECCIÓN DE POSTGRADO

**Dirección de retrocruzas y dosis óptima de germoplasma para derivar
líneas elite en maíz**

TESIS

POR:

CIRILO CAHUARE RAMOS

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

**MAESTRIA EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO**

Comité Particular de Asesoría

Asesor principal :



Dr. Humberto De León Castillo

Asesor :



M.C. Daniel Sámano Garduño

Asesor:



Dr. Fernando González Cenicerros



Dr. Fernando Ruíz Zárate

Subdirector de Postgrado

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Junio de 2011.

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro” por brindarme la oportunidad de estudiar en sus aulas y todo lo que recibí de ella.

Al Dr. Humberto De León, por brindarme la oportunidad de trabajar en este interesante proyecto de investigación, por sus enseñanzas tanto en el aula como en el trabajo de tesis, así mismo mi admiración y respeto por su calidad como maestro e investigador.

Al M.C. Daniel Sámano, por brindarme sus consejos y apoyo técnico en la elaboración de este trabajo, además de ser un gran amigo.

Al Dr. Santos González por su amistad, apoyo, consejos durante la estancia en la universidad, sus valiosas sugerencias y la colaboración para realizar este trabajo.

A mi compañero de generación: Francisco Alfonso (**Paco**), y de mas amigos: **Luis (Borre)**, **Licho**, **Macchi**, **Bricia**, **Olga Nájera**, **Campeche**, **Magalidia**, **Martha Monzerrat**, **Rosendo** y **Eva** quienes compartieron conmigo muchísimas experiencias y conocimientos, pero sobre todo por su gran apoyo como compañeros y amigos.

Eryka Natalio Ríos Herrera por ser parte de mi vida quien me ha apoyado incondicionalmente.

Al **CONACYT** por el otorgamiento del soporte financiero por los cuatro semestre en la UAAAN y para el desarrollo de esta investigación científica.

A todos y a cada uno, que me apoyaron de una manera desinteresada en los momentos difíciles durante la estancia en la universidad y los que colaboraron para realización de esta tesis y los maestros que de una u otra forma contribuyeron en mi formación.

DEDICATORIA

A mis padres **Cirilo Cahuare Martínez y Georgina Ramos Pereyra**, quien con su esfuerzo ejemplar y apoyo incondicional, me impulsaron a aprovechar y a disfrutar de los grandes beneficios de la mejor herencia la educación.

A mis hermanos: **Laura, Fausto, Fernando, Guillermo, Martha y Josefa** quienes me han brindado su cariño y apoyo incondicional.

A la empresa **PIONEER** por todos los apoyos económicos, y por llevarse a cabo la evaluación en campo de este trabajo de investigación. En especial al Dr. Santos González y Dr. Fernando González.

COMPENDIO

**Dirección de retrocruzas y dosis óptima de germoplasma para
derivar líneas elite en maíz**

POR:

CIRILO CAHUARE RAMOS

**MAESTRIA EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO**

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Junio 2011.

Dr. Humberto De León Castillo -- Asesor --

Palabras clave: Dosis de germoplasma, índice de Selección, aptitud combinatoria general, probadores, modelo de regresión de los sitios (SREG).

En este trabajo 20 líneas (material recurrente) del Instituto Mexicano del Maíz (IMM) se cruzaron con líneas derivadas de híbridos comerciales (material donador) con los siguientes objetivos i) Identificar cuál es la dosis de germoplasma y dirección de las retrocruzas que requiere cada línea para mejorar su comportamiento agronómico, medido a través de su potencial genético transmitidos en sus descendientes híbridos; ii) Identificar líneas superiores por su comportamiento genético a través de su aptitud combinatoria general (ACG); iii) Identificar el probador que tenga la mayor capacidad de discriminación y iv) Identificar al menos un híbrido sobresaliente con base a los valores de un índice de selección y estabilidad del mismo. El material genético partió de un conjunto de líneas recicladas con diferentes dosis de germoplasma. En total se incluyeron 113 líneas recicladas al nivel de S_2 de las cuales 24 pertenecen a la dosis A, líneas derivadas directamente de la F_2 ; 39 a la dosis B. derivadas de la RC_1 hacia el recurrente; 20 de la dosis C. derivadas de la RC_1 hacia el donador; 18 a la dosis D derivadas de la RC_2 hacia el recurrente y la dosis E 12 derivadas de la RC_2 hacia el donante. Éstas fueron apareadas con cuatro probadores (dos líneas y dos cruza simples). La evaluación de los híbridos experimentales, 51 testigos de la UAAN y tres testigos de la empresa PIONEER, se realizó en tres ambientes en el estado de Sinaloa Corerepe Guasave, 20 de Noviembre y Navolato Sataya, durante el 2009-2010 del ciclo O-I. La estimación del índice de selección (IS) se realizó por repetición, para cada híbrido experimental y testigos, en él se integró los valores fenotípicos de rendimiento de grano, porcentaje de humedad y relación mazorca planta; la selección se realizó por el valor más bajo al merito de IS de cada genotipo, auxiliado por el modelo de regresión de los sitios que considera simultáneamente los efectos del genotipo, la interacción genotipo por ambiente y la estabilidad de los genotipos. Se realizó un análisis de línea por probador para seleccionar las líneas, de buen comportamiento genético, medido por su aptitud combinatoria general. También se analizó el comportamiento de las dosis de germoplasma, con base en los contrastes ortogonales entre dosis, para identificar la dosis adecuada de germoplasma que requiere una línea para

mejorar su comportamiento. Los resultados indican que los materiales que obtuvieron el mejor comportamiento con base en los valores del IS son los testigos de la empresa PIONEER: P2 (P2837W), P1 (30P49) y P3 (X8C137W). Mientras que los mejores híbridos experimental bajo este mismo criterio son: el 392 perteneciente a la dosis E; y de la dosis C, 256, 252 y 292; considerando el comportamiento de estabilidad a través de los ambientes, los mejores híbridos experimentales son 256, 281 y 45. En cuanto a las líneas con mejor aptitud combinatoria general son las siguientes: líneas de la dosis E, 113, 114; dosis C, 77 y 78. El probador que se sugiere utilizar para seleccionar líneas y generar simultáneamente buenos híbridos por tener mayor contribución para las variables evaluadas es el probador 4 (Línea C). La dosis E (12.5 y 87.5% recurrente y donador respectivamente) fue considerada la óptima, porque mejoró más variables: (rendimiento, resistencia a roya, altura de mazorca y acame de raíz).

ABSTRACT

Backcross direction and optimal dose of germplasm to derive elite
maize lines

By

CIRILO CAHUARE RAMOS

MASTER OF SCIENCE IN PLANT BREEDING

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. June 2011.

Ph. D. Humberto De León Castillo -- Advisor --

Keywords: Dose of germplasm, selection index, general combining ability,
testers, sites regression model (SREG).

In this study, 20 lines (recurrent material) from the Instituto Mexicano del Maiz (IMM) were crossed with lines that came from commercial hybrids (donator material); the purpose of this study was: i) identify the germplasm dose, as well as the backcrosses direction that each line to improve the agronomical behavior, that is measured from its genetic potential that is transmitted in its descendant hybrids; ii) to identify superior lines in terms of genetic behavior from its General Combining Ability (GCA); iii) identify the tester that contains the highest capacity of discrimination; and iv) identify, at least one outstanding hybrid based on the values of selection and stability index. The genetic material came from a set of recycled lines with different doses of germplasm. Totally, there were included 113 recycled lines at a S_2 level; 24 of them belong to the A doses, lines derived directly from the F_2 ; 39 belong to the B doses, derived from the BC_1 through the recurrent; 20 of them belong to the C doses; derived from the BC_1 through the donor; 18 belong to the D doses, derived from the BC_2 through the recurrent and the E doses, 12 of them derived from the BC_2 through the donor. These lines were paired with four testers (two lines and two single crosses). The evaluation of the experimental hybrids, 51 checks from the UAAN and three checks from the Seed Company Pioneer, was established in three different environments in Estado de Sinaloa: Corespe Guasave, 20 de Noviembre and Navolato Sataya, during the season of Fall-Winter of 2009 -2010. The estimation of the selection index (SI) was realized by repetition, for each experimental hybrid and checks; in this estimation, the phenotypical values for yield, percent moisture and ear plant relation were integrated; the selection was realized by the lowest value for the IS of each genotype, supported by the regression model of the sites, that considers simultaneously the genotype effects, the genotype interaction with the environment and the stability of the genotypes. An analysis of line crossed with a tester was realized to select the lines of good genetic behavior, measured by its general combining ability. Therefore, the behavior of the germplasm doses was analyzed, based on the orthogonal contrasts between doses to identify the most adequate germplasm doses that require a line to improve its behavior. The results indicate that the materials that got the best behavior based on the SI

values are the checks of the Seed Company Pioneer: P2 (P2837W), P1 (30P49) and P3 (X8C13W). Meanwhile, the best experimental hybrids with the same criteria are: the 392 that belongs to the E doses; and the one of the C doses, 256, 252 and 292; considering the stability behavior between the environments, the best experimental hybrids are: 256, 281 and 45. In relation to the lines with the best general combining ability are: lines from the E doses, 113, 114; lines from the C doses, 77 and 78. The check that is suggested to use to select lines and generate, simultaneously good hybrids in terms of a bigger contribution for the evaluated variables is the Tester 4 (Line C). The E doses (12.5 and 87.5% recurrent and donor respectively), was considered the best one because it improved more variables: yield, roasting resistance, ear height and root lodging.

ÍNDICE DE CONTENIDO	Pág.
ÍNDICE DE CUADROS.....	xiii
ÍNDICE DE FIGURAS.....	xv
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivo.....	3
Hipótesis.....	4
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	5
Desarrollo de líneas.....	5
Retrocruzas.....	7
Dosis de germoplasma.....	9
Índice de selección (IS).....	11
Interacción genotipo x ambiente (IGA).....	12
Línea x probador.....	14
Probadores.....	15
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	18
Material genético.....	18
Descripción de la parcela experimenta y fechas de siembras.....	23
Labores culturales.....	24
Datos agronómicos registrados.....	25
Análisis de varianza general.....	27
Índice de selección.....	28
Análisis de regresión en los sitios.....	30
Diseños genéticos.....	32
Criterios de selección.....	34
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	36
Análisis de varianza general.....	36
Selección de híbridos mediante el modelo SREG.....	40
Índice de selección (IS).....	43
Selección de híbridos superiores en base IS utilizando el modelo SREG.....	46
Análisis de línea x probador.....	48

Dosis de germoplasma.....	54
V. CONCLUSIONES.....	59
VI.	
RESUMEN.....	60
VII.LITERATURA CITADA.....	62
VIII. APÉNDICE.....	67

ÍNDICE DE CUADROS

Pág.

Cuadro 3.1	Genealogía de las diferentes líneas y dosis.....	19
Cuadro 3.2	Genealogía de los probadores y testigos.....	22
Cuadro 3.3	Descripción de las localidades de siembra.....	23
Cuadro 3.4	Fecha de siembra de los ambiente de evaluación.....	24
Cuadro 3.5	Metas e intensidades utilizadas por repetición para el cálculo de índice de selección de 3 variables fenotípicas.....	30
Cuadro 4.1	Cuadros medios del análisis de varianza combinado a través de ambientes para los genotipos y su descomposición, la variable rendimiento.....	36
Cuadro 4.2	Medias de rendimiento.....	38
Cuadro 4.3	Los mejores 10 híbridos de cruza triple y simple.....	40
Cuadro 4.4	Cuadros medios del análisis de varianza combinado a través de ambiente para los genotipos, integrados en un índice de selección de tres variables rendimiento, porcentaje de humedad y relación mazorca planta.....	44
Cuadro 4.5	Selección de híbridos con índice de selección.....	45
Cuadro 4.6	Cuadros medios del análisis de varianza de línea x probador de 113 líneas para cinco características.....	49
Cuadro 4.7	Las mejores líneas en aptitud combinatoria general (ACG) en cinco variables y en la dosis a la que pertenece.....	51

Cuadro 4.8	Aptitud combinatoria específica (ACE) de las cinco variables.	52
Cuadro 4.9	Aptitud combinatoria general de los probadores en las diferentes característica de evaluación.....	53
Cuadro 4.10	Cuadrados medios del análisis de varianza de cinco variables para las cinco dosis de germoplasma.....	55
Cuadro 4.11	Concentración de medias de cinco variables para las cinco dosis de germoplasma.....	57

ÍNDICE DE FIGURAS

		Pág.
Figura 4.1	Biplot GGE. Patrón de respuesta de 408 híbridos experimentales, testigos de la UAAAN y PIONEER.....	41
Figura 4.1A	Proyección del recuadro de la figura 4.1 donde se aprecia el probador virtual y el comportamiento de los híbridos evaluados.....	43
Figura 4.2	Biplot GGE. Patrón de respuesta del IS de 408 híbridos experimentales, testigos de la UAAAN y PIONEER.....	47
Figura 4.2A	Proyección del recuadro de la figura 4.2 donde se aprecia el probador virtual y el comportamiento de los híbridos; testigo UAAAN y PIONEER.....	48

I. INTRODUCCIÓN

Los esfuerzos de mejoramiento de los últimos 50 años, han determinado que junto a mayores niveles de productividad se detecten altos niveles de vulnerabilidad genética, lo cual amenaza el logro de aumentos sostenidos en el potencial de rendimiento, por el uso de los esquemas de selección e hibridación utilizados en el mejoramiento (Pritsch 2001).

Tales esquemas, son utilizados por la mayoría de los programas de mejoramiento, preferentemente integran en su estrategia, material genético propio, teniendo por lo tanto, un fondo genético restringido, originado híbridos con características muy similares. Desaprovechando la gran diversidad genética que existe en el país.

Si bien los híbridos presentan un buen comportamiento agronómico, después de un cierto tiempo, van a presentar al menos una característica indeseable, esto en ocasiones es difícil de corregir porque dentro del programa no se cuenta con los genes que regulan esta característica. Una forma de atender esta situación es recurrir a fuentes de germoplasma que contengan dichas características de interés e integrarlo al programa.

Para corregir las deficiencias de los híbridos se tiene que hacer mejoras en sus líneas progenitoras. Existen varios procedimientos para hacerlo como es la selección gamética y el método convergente con el uso de retrocruzas.

Con la metodología por retrocruzas se puede corregir el comportamiento de dichos progenitores, aprovechando los genes introducidos, para esto debe generarse una nueva población de cruce simple y de ahí derivar nuevas líneas con los atributos deseados.

Las poblaciones de cruces simple se pueden formar autofecundando la F_1 de la cruce de la línea de interés con la donadora, simultáneamente la F_1 también puede ser cruzada una o más veces con uno o ambos progenitores generando de esta manera diferentes dosis de germoplasma, en las cuales se tiene la oportunidad de derivar líneas en cada una de ellas.

En este trabajo 20 líneas (material recurrente) del Instituto Mexicano del Maíz (IMM) se cruzaron con líneas derivadas de híbridos comerciales (material donador), con la idea de generar nuevos progenitores con un mejor comportamiento agronómico, bajo la siguiente propuesta:

Derivar líneas directamente de las poblaciones F_2 así como de las poblaciones generadas de las retrocruzas uno y dos hacia ambos progenitores por lo que se generaron materiales endogámicos con cinco diferente dosis de germoplasma. Todos estos se cruzaron con cuatro probadores. Las cruces de prueba generada con las líneas y los probadores se realizaron para lograr los siguientes:

OBJETIVOS

Identificar cuál es la dosis de germoplasma y dirección de las retrocruzas que requiere cada línea en proceso de recuperación para mejorar su comportamiento agronómico medido a través de su potencial genético transmitidos en sus descendientes híbridos.

Identificar líneas superiores por su comportamiento genético a través de su aptitud combinatoria general (ACG).

Identificar el probador que tenga mayor capacidad de discriminación de líneas.

Identificar al menos un híbrido sobresaliente con base a los valores de un índice de selección y estabilidad del mismo.

HIPÓTESIS

Existirá una amplia variación genética dentro y entre las dosis debido al nivel de participación de los progenitores.

Debido a que las líneas tienen un origen específico cada una de ellas presentará atributos genéticos diferentes siendo unas mejores que otras.

Los probadores involucrados, presentarán diferente poder de discriminación y de combinación con las líneas.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Desarrollo de líneas

El mejoramiento del maíz incluye dos componentes de igual importancia: la elección del germoplasma y el desarrollo de líneas para su uso en híbridos (Guillen *et al.*, 2009) el primero es una de las decisiones más importantes que el mejorador debe tomar, ya que puede ser determinante en el éxito del programa. Las fuentes de germoplasma que se utilicen necesitan poseer características agronómicas deseables, principalmente en lo relativo a altura de planta, mazorca y calidad de tallo, que permitan generar buenos progenitores (Vasal *et al.*, 1994).

Esquivel *et al.* (2009) mencionan que al evaluar gran cantidad de germoplasma, los resultados que se pueden obtener, es la identificación de materiales sobresalientes en forma *per se*, la elección de combinaciones que permitan explotar la heterosis, o bien por la posibilidad de contar con genes que determinan caracteres cuantitativos deseables y que mediante recombinación y selección puedan concentrarse para generar poblaciones superiores.

La importancia de la evaluación de las líneas en generaciones tempranas, como una medida, que permita identificar progenitores prometedores (Vega *et al.*, 1998), esta dado porque las líneas adquieren su individualidad en las primeras generaciones, y con las seleccionadas siguen el proceso de endogamia, para un futuro estos genotipos incorporarlos a un programa de hibridación (Mendoza *et al.*, 2000).

Dentro de un programa de hibridación, siempre existe un proceso de desarrollo de líneas, el cual no es únicamente para formar híbridos sino que también para crear nuevas fuentes de germoplasma que tengan una mayor utilidad (Vasal *et al.*, 1994). Sin embargo, se ha puesto poco énfasis en la identificación de nuevas fuentes de germoplasma de maíz, que puede ser utilizado en programas de mejoramiento. (Dos Santos *et al.*, 2001).

El desarrollo y mejoramiento de líneas de maíz, es un proceso sistemático en el cual se involucran diferentes y nuevas metodologías de selección, mediante las cuales se descartan algunas líneas en las primeras etapas de selección con base en su apariencia fenotípica, y más tarde por su aptitud combinatoria, como resultado de las pruebas tempranas. Sin embargo, generalmente los fitomejoradores encuentran dificultades en la extracción de líneas superiores, hecho que puede ser atribuido a las fuentes de germoplasma y a la continua depresión endogámica a la que se somete dicho germoplasma (Vergara *et al.*, 2003).

Los programas de mejoramiento en maíz, se dedican a desarrollar líneas endocriadas que puedan tener un uso potencial como parentales de híbridos de excelente comportamiento (García *et al.*, 2004).

La identificación de los padres (líneas puras) para desarrollar híbridos superiores es un paso bastante costoso y lleva mucho tiempo en el mejoramiento de maíz (Choukan y Warburton, 2006). La selección de líneas donadoras como fuente de alelos favorables para el mejoramiento de un híbrido élite es una parte esencial en un programa de hibridación (Vergara *et al.*, 2003).

El reciclaje de líneas se puede realizar en varias maneras, pero siempre debe ser dentro del mismo grupo heterótico. En este proceso es necesario crear fuentes de líneas F_2 con base a cruza simples, e iniciar nuevamente una etapa de endocria para generar nuevas líneas. También, para el desarrollo de nuevas líneas se puede utilizar un programa de retrocruza (Vergara *et al.*, 1994).

Retrocruzas

La incorporación de diversidad genética a partir de materiales elite o avanzados ya adaptados se realiza mediante retrocruzas y análisis de pedigrí. La ganancia genética esperada dependerá del grado de relación genética existente (Pritsch 2001).

El retrocruzamiento es la operación de volver a cruzar un híbrido (F_1) con uno de sus parentales, seguir cruzando con el parental con el objeto de incluir en ésta una característica que no posee comúnmente, provenientes de genotipos inferiores resistentes, a genotipos superiores, recuperando al final del proceso todo el resto de su propio genotipo (Cubero, 1999).

Los programas de mejoramiento de líneas permiten mejorar los caracteres y corregir las deficiencias de los materiales existentes. (Casas *et al.* 2003). El método por retrocruza es utilizado para incorporar a una línea ya establecida, una característica deseable de la que obviamente carece. Lo más común es incorporar características de resistencia a factores adversos de la producción como son las enfermedades, plagas, sequía, heladas, etc.

Por otro lado, Marquéz (1988) mencionó que desde el punto de vista del mejoramiento, es la recuperación del genotipo de la línea o progenitor recurrente y se va logrando a través de los sucesivos retrocruzamientos, recuperar o recobrar genes de dicha línea.

Arnao *et al.* (2006) mencionan que el método de la retrocruza es el más empleado para la incorporación de genes simples de resistencia. Sin embargo, el proceso se dificulta cuando existe ligamiento de estos genes con características indeseables, el cual puede ser difícil de romper, aún después de muchas generaciones de retrocruzas.

Ramírez *et al.* (2003) realizaron cruzamientos entre materiales criollos y variedades mejoradas, donde obtuvieron la cruce original RC_0F_1 ; posteriormente hicieron retrocruzas hacia ambos progenitores, los resultados encontrados es que, la retrocruza hacia la variedad mejorada tuvo rendimiento estadísticamente igual a la cruce original, pero menor altura de mazorca y mayor resistencia al acame, y la retrocruza hacia el criollo tuvo altura de mazorca y susceptibilidad al acame similar a la cruce original.

Casas *et al.* (2003) utilizaron el método de retrocruzamiento para transferir genes de teocintle a líneas élite de maíz cultivado. Esta transferencia de germoplasma incrementó el rendimiento de grano, el vigor de las plantas y la precocidad de las líneas.

Dosis de germoplasma

Casas *et al.* (2003) realizaron cruzamientos de líneas élite de maíz con teocintle, a partir de la F_1 , se efectuaron tres retrocruzas (RC_1 , RC_2 y RC_3) hacia las líneas élite. Se evaluaron las diferentes retrocruzas y líneas originales. Los resultados obtenidos fueron que la RC_3 (dosis de 93.75 de la línea élite y el 6.25 % de teocintle) es la mejor, porque logró ganancias en rendimiento, vigor de la planta y precocidad en comparación con las líneas originales.

Los mismo autores encontraron otra ventaja adicional con la RC_3 , es que a pesar de que las líneas recobradas tienen mucha similitud con las originales, se ha observado que dentro de éstas existe diversidad genética que puede ser aprovechada para derivar líneas.

Barrera *et al.* (2005) realizaron cruzamiento de 10 razas de maíz con variedades mejoradas que fueron materiales donantes con características agronómicas deseables; luego se hizo una retrocruza hacia la raza respectiva y se avanzaron a la generación F_7 (RC_1-F_7); se hizo selección para recuperar las características morfológicas de la mazorca de la raza original. Los resultados que encontraron fue que el rendimiento de las 10 poblaciones retrocruzadas resulto muy similar a los progenitores usados.

De Marchi y Biasutti (1999) realizaron cruzamiento de una población adaptada (MPB-FCA 856), con tres poblaciones exóticas (AMX, CMX y AND,). A partir de estos materiales se obtuvieron las cruzas F_1 y F_2 , adaptada x exótica y las retrocruzas con el padre adaptado, obteniéndose poblaciones con distinto porcentaje de germoplasma exótico: 100%, 50%, 25% y 0%.hacia el padre adaptado. Los resultados obtenidos fueron que las retrocruzas manifestaron superioridad sobre las F_2 , en la población con 25% de germoplasma exótico, tiene efectos positivos en el rendimiento.

Dos Santos *et al.* (2000) mencionan que los mejoradores de maíz con frecuencia desean utilizar germoplasma exótico en sus programas de mejoramiento, sin perder las características específicas de su material adaptado. Se utilizaron seis poblaciones exóticas de diferentes orígenes y dos poblaciones adaptadas, se realizaron cruzamiento entre ellos y tres retrocruzas hacia los adaptados, ($F_2 = 50\%$ exóticas, $BC_1 = 25\%$ exóticas, $BC_2 = 12.5\%$ exóticas y $BC_3 = 6.25\%$ exóticos). Los mejores resultados se obtuvieron cuando se incorpora el 6.25 ó 12.5% de los genes exóticos, debido que presentan las mejores medias de rendimiento.

Whitehead *et al.* (2006) mencionan que el germoplasma élite y la variación genética adecuada, es esencial en el éxito de los programas de fitomejoramiento, en el área de EE.UU. conocido como el cinturón de maíz, se han dado cuenta que tienen germoplasma limitado, por lo que, incorporaron germoplasma élite subtropical y tropical en germoplasma elite EE.UU. (germoplasma templado).

Estos mismo autores Realizaron cruzamiento entre estas poblaciones y retrocruzas hacia en germoplasma templado, para formar fuentes de

germoplasma que incluyen el 75% y 87.5 del germoplasma templadas y 25%, 12.5 del germoplasma subtropicales y tropical. Fueron evaluados para identificar progenies superiores, el retrocruzamientos con un 12.5% del germoplasma exótico (tropical y subtropical) encontraron características agronómicas similares a las fuentes de germoplasma de élite templadas.

Morales *et al.* (2007) realizaron un trabajo con 12 poblaciones, seis adaptadas a la región centro-occidente de México y seis exóticas provenientes de otras áreas, con estos materiales se hicieron las cruzas posibles (dialelico). Luego se evaluaron 66 cruzas además incluyeron testigos. Realizaron comparación de adaptado por adaptado contra exótico por exótico, los resultados, es que el rendimiento promedio del Grupo 1 (6588 kg ha⁻¹), formado entre poblaciones adaptadas x adaptadas, fue superior al rendimiento del Grupo 2 (5199 kg ha⁻¹) conformado por combinaciones entre poblaciones exóticas.

Índice de selección

En la actualidad existen varios métodos en el mejoramiento genético para seleccionar al mejor genotipo, y los tres de mayor importancia son: selección en tándem, selección simultánea de caracteres independientes e índice de selección (IS) (Cerón y Sahagún, 2005).

El rendimiento es un carácter cuantitativo y la mejora de rendimiento de grano a través de selección directa es mucho tiempo, la selección indirecta que consiste en índice de selección es más comprometedor, (Modarresi *et al.*, 2004) menciona que los índices de selección han sido un criterio de selección

efectiva, debido a que con esta metodología se ha aumentado el rendimiento de grano de maíz.

Los mejoradores presentan dificultad en identificar las mejores líneas y cruzas debido a que se evalúan varios caracteres. Los índices de selección es una metodología utilizada que permiten separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres la cual toma en consideración además de los aspectos genéticos, la importancia económica de las características involucradas (Cerón y Sahagún, 2005). Xu (2003) establece que uno de los objetivos es seleccionar los mejores materiales, esto dependerá de lo que se desea mejorar.

El programa de índice de de selección desarrollado en Centro internacional de Mejoramiento de Maíz y trigo (CIMMYT), por Barreto *et al.*, (1991), genera una variable llamada índice, que incorpora matemáticamente en un solo valor numérico todas las características expresadas por el usuario, por lo tanto, mientras más pequeño es el valor del índice más cerca se encuentra el genotipo de los criterios deseado, se considera el genotipo superior.

Interacción genotipo x ambiente (IGA)

Para la obtención de nuevas variedades es necesario evaluar los materiales en diferentes ambientes y medir su interacción genotipo x ambiente (IGA) la cual da una idea de la estabilidad fenotípica de las variedades ante las fluctuaciones ambientales (Roa *et al.*, 2010).

Estos mismos autores mencionan que la IGA son importantes fuentes de variación en cualquier cultivo y el término estabilidad es usado para caracterizar genotipos que muestran rendimientos relativamente constantes, independientemente de las condiciones ambientales cambiantes

La existencia de IGA implica que el comportamiento relativo entre cultivares no es el mismo al cambiar de ambiente, esto hace que la evaluación de cultivares mediante valores promedios en varios ambientes sea ineficiente (Contreras y Krarup 2000).

La IGA, causa variaciones importantes en el comportamiento de los genotipos a través del tiempo, ocasionadas por factores no permanentes (precipitación, temperaturas, presencia de patógenos, etc.), que dificultan la identificación de genotipos superiores (Rodríguez *et al.*, 2005).

Cuando los genotipos se expresan de diferentes manera en distintos ambientes se dice que hay IGA. Es obvio que siempre existirá si los ambientes son muy extremos, pues no se conoce genotipo alguno de ninguna especie que se comporte de igual forma. IGA sigue siendo, pues, un factor de mayor importancia para el mejorador. (Cubero, 2003).

Varios procedimientos estadísticos han sido usados para el análisis de la IGA, incluyendo métodos univariados y multivariados. El uso del “biplot”, es una técnica de representación gráfica, es una herramienta útil para la interpretación de patrones de respuesta de los genotipos, ambientes y de la interacción. (Alejos *et al.*, 2006).

Para evaluar el comportamiento agronómico de los cultivares, generados de los programas de mejoramiento genético de cualquier rubro agrícola, es necesario medir la estabilidad relativa de los genotipos sometidos a la totalidad de los ambientes predominantes en una región potencial de adaptación. La ocurrencia a menudo de IGA en este tipo de ensayos exige la realización de estudios adicionales con el propósito de precisar la selección de individuos con adaptabilidad general y específica (Alejos *et al.*, 2006).

El modelo de regresión de sitios (SREG) se utiliza para el análisis de los datos provenientes de ensayos comparativos de rendimiento multiambientales, en especial cuando el ambiente es la fuente de variación más importante en relación con la contribución del genotipo y la IGA, proporciona un análisis gráfico del comportamiento (rendimiento y estabilidad) de los genotipos (Ibañez, *et al.*, 2006). Este gráfico permite identificar el genotipo de mayor potencial en cada ambiente y agrupar genotipos y ambientes con patrones similares de respuesta (Berti, *et al.*, 2010).

Fritsche-Neto *et al.* (2010) usaron dos metodologías, SREG y el análisis factorial, para estratificar la IGA en maíz. Los resultados que encontraron es que con el análisis factorial, se puede seleccionar al mejor genotipo en determinado ambiente, sin embargo, con esta metodología no identifico al genotipo específico por interacción genotipo x ambiente, lo cual es posible a través del análisis SREG.

Línea x probador

Para medir el potencial genético de las líneas, existen diferentes metodologías, las cruas dialélicas propuestos por Griffing (1956), generalmente son utilizadas por los programas de mejoramiento de plantas para obtener información de aptitud combinatoria y parámetros genéticos de sus fuentes de germoplasma, los cuales son adecuados cuando el número de progenitores es reducido, pero cuando este número se incrementa el procedimiento es más difícil (Vergara *et al.*, 2005).

Mientras que, el análisis de línea x probador, es una extensión del método anterior, en el cual varios probadores son utilizados, proporcionando información de aptitud combinatoria general y específica, y además estima varios tipos de efectos genéticos (Singh y Chaudhary 1985).

El análisis de línea x probador es una de las estrategias de mejoramiento para evaluar efectos de aptitud combinatoria de los genotipos y también para proporcionar información sobre los mecanismos genéticos que controlan los rasgos (Akbar *et al.*, 2009), el conocimiento de aptitud combinatoria general y específica (ACG, ACE) que influye en el rendimiento y sus componentes se ha convertido cada vez más importante para los mejoradores de plantas en la elección de los padres adecuados para el desarrollo de híbridos potenciales.

Probadores

La elección de probadores apropiados es un tema muy complejo en el mejoramiento genético de cultivos, debido al tipo de herencia de los caracteres en estudio y a las interacciones entre genotipo y ambiente. Un probador es el que clasifique y discrimine correctamente el comportamiento de cualquier tipo

de material, como líneas homogéneas, poblaciones heterogéneas y especies silvestres, todo esto, aún sin conocer el origen y pedigrí del material. (De la Cruz *et al.*, 2008).

Sierra *et al.* (1998) recomiendan el uso de probadores porque representan una estrategia metodológica alternativa en la generación de híbridos ya que permite de una manera eficiente dirigir cruzamientos y lograr mejores combinaciones híbridas.

Paliwal (2001) menciona que en un programa de obtención de híbridos, los probadores pueden ser usados para varios propósitos: para establecer grupos heteróticos, formación y mejoramiento de nuevos grupos heteróticos, evaluación de la aptitud combinatoria de las líneas e identificación de las combinaciones específicas de híbridos.

En un programa de mejoramiento genético por hibridación de maíz, es importante disponer de un probador confiable y eficiente de la aptitud combinatoria general (ACG) de líneas autofecundadas. El uso de líneas de baja ACG como probador permitirá de manera eficiente identificar líneas para usarse en la formación de híbridos y variedades sintéticas con alto potencial productivo (Lobato *et al.*, 2010).

Es un hecho que con el uso de diferentes probadores se obtiene la máxima información logrando seleccionar el germoplasma deseado y cultivares comerciales a corto plazo (híbridos). Mendoza *et al.* (2000) evaluaron probadores de amplia y reducida base genética para saber cuál es el más valioso para discriminar y clasificar líneas, los resultados obtenidos indicaron

que el probador más apropiado para la discriminación y clasificación de líneas, fue el de amplia base genética.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

El capítulo incluye la descripción del material genético, los ambientes de evaluación, diseño de siembra, parcela experimental, labores culturales, datos agronómicos registrados, análisis estadísticos y fórmulas empleadas para cálculos específicos.

Material genético

El material genético utilizado en el presente trabajo de investigación partió de un conjunto de líneas recuperadas con diferentes dosis de germoplasma. En total 113 líneas recuperada de las cuales 24 pertenecen a la dosis A; 39 a la dosis B; 20 líneas de a la dosis C; 18 a la dosis D y de la dosis E fueron 12 (Cuadro 3.1).

Para evaluar el comportamiento genético de las líneas, éstas se cruzaron con dos líneas y dos cruza simples como probadores, generando de esta manera híbridos simples y triples.

Las cinco dosis de germoplasma que exhibían las líneas recuperadas son: dosis A, son líneas derivadas directamente de las cruza simples en F_2 teniendo una dosis de 50 % de material genético original y 50 % de los donantes; dosis B, líneas derivadas de la retrocruza uno hacia los materiales

genéticos del IMM con una dosis de 75 % y 25 % de los donadores; dosis C, son líneas derivadas de la retrocruza hacia los donadoras con una dosis de 25 % y 75 % de germoplasma del IMM y de los donadores respectivamente; dosis D, líneas derivadas de la retrocruza dos hacia los materiales genéticos del IMM con una dosis de 87.5 % y 12.5 % la dosis E son líneas derivadas de la retrocruza dos hacia los donadores, con una dosis 12.5 % y 87.5 % de germoplasma del IMM y de los donadores respectivamente.

Cuadro 3.1. Genealogía de las diferentes líneas y dosis.

L	GENEALOGIA	D	L	GENEALOGIA	D
1	(M13 x 43-46-2-3-2)-1	A	59	((M7xE-197) x E-197-6)-6	B
2	(M13 x 43-46-2-3-2)-10	A	60	((M7xV524-4119HC-218-3 x V524-4119HC-218-3-2)-15	B
3	(M13 x 43-46-2-3-2)-18	A	61	((M7xV524-4119HC-218-3 x V524-4119HC-218-3-2)-4	B
4	(M15 x CML-11-3)-18	A	62	((M7xV524-4119HC-218-3 x V524-4119HC-218-3-2)-7	B
5	(M15 x CML-11-3)-19	A	63	((M9xE-197) x E-197-6)-2	B
6	(M15 x E-195-5)-6	A	64	((M9xE-197) x E-197-6)-20	B
7	(M21 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-17	A	65	((M15xPN-311-2-A-3-6) x M15)-18	C
8	(M21 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-2	A	66	((M15xPN-311-2-A-3-6) x M15)-9	C
9	(M21 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-3	A	67	((M16xE-195) x M16)-1	C
10	(M35 x 351-296-1-6-A)-18	A	68	((M16xE-195) x M16)-16	C
11	(M35 x 351-296-1-6-A)-2	A	69	((M16xE-197) x M16)-19	C
12	(M42 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-11	A	70	((M16xE-197) x M16)-3	C
13	(M42 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-19	A	71	((M22xE-197) x M22)-15	C
14	(M42 x 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-4	A	72	((M22xE-197) x M22)-20	C
15	(M42 x E-195-3)-12	A	73	((M27xE-197) x M27)-2	C
16	(M7 x 351-296-1-6-A)-18	A	74	((M27xE-197) x M27)-5	C
17	(M7 x 351-296-1-6-A)-8	A	75	((M29xE-197) x M29)-3	C
18	(M7 x 351-296-1-6-A)-9	A	76	((M29xE-197) x M29)-6	C

19	((M7 x 43-46-2-3-2)-11	A	77	((M7xE-197) x M7)-12	C
20	((M7 x 43-46-2-3-2)-2	A	78	((M7xE-197) x M7)-20	C
21	((M7 x 43-46-2-3-2)-3	A	79	((M7xE-197) x M7)-5	C
22	((M7 x 43-46-2-3-2)-6	A	80	((M7xV524) x M7)-10	C
23	((M7 x 43-46-2-3-2)-7	A	81	((M7xV524) x M7)-12	C
24	((M7 x 43-46-2-3-2)-9	A	82	((M7xV524) x M7)-15	C
25	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1)-13	B	83	((M7xV524) x M7)-17	C
27	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1)-15	B	84	((M7xV524) x M7)-7	C
28	((M15xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A)-20	B	85	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1) X V524-4119HC-218-3-2	D
29	((M16xE-197) x E-197-1)-19	B	86	((M15xPE-212-1) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2	D
30	((M16xE-197) x E-197-1)-3	B	87	((M15xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A	D
31	((M16xE-197) x E-197-1)-6	B	88	((M16xE-195) x E-195-3) x E-195-3	D
32	((M16xE-197) x E-197-1)-9	B	89	((M16xE-197) x E-197-1) x E-197-6	D
33	((M16xE-197) x E-197-6)-17	B	90	((M19xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A	D
34	((M16xE-197) x E-197-6)-18	B	91	((M1xE-197) x E-197-6) x E-197-6	D
35	((M16xE-197) x E-197-6)-5	B	92	((M21xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A	D
36	((M16xE-197) x E-197-6)-9	B	93	((M41xE-197) x E-197-6) X E-197-6	D
37	((M1xE-197) x E-197-6)-13	B	94	((M41xPE-212-1-2) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2	D
38	((M1xE-197) x E-197-6)-6	B	95	((M41xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A	D
39	((M1xE-197) x E-197-6)-9	B	96	((M42xPE-212-1) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2	D
40	((M27xE-197) x E-197-6)-18	B	97	((M47xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-5-A) x PN-311-2-A-3-6-A	D
41	((M27xE-197) x E-197-6)-3	B	98	((M4xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1) X V524-4119HC-218-3-2	D
42	((M29xE-197) x E-197-6)-2	B	99	((M7xE-197) x E-197-6) x E-197-6	D
43	((M29xE-197) x E-197-6)-20	B	100	((M7xV524-4119HC-218-3 x V524-4119HC-218-3-2) X V524-4119HC-218-3-2	D
44	((M31xE-197) x E-197-6)-1	B	101	((M9xE-197) x E-197-6) x E-197-6	D
45	((M31xE-197) x E-197-6)-17	B	102	(M4xE-197) x E-197-6 x E-197-6	D
46	((M31xE-197) x E-197-6)-18	B	103	((M13xPE-115-3-1-11) x M13) x M13	E

47	((M32xE-197) x E-197-6)-15	B	104	((M15xPE-115-3-1-3) x M15) x M15	E
48	((M32xE-197) x E-197-6)-6	B	105	((M15xPE-115-3-3-2) x M15) x M15	E
49	((M32xE-197) x E-197-6)-8	B	106	((M15xPE-212-1) x M15) x M15	E
50	((M41xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A)-16	B	107	((M15xPN-311-2-A-3-6) x M15) x M15	E
51	((M41xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A)-17	B	108	((M16xE-195) x M16) x M16	E
52	((M4xE-197) x E-197-6)-10	B	109	((M16xE-197) x M16) x M16	E
53	((M4xE-197) x E-197-6)-2	B	110	((M22xE-197) x M22) x M22	E
54	((M4xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1)-10	B	111	((M22xPE-115-3-1-11) x M22) x M22	E
55	((M4xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1)-11	B	112	((M35xPE-112-7-A-A-4-2) x M35) x M35	E
56	((M4xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1)-3	B	113	((M42xPE-212-1) x M42) x M42	E
57	((M7xE-197) x E-197-6)-15	B	114	((M9xE-197) x M9) x M9	E
58	((M7xE-197) x E-197-6)-2	B			

L= orden de la línea; D (A, B, C D y E) = dosis a la que pertenece la línea

Las líneas se cruzaron con cuatro probadores no siempre comunes, por motivo de que algunas líneas no coincidieron en días a floración masculina y femenina con los 4 probadores, solamente se cruzaron con tres, dando un total de 204 híbridos triples y 204 híbridos simples. Los cruzamientos fueron realizados en la localidad del El Prado Galeana, N. L. en el ciclo de Primavera-Verano del 2009.

En la evaluación de las cruzas de prueba se incluyeron 54 testigos, de los cuales 47 son cruzas entre probadores, cuatro del IMM-UAAAN y tres son comerciales de una empresa privada (PIONEER). La información detallada se encuentra en el Cuadro 3.2

Cuadro 3.2. Genealogía de los probadores y testigos.

Orden	Probadores	Tipo de probador
1	MLS4-1 X PE -115-3	Cruza simple
2	LBCPC4S4 x PE-115-3	Cruza simple
9	6310 x BULK-11	Cruza simple
10	232-10-11 x MLS4-1	Cruza simple
3	MLS4-1	Línea
4	Línea C	Línea
5	43-46-2-3-2-1	Línea
6	PE-212-1-2	Línea
7	(CML-181 x 6320-3)-A-A-3	Línea
8	CML-318-A-2-A-A	Línea

Cruzas entre probador e híbridos

Testigo UAAAN

T	Genealogía	T	Genealogía
T1	CML-318-A-2-A-A x (6310*BULK-11-1)	T29	Línea C x (6310*BULK-11-4)
T2	CML-318-A-2-A-A x (6310*BULK-11-2)	T30	Línea C x (6310*BULK-11-5)
T3	(CML-181 X 6320-3)-A-A-3 x (6310*BULK-11-3)	T31	(LBCPC4S4 x PE-115-3) x CML-318-A-2-A-A
T4	(CML-181 X 6320-3)-A-A-3 x (6310*BULK-11-4)	T32	(LBCPC4S4 x PE-115-3) x (CML-181 X 6320-3)-A-A-3
T5	(CML-181 X 6320-3)-A-A-3 x (6310*BULK-11-7)	T33	(LBCPC4S4 x PE-115-3) x (6310*BULK-11-2)
T6	(CML-181 X 6320-3)-A-A-3 x (6310*BULK-11-1)	T34	(LBCPC4S4 x PE-115-3) x (6310*BULK-11-4)
T7	PE-212-1-2 x CML-318-A-2-A-A	T35	(232-10-11 x MLS4-1) x 43-46-2-3-2-1
T8	PE-212-1-2 x (CML-181 X 6320-3)-A-A-3	T36	(232-10-11 x MLS4-1) x 6310*BULK-11-1
T9	PE-212-1-2 x (6310*BULK-11-4)	T37	(232-10-11 x MLS4-1) x (6310*BULK-11-2)
T10	MLS4-1 x (6310*BULK-11-1)	T38	(232-10-11 x MLS4-1) x (6310*BULK-11-3)
T11	MLS4-1 x (6310*BULK-11-2)	T39	(232-10-11 x MLS4-1) x (6310*BULK-11-4)
T12	MLS4-1 x (6310*BULK-11-4)	T40	(LBCPC4S4 x PE-115-3) x MLS4-1
T13	MLS4-1 x (6310*BULK-11-5)	T41	(MLS4-1 x PE-115-3) x MLS4-1
T14	MLS4-1 x (6310*BULK-11-6)	T42	(LBCPC4S4 x PE-115-3) x PE-212-1-2
T15	MLS4-1 x (6310*BULK-11-7)	T43	(LBCPC4S4 x PE-115-3) x (MLS4-1 x PE-115-3)
T16	MLS4-1 x (6310*BULK-11-1)	T44	(232-10-11 x MLS4-1) x PE-212-1-2
T17	MLS4-1 x (6310*BULK-11-2)	T45	(232-10-11 x MLS4-1) x MLS4-1
T18	43-46-2-3-2-1 x (6310*BULK-11-1)	T46	(232-10-11 x MLS4-1) x (MLS4-1 x PE-115-3)
T19	43-46-2-3-2-1 x (6310*BULK-11-2)	T47	MLS4-1 x PE-212-1-2
T20	(MLS4-1 x PE-115-3) x CML-318-A-2-A-A	T48	E0102x0101
T21	(MLS4-1 x PE-115-3) x 43-46-2-3-2-1	T49	E0102x0104
T22	(MLS4-1 x PE-115-3) x Línea C	T50	E0102x0105
T23	(MLS4-1 x PE-115-3) x (6310*BULK-11-2)	T51	E0102x0108

T24	(MLS4-1 x PE-115-3) x (6310*BULK-11-3)	Testigo PIONEER
T25	(MLS4-1 x PE-115-3) x (6310*BULK-11-7)	P1 30P49
T26	Línea C x (CML-181 X 6320-3)-A-A-3	P2 P2837W
T27	Línea C x 43-46-2-3-2-1	P3 X8C137W

T= orden del testigo; P= orden de testigo PIONEER.

Las cruza fueron evaluadas en forma conjunta en tres localidades con dos repeticiones por localidad en el estado de Sinaloa. Las características principales de los ambientes se presentan en el Cuadro 3.3.

Cuadro 3.3. Descripción de las localidades de siembra.

Localidad	Latitud norte	Latitud oeste	Altitud msnm
Corerepe, Guasave.	25° 55' 94''	108° 75' 13''	5
20 de noviembre.	25° 17' 19''	108° 90' 54''	8
Navolato Sataya.	25° 62' 78''	107° 66' 29''	6

Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra

El diseño de siembra fue en bloques incompletos con un arreglo alfa-látice con dos repeticiones por localidad. La parcela experimental consistió de dos surcos de 0.76 m de ancho y 4.20 m. de largo, con 58 plantas en las localidades de Corerepe Guasave y 20 de Noviembre, para la localidad de Navolato Sataya fue de dos surcos de 0.80 m de ancho. La siembra del material se realizó en forma mecánica con una sembradora de 4 surcos. En el Cuadro 3.4 se muestran las fechas de siembra por ambiente de evaluación en el estado de Sinaloa.

Cuadro 3.4. Fecha de siembra de los ambiente de evaluación.

Orden	Localidad	Fecha de siembra
1	Corerepe Guasave.	06-dic-09
2	20 de noviembre.	08-dic-09
3	Navolato Sataya.	09-dic-09

Labores culturales

Preparación de terreno

Todas las localidades se iniciaron con un subsoleo, posteriormente dos pasos de rastra y un riego de presiembra.

Fertilización

La fertilización para los tres ambientes de evaluación fue de 600 - 52 - 00 de nitrógeno, fósforo y potasio, por hectárea respectivamente; aplicándose la mitad del nitrógeno y todo el fósforo al momento de la siembra, y resto del nitrógeno se aplico al realizarse el primer cultivo.

Riego

Se aplico un riego de presiembra para poder mantener humedad en el suelo y esperar el momento adecuado para asegurar la germinación, los riegos posteriores se aplicaron durante los 55, 85, 115 y 140 días aproximadamente para cada localidad, después de la siembra.

Control de plagas

Las plagas de suelo fueron combatidas principalmente con aplicaciones de carbofurano (Furadan 5G) y clorpirifos (Lorsban 3G) al momento de la siembra. Las plagas foliares se previnieron mediante aplicaciones de cipermetrina (arrivo) y clorpirifos etil + permetrina (disparo) de manera preventiva durante el establecimiento del cultivo cuando estas se encontraban de V2 - V4 (etapa vegetativa).

Control de maleza.

Esta se logro mediante las aplicación de Gesaprin Calibre 90 cuyo ingrediente activo es la atrazina, su aplicación fue al momento de la emergencia de la maleza para aplicar una menor cantidad para su control.

Datos agronómicos registrados.

Los datos que se tomaron fueron para las tres localidades en el momento oportuno para registrarse y tener una buena información.

Altura de planta (AP). Es la distancia en decímetro desde la base de la planta hasta la punta de la espiga.

Altura de mazorca (AM). Es la longitud en decímetro desde la base de la planta hasta el nudo de inserción de la mazorca principal.

Relación mazorca-planta (RMP). Relación que existe entre la altura de la mazorca principal con respecto a la altura de la planta y esta expresado en porciento.

$$RMP = \left(\frac{AM}{AP} \right) \times 100$$

Acame de raíz (AR). Es el por ciento de plantas acamadas por parcela, considerando aquellas que presentaban una inclinación mayor de 30° con respecto a la vertical.

Calificación de roya (CR). Es la calificación visual, la medición de roya se realiza a través de la severidad, es decir, el porcentaje de área afectada en relación al área total. La calificación es de uno a diez, donde el uno es que presenta mayor severidad, y el diez es que no presenta severidad.

Cosecha. Se realizo en forma mecánica con una cosechadora combinada de dos surcos, y al mismo tiempo registraba la humedad del grano.

Rendimiento en grano (REND). Es la producción estimada por parcela experimental expresada en t ha⁻¹ al 15.5 % de humedad y se obtuvo al multiplicar el peso seco (PS) por el factor de conversión (FC).

$$PS = (100 - \% H/100) PC$$

Donde:

% H = Por ciento de humedad del grano a la cosecha por parcela; PC = peso de campo en kg; FC = $(10,000/APU*0.845*1000)$

Donde:

10,000 = valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m²; APU = área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre matas por el número exacto de plantas por parcela; 0.845 = constante para transformar el rendimiento de peso seco al 15.5 % de humedad; 1000 = constante para obtener el rendimiento en t ha⁻¹.

Análisis de varianza general

Con la finalidad de conocer el comportamiento de los genotipos, así como los testigos a través de localidades y determinar las diferencias estadísticas en las fuentes de variación localidad, bloques dentro de localidad, híbridos e híbridos por localidad, se realizó un diseño de bloques completos al azar combinado a través de ambientes. Siendo el modelo lineal el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + \beta_{j(i)} + G_K + GA_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

Y_{ijk} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; A_i = efecto de la i -ésimo ambiente; $\beta_{j(i)}$ = efecto de la J -ésimo bloque dentro del i -ésimo ambiente; G_k = efecto del k -ésimo híbrido; GA_{ki} = efecto del k -ésimo híbrido en el i -ésimo ambiente; ϵ_{ijk} = efecto del error.

Índice de selección

Con la expectativa de lograr una identificación más confiable de genotipos superiores para varias características en forma simultánea se empleó el índice de selección (IS) descrito por Barreto *et al.* (1991). En esta investigación para cálculo del IS se incluyeron 3 variables agronómicas, las cuales son rendimiento (Rend), % de humedad (HD) y relación mazorca planta (RMP). El IS se estimó por repetición dentro de cada ambiente para modelarlo y hacer un análisis de varianza para probar la hipótesis que dentro de los híbridos existe uno con los índices superiores.

El procedimiento para el cálculo de IS fue siguiendo la metodología descrita por Barreto *et al.*, (1991) como sigue:

$$IS = \{[(Z_i - M_i)^2 * I_i] + [(Z_j - M_j)^2 * I_j] + \dots + [(Z_n - M_n)^2 * I_n]\}^{1/2}$$

Donde:

IS = Índice de selección, $Z_{j...n}$ = variable estandarizada, $M_{j...n}$ = meta de selección, $I_{j...n}$ = intensidad de selección.

Las variables que fueron incluidas en la selección se encontraban con valores en unidades distintas (toneladas, decímetros y porcentajes), por lo que fue necesario estandarizar cada uno de ellos y de esta forma las características pudieran combinarse mediante la fórmula siguiente:

$$Z = \frac{y_j - \bar{y}}{S}$$

Donde:

Z = valor estandarizado; y_j = valor observado para la variable j ; \bar{y} = promedio de la variable; s = desviación estándar del grupo de variables.

El valor estandarizado de cada una de las variables entre más cerca se encuentre a la meta deseada más pequeño será el valor del IS y más cerca se encontrará el genotipo de los criterios deseados, y sin embargo, entre más grande sea el valor de IS más alejado se encuentra del genotipo de los criterio establecidos.

La intensidad de selección refleja la importancia relativa de las diferentes variables a usarse en la selección, los valores son de 0 a 10. Mientras más grandes es el valor de la intensidad, mayor peso le da el usuario a la variable en cuestión. No todas las variables necesitan tener la misma intensidad.

La Meta de selección está dada en unidades de desviaciones estándar del promedio, el programa solamente acepta valores de -3 hasta 3. Valores positivos para la meta, selecciona aquellos genotipos, que se encuentran por arriba del promedio de la población; valores negativos, selecciona aquellos genotipos que se encuentren por debajo del promedio. En el Cuadro 3.5 se presentan las metas e intensidades utilizada por repetición.

Cuadro 3.5. Metas e intensidades utilizadas por repetición para el cálculo de índice de selección de 3 variables fenotípicas.

Variable	Intensidad	Metas deseadas*					
		L1R1	L1R2	L2R1	L2R2	L3R1	L3R2
Humedad %	8	-3.0	-2.8	-3.0	-3.0	-3.0	-3.0
RMP	9	-3.0	-3.0	-3.0	-3.0	-3.0	-3.0
Rnd	10	3.0	2.9	2.5	2.8	2.9	3.0

Rnd= rendimiento; RMP; relación mazorca planta; L1, L2 y L3= localidad uno, dos y tres respectivamente; R1y R2= repetición uno y dos.

$$*MD = \frac{Max - \bar{y}}{DV}$$

Donde:

MD = meta deseada; *Max* = es el valor deseado de la variable del genotipo, que puede ser arriba o debajo de la media; \bar{y} = media de la variable; *DV* = desviación estándar.

Análisis de regresión en los sitios (SREG)

Para modelar la IGA y conocer el comportamiento de los genotipos, ambientes y su interacción, para ello se realizó un análisis multiplicativo denominado Análisis de regresión en los sitios (SREG) que genera al gráfico “biplot” GGE.

Dicho modelo permite la identificación de los mejores genotipos con sus respectivos ambientes y una clasificación de los ambientes por su aptitud para discriminar a los genotipos (Yan *et al.* 2001, Crossa *et al.*, 2002).

El modelo SREG está dado por la formula siguiente:

$$Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j , μ_j : Media del ambiente j para todos los genotipos y en este modelo se estima por medio de $\hat{\mu}_j = \bar{Y}_{\bullet j}$, λ_k : Es el valor propio del eje k de componentes principales, γ_{ik} : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a λ_k , α_{jk} : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a λ_k , ε_{ij} : Error del genotipo i en el ambiente j , p : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo SREG.

Diseño genético

Las líneas fueron cruzadas con cuatro probadores (dos líneas y dos cruza simples), los cuales se analizaron a través del diseño línea x probador, siguiendo la metodología descrita por Sing y Chaudary (1985), esto con la finalidad de estimar la aptitud combinatoria general (ACG) de líneas y probadores y también aptitud combinatoria específica de los genotipos, utilizando el paquete estadístico SAS de Bartolome y Gregorio (2000), bajo el siguiente modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + \beta_{j(i)} + L_k + P_l + LP_{kl} + AL_{ik} + AP_{il} + ALP_{jkl} + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijk} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; A_i = efecto de la i -ésimo ambiente; $\beta_{j(i)}$ = efecto de la j -ésimo bloque dentro del i -ésimo ambiente; L_k = efecto del k -ésimo línea; P_l = efecto del l -ésimo probador, LP_{kl} = efecto del k -ésimo línea por el l -ésimo probador; AL_{ik} = efecto del k -ésimo línea por el i -ésimo ambiente; AP_{il} = efecto del l -ésimo probador por el i -ésimo ambiente; ALP_{jkl} = efecto de la k -ésimo línea por el l -ésimo probador por la i -ésimo ambiente; ε_{ijkl} = efecto del error.

El comportamiento agronómico de las dosis, se calculó como un promedio de todas las cruza de pruebas que implicaran líneas de cada uno de los cinco tipo de germoplasma descrito anteriormente; es decir se generaron cinco estimados; con esos estimados se analizó bajo un diseño de bloques completos al azar combinado a través de ambientes con la finalidad de detectar diferencias estadísticas en las fuentes de variación (localidades, bloques dentro

de localidad, dosis y dosis por localidad), posteriormente se llevo a cabo la descomposición de la suma de cuadrados de dosis en cuatro contraste ortogonales, para saber cual dosis es la mejor en derivación de líneas, es como sigue para las variables en estudio:

Dosis A vs Dosis B, C, D y E

Dosis B vs Dosis D

Dosis B y D vs Dosis C y E

Dosis C vs Dosis E

El modelo lineal el siguiente:

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

Donde:

Y_{ijk} = variable de respuesta; μ = efecto de la media general; A_i = efecto de la i -ésimo ambiente; $\beta_{j(i)}$ = efecto de la J -ésimo bloque dentro del i -ésimo ambiente; G_k = efecto de la k -ésima dosis; GA_{ki} = efecto de la k -ésima dosis en el i -ésimo ambiente; ε_{ijk} = efecto del error.

Criterios de selección

Con el análisis de varianza y los contrastes ortogonales entre dosis, se identificarán la dosis adecuada de germoplasma que requiere una línea en proceso de recuperación, con base en el desempeño promedio por dosis para la cinco variable.

Para seleccionar las líneas, se consideraran solamente, aquellas que tengan un buen comportamiento genético, medido por su aptitud combinatoria general.

El genotipo que obtenga el valor de IS más pequeño es considerado como superior al reunir la mayoría de los caracteres requeridos en la selección.

El criterio que se considerará para la detección de nuevos híbridos será, principalmente aquellos que presenten un buen rendimiento, además que tengan buena la estabilidad a través de los ambientes, esto se logra, auxiliados por la gráfica biplot que genera el modelo SREG propuesto por Yan (2001).

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de varianza general

Para conocer el grado de variación de los ambientes, los híbridos, las cruza simples, triples, los testigos los contrastes y las diferentes interacciones involucrados, en este capítulo se presentan los resultados del análisis de varianza Cuadro 4.1.

Se detectaron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) para la fuente de variación ambiente, reflejando así condiciones diferentes para cada sitio de evaluación, este resultado se debe a que las condiciones de manejo del terreno y labores culturales son diferentes. De acuerdo con Gordón *et al.* (2006) la evaluación de genotipos a través de distintos ambientes, principalmente en ambientes contrastantes, es una de las prácticas más usuales para la recomendación de nuevos materiales a los productores de una región o zona específica.

Para la fuente bloques dentro de ambiente no hubo diferencia significativa, infiriendo a que se comportaron de manera similar en los ambientes de evaluación y no permitió detectar diferencias.

La fuente de variación de híbridos presentó diferencias significativas ($P \leq 0.01$), lo que significa que al menos un genotipo es diferente al resto, esto es atribuido a la divergencia en el fondo genético de los grupos germoplásmicos que dieron origen a las cruzas experimentales, así como las diferentes dosis, esto refleja el diferente grado de combinaciones que existió entre las líneas con probadores. Lo que favorecerá la selección de los mismos.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado a través de ambientes para los genotipos y su descomposición, la variable rendimiento.

FV	GL	SC	CM	
Ambientes (A)	2	1116.842	558.421	**
Bloques/A	3	10.516	3.505	
Híbridos (Hib)	461	5611.921	12.199	**
Experimentales (Exp)	407	3419.528	8.401	**
Cruzas simples (CS)	203	1600.199	7.882	**
Cruzas triples (CT)	203	1768.304	8.710	**
CS vs CT	1	52.966	52.965	**
Testigos (Test)	53	1824.587	35.080	**
Test UAAAN	50	628.956	12.835	**
Test PIONEER	2	80.082	40.041	**
Test UAAAN vs Test PIONEER	1	1111.947	1111.947	**
Exp vs Test UAAAN	1	0.643	0.643	
Exp vs Test PIONEER	1	1478.013	1478.013	**
GxA	922	2414.406	2.624	**
A x EXP	816	2024.091	2.486	**
A x CS	406	952.392	2.345	**
A x CT	406	1034.010	2.546	**
A X Test	106	364.100	3.520	**
A x Test UAAAN	100	291.375	2.973	**
A X Test PIONEER	4	34.180	8.545	**
EE		2414.407	2.624	
CV	14.844			

*, **= significancia al 0.05 y 0.01 respectivamente; FV= Fuente de Variación; GL= grados de libertad; SC= suma de cuadrados; CM= cuadrados medios; EE= error experimental; CV= coeficiente de variación; A= ambiente; Hib= híbrido; Exp= híbridos experimentales; CS= cruzas simples; CT= cruzas triples; Test= testigos.

Debido a la diferencia estadística presentada en la fuente híbrido se procedió en particionar la suma de cuadrados en cruza simple, cruza triples y un contraste entre ellos, para conocer la contribución de cada uno a la variación total.

Las cruza simple y triple presentaron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) esto es atribuidas a la diversidad genética de los progenitores de las cruza, otra causa pudiera ser, es que se tienen diferentes dosis de germoplasma; posiblemente, también por los probadores con los que fueron cruzados debido a que tienen diferentes fondos genéticos, algunos son líneas y otros híbridos simples. En ambos caso se tiene una amplia variación genética permitiendo de esta manera realizar selección de los híbridos más sobresaliente con características deseadas. Al introducir genes a los materiales genéticos aumenta la variabilidad genética.

El contraste ortogonal entre las cruza triples y cruza simple presentaron diferencias estadísticas, lo que significa que tienen comportamiento diferente entre ellos, siendo mejor la cruza simple (Cuadro 4.2). Estos resultados concuerdan con Sierra *et al.* (2006), que los híbridos simples fueron superiores en rendimiento, además de presentar otras características más sobresalientes como menor altura de mazorca y planta, resistencia al acame.

Ahora bien, como se puede apreciar los cuadrados medios de híbridos experimentales, los que tuvieron mayor contribución a la variación con 51.7 % la cruza triple, en segundo lugar las cruza simple con 46.8 % y con 1.5 % los contraste de las cruza simple y triple.

Por otro lado los testigo mostraron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) esto se debe a la gran diversidad de híbridos, algunos que pertenecen a la IMM y empresa de PIONEER, es debido que los testigos tienen diferentes fondo genéticos y adaptaciones donde fueron sometidos a evaluación.

La comparación entre los híbridos experimentales y testigos IMM no presenta significancia, es decir, que los híbridos en promedio tienen el mismo rendimiento, aún que en forma individual existen híbridos de pruebas con mejores rendimiento y con mejores características.

Existen diferencias significativas ($P \leq 0.01$) al comparar híbridos experimentales vs testigos PIONEER, ya que estos, son de diferentes compañías, por lo tanto la composición genética es diferente y han sido seleccionados para diversas zonas.

La fuente de variación interacción genotipo x ambiente presentó diferencias significativas ($P \leq 0.01$) infiriendo así que los híbridos mostraron un orden relativo diferente a través de los ambientes en evaluación. De igual manera ocurrió con el desglose realizada para dicha interacciones (A x EXP, A x CS, A X CT, A x Test, A X Test UAAAN y A x Test PIONEER).

En el Cuadro 4.2 se presentan las medias, los testigos de PIONEER fueron superiores, también se obtuvieron híbridos de mayor rendimiento en la cruza simples que la triples, la mejor localidad en cuanto a rendimientos es la localidad 20 de Noviembre.

Cuadro 4. 2. Medias de rendimiento.

General	8.508
CS	8.496
CT	8.198
Testigos UAAAN	8.393
Testigos PIONEER	11.802
Loc. 1	8.479
Loc. 2	9.324
Loc. 3	7.729

CS= Cruza simple; CT= Cruza triple; Loc 1, 2 y 3= Localidad del estado de Sinaloa; Corerepe Guasave, 20 de Noviembre y Navolato, respectivamente.

En el Cuadro 4.3 se presentan los mejores 10 híbridos simples y triples con sus respectivas diferencias de medias. En la cruza triple se tiene que los mejores híbridos son de la dosis D y E debido a que son lo que están en un primer grupo A, siendo los siguientes: 303 (((M13xV524-4119HC-43-3-2-4) x V524-4119HC-43-3-2-4-1) X V524-4119HC-218-3-2) x (6310*BULK-11-4), 322 (((M19xPN-311-2-A-3-6) x PN-311-2-A-3-6-A) X PN-311-2-A-3-6-A) x (6310*BULK-11-1) y 406 (((M9xE-197) x M9) x M9) x (6310*BULK-11-1).

En las cruzas simple, en el primer grupo (A) dos híbridos pertenecen a la dosis C, 3 a la dosis E y solamente uno a la dosis A, teniendo la siguiente genealogía 256 ((M22xE-197) x M22)-20 x Línea C, 252 ((M22xE-197) x M22)-15 x Línea C, 389 ((M16xE-195) x M16) x M16 x MLS4-1, 395 ((M22xE-197) x M22) x M22 x 43-46-2-3-2-1, 399 ((M22xPE-115-3-1-11) x M22) x M22 x Línea C. y 12 (M13 x 43-46-2-3-2)-18 x MLS4-1 respectivamente.

Cuadro 4.3. Los mejores 10 híbridos de cruce triple y simple.

Híbridos	Dosis	Media	
Híbridos triples			
303	D	10.651	a
322	D	10.581	a b
406	E	10.564	a b c
403	E	10.412	b c d
339	D	10.226	b c d e
257	C	10.179	c d e f
254	C	10.164	c d e f g
55	A	10.100	d e f g H i
352	D	10.082	d e f g H i
Híbridos simples			
256	C	11.090	a
389	E	10.910	a b
395	E	10.906	a b c
252	C	10.882	a b c d
12	A	10.873	a b c d
399	E	10.855	a b c d
236	C	10.665	b c d e
404	E	10.566	b c d e f
3	A	10.361	e f g
87	A	10.358	e f g

Medias con letras iguales no son estadísticamente diferentes (tukey al 95 %).

Selección de híbridos mediante el modelo SREG.

La interacción de los genotipos con el ambiente presentó diferencias significativas, lo cual muestra que los tratamientos tuvieron un ordenamiento diferente a través de los ambientes, lo que dificulta la identificación del híbrido más sobresaliente y estable en los tres ambientes.

Por tal motivo es necesario realizar un estudio más detallado donde se tome en consideración el efecto de la interacción en el proceso de selección como lo es el grafico GGE biplot (Yan *et al.*, 2000).

En la Figura 4.1 se presentan el comportamiento de los ambientes, híbridos y su interacción a través de la grafica biplot GGE. En este gráfico se encontró que los tres ambientes de evaluación representan a un mismo mega-ambiente, por que las localidades se ubican en un mismo sector, es decir, tienen la cualidad de clasificar a los genotipos sin interacción opuesta de acuerdo a lo descrito por Crossa *et al.*, (2002).

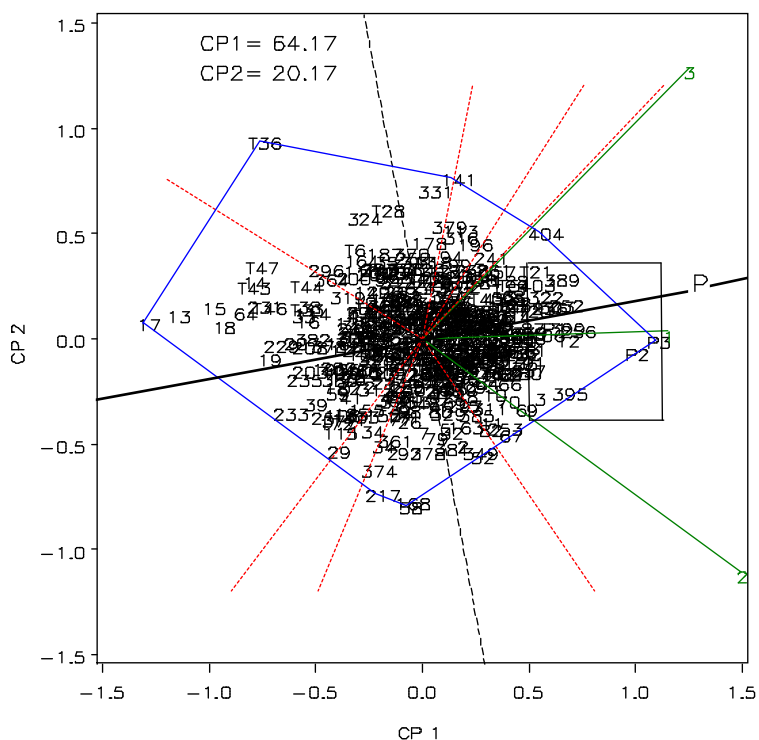


Figura 4.1 Biplot GGE. Patrón de respuesta de 408 híbridos experimentales, T= testigos de la UAAAN y P= testigos de PIONEER; CP1 y CP2= primero y segundo componente; 1, 2 y 3= ambiente de evaluación en Sinaloa, Corerepe Guasave, 20 de Noviembre y Navolato Sataya respectivamente; P= coordenadas del probador virtual.

El ambiente que presentó una mayor discriminación fue el ambiente 2 (20 de Noviembre, Sinaloa) por presentar el vector más largo, el que resultó ser más representativo de los tres es el ambiente 1 (Corerepe, Guasave), por ser el que se encuentra en medio de las tres localidades y por la cercanía del probador virtual.

Los genotipos y ambientes que se ubiquen dentro de un mismo sector están asociados, el genotipo que se encuentre en el vértice del polígono de ese sector, tiende a ser el mejor, como en este caso los tres ambientes están un mismo sector el mejor material para todo los ambientes de prueba fue el testigo 3 de PIONEER seguido del testigo 2 de la misma empresa.

En la Figura 4.1A se tiene una proyección de acuerdo de la Figura 4.1 en la que se tiene una mejor apreciación para identificar a los híbridos con mayor estabilidad por estar muy cercano al probador virtual. Los híbridos de mayor rendimiento y excelente estabilidad son el testigo 1 de la empresa de PIONEER y los híbridos experimentales son: el 12 pertenecen a la dosis A; el 256 de la dosis C y el 399 de la dosis E.

Como los ambientes de evaluación se realizó en Sinaloa, los materiales experimentales y testigo UAAAN se han seleccionado para la zona del bajío, es otra razón por lo cual los testigo PIONEER fueron superiores, la importancia de hacer selección en los ambientes adecuados en donde se explotaran los híbridos sobresalientes. A pesar de esto, algunos materiales UAAAN tienen buena estabilidad, cuando se evalúen en los ambientes adecuados de selección podrían superar a los testigos de PIONEER.

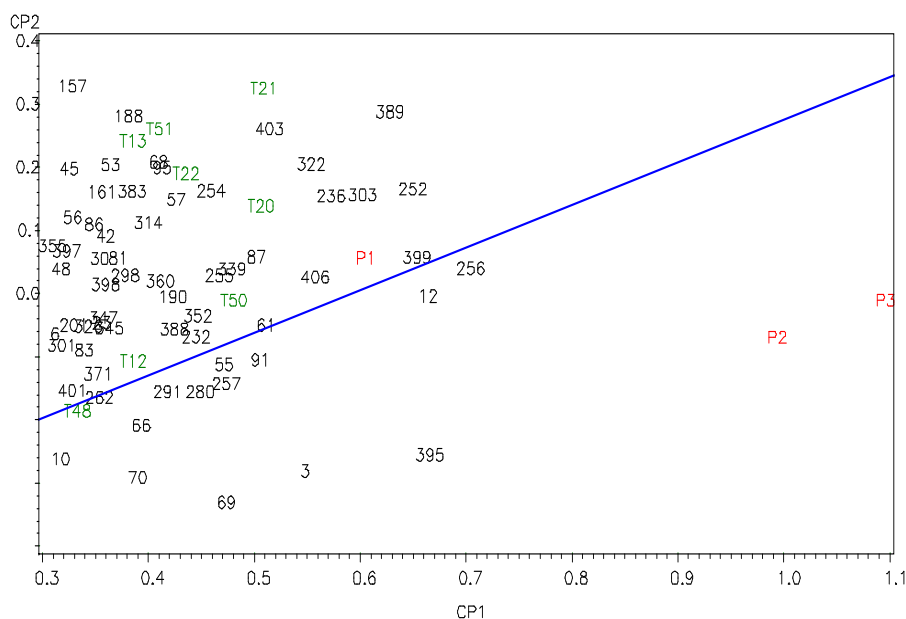


Figura 4.1A. Proyección del recuadro de la figura 4.1 donde se aprecia el probador virtual y el comportamiento de los híbridos evaluados; número corresponde a la clave del híbrido experimental; T= número de testigo del IMM; P= testigo empresa PIONEER.

Índice de selección

El índice de selección es la metodología para hacer selección de manera simultánea para varias características, la cual toma en consideración, la importancia económica de las variables involucradas.

Con los valores fenotípicos de 3 variables registradas (rendimiento, % de humedad y relación mazorca planta), se calculó el índice de selección (IS) para híbridos, dicha estimación se realizó por repetición, utilizando las mismas intensidades y diferentes metas reales.

Para visualizar el comportamiento de los híbridos experimentales, testigos IMM y PIONEER, con base en su valor de IS estimado, se realizó un análisis de varianza combinado para los híbridos a través de los tres ambientes (Cuadro 4.4).

Para la fuente de variación bloques dentro de ambiente se detectó diferencia estadísticas ($P \leq 0.01$), lo que confirma que los bloques se comportan de manera diferente dentro de cada localidad, deduciendo que el diseño experimental fue eficiente.

La fuente de variación de híbridos mostró diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$), lo cual pone de manifiesto la variabilidad existente entre los IS de cada uno de los tipos de híbridos, además los valores analizado pertenecen a un IS, en el cual se agrupan diferentes características, por lo que es muy difícil que todos los materiales se comporten de igual manera.

Cuadro 4.4. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado a través de ambiente para los genotipos, integrados en un índice de selección de tres variables: rendimiento de grano, porcentaje de humedad y relación mazorca planta.

FV	GL	SC	CM
Ambientes	2	120.934	60.467 **
Bloques/A	3	118.466	39.488 **
Híbridos (Híb)	461	9628.909	20.887 **
A x Híb	922	4574.694	4.961 **
EE	1383	5040.954	3.644
CV		12.005	
Media		15.902	

*, **= significancia al 0.05 y 0.01 respectivamente; FV= Fuente de Variación; GL= grados de libertad; SC= suma de cuadrados; CM= cuadrados medios; EE= error experimental; CV= coeficiente de variación; A= ambiente; Híb= híbrido.

La interacción de híbridos por ambiente resultó significativamente, lo cual indica que el comportamiento del IS de los híbridos cambian de orden a través de los ambientes, esto dificulta la selección del mejor híbrido.

La selección del genotipo que contenga el valor más pequeño de índice será el mejor de acuerdo con el criterio deseado por el usuario Barreto *et al.*, (1991).

Los híbridos que presentaron el índice más bajo (Cuadro 4.5) son los testigos de la empresa PIONEER siendo los siguientes P2 (P2837W), P1 (30P49) y P3 (X8C137W). Los mejores híbridos experimental son: 392 (((M16xE-197) x M16) x M16) x (6310*BULK-11-3), perteneciente a la dosis E; y los demás pertenecen a la dosis C, 256 ((M22xE-197) x M22)-20 x Línea C, 252 ((M22xE-197) x M22)-15 x Línea C y 292 ((M7xV524) x M7)-15 x Línea C.

Cuadro 4.5. Selección de híbridos con índice de selección.

Testigo	D	H	IS	
P2		461	6.238	a
P1		460	9.950	b
P3		462	10.949	b c
	E	392	11.360	c d
	C	256	11.400	d E
	C	252	11.764	d E f
	C	292	11.811	d E f g
	C	281	12.017	E f g h
	A	45	12.039	E f g h
	E	399	12.061	E f g h
	C	300	12.111	f g h i
	D	340	12.268	f g h i j
	E	401	12.278	f g h i j k
	E	383	12.306	f g h i j k l
	A	68	12.408	g h i j k l m

D= dosis; H= híbrido; IS= índice de selección; Medias con letras iguales no son estadísticamente diferentes (tukey al 95 %).

Selección de híbridos superiores en base IS utilizando el modelo SREG.

Con la metodología SREG es adecuada para los fitomejoradores ya que permite la identificación de genotipos superiores con adaptación específica y logra una clasificación de los ambientes de prueba con base su poder de discriminación.

La Figura 4.2 pertenece al grafico biplot GGE, en donde es posible apreciar los patrones de respuesta para los híbridos experimentales, testigos, ambiente y IGA. Los genotipos ideales según Barreto *et al.* (1991) son los que poseen valores de IS mas bajo y al analizar estos resultados con el modelo SREG propuesto por Yan *et al.* (2000) que indica que el mejor individuo, es aquel que posea el vector más largo con respecto al primer componente principal, por lo cual se realizó una rotación de los vectores ambientales hacia el cuadrante negativo, para interpretar el biplot GGE con base en los IS más bajo.

El ambiente de Navolato, Sinaloa es el de mayor discriminación por que tiene el vector más largo, los tres ambientes no presentan interacción, debido que se encuentran dentro del mismo sector. Por otro lado se puede considerar como el más representativo de los ambientes el 20 de Noviembre, por que se encuentra más cercano al probador virtual.

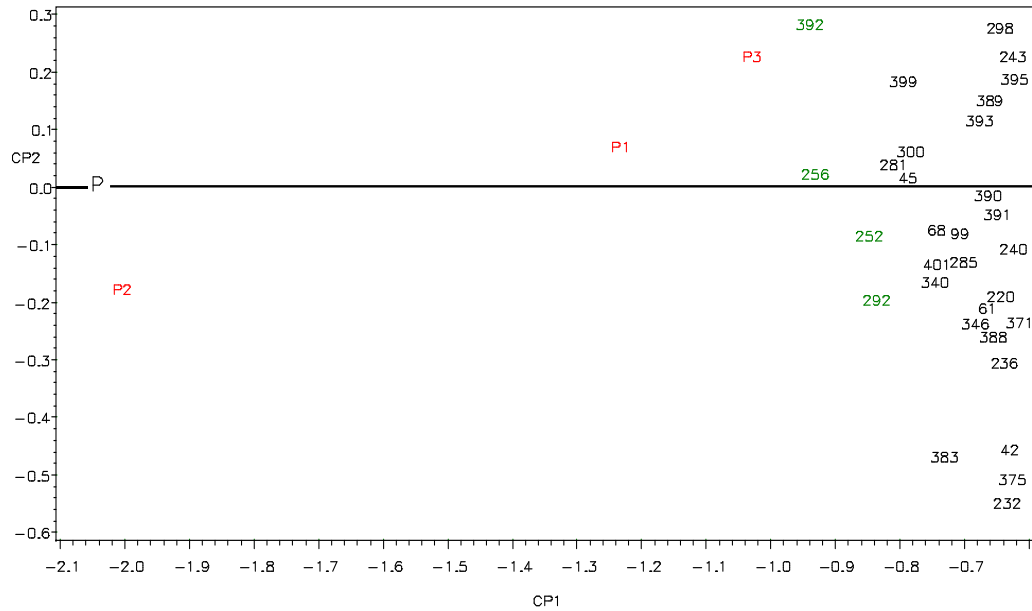


Figura 4.2A. Proyección del recuadro de la figura 4.2 donde se aprecia el probador virtual y el comportamiento de los híbridos; T= número de testigo de la UAAAN; P= testigo empresa PIONEER.

Se tiene un mayor enfoque y apreciación que permitió identificar visualmente a los híbridos con aceptable comportamiento y adecuada estabilidad, los testigo PIONEER son los que sobre salen, y los mejores híbridos experimentales con buena estabilidad, son 256, 281 399 252 y 45. También hay que resaltar que cuando se analizó únicamente la variable de rendimiento, y bajo este modelo, los híbridos 256, 252 y 399 también fueron superiores y con buena estabilidad.

Análisis de línea x probador

Para hacer una selección adecuada de líneas, se realizó un análisis de varianza combinado a través de localidades, debido a que se detectaron diferencias significativas en las fuentes de híbridos experimentales, se realizó un análisis de línea por probador, permitiendo así estimar los efectos de aptitud

combinatoria específica y aptitud combinatoria general. En el Cuadro 4.6 se presentan los resultados del análisis de línea x probador.

Para la fuente líneas es altamente significativas ($P \leq 0.01$) para todas las variables agronómica, afirmando que existe variación entre ellas, lo cual se atribuye al origen específico de cada una de ellas, otra razón es que tienen diferentes dosis de germoplasma, por lo tanto, poseen características diferentes y atributos genéticos, permitiendo así seleccionar aquellas sobresalientes, mismas que pueden ser utilizadas en un futuro como progenitoras de híbridos superiores.

Cuadro. 4.6 Cuadrados medios del análisis de varianza de línea x probador de 113 líneas para cinco características.

FV	GL	Rend (t ha ⁻¹)	CR	AM (dm)	AP (dm)	AR (%)
Ambiente (A)	2	230.957 **	81.896 **	1492.507 **	2313.113 **	93715.22 **
Bloques/A	3	1.317	1.262	0.333	36.344	183.561
Línea (L)	112	14.258 **	5.691 **	9.320 **	97.538 **	3611.450 **
Probador (P)	9	46.089 **	24.998 **	124.710 **	296.457 **	36505.832 **
L x P	263	4.613 **	1.903 **	2.309 **	102.492 **	625.084 **
A x L	224	3.069 **	0.863 **	1.429 *	85.414 **	659.499 **
A x P	18	9.11 **	7.251 **	12.166 **	124.996 **	6081.228 **
A x L x P	526	1.916 **	0.705	1.247	92.544 **	479.778 **
EE	1260	1950.34	0.637	1.080	6.080	18.774
CV	14.9		15.910	7.612	21.296	51.328
Media	8.347		5.016	14.199	28.553	36.576

*, **= significancia al 0.05 y 0.01 respectivamente; FV= Fuente de Variación; GL= grados de libertad; EE= error experimental; CV= coeficiente de variación; A= ambiente; L= línea; P= Probador; Rend= rendimiento de grano; CR= calificación de roya; AM= altura de mazorca; AP= altura de planta; AR= % de acame de raíz.

Por otra parte, las significancias estadísticas ($P \leq 0.01$) observadas en la fuente probador, puede atribuirse a que algunos son líneas y otros son híbridos simples, por tal razón tienen diferente comportamiento, lo cual permitirá la

identificación de aquellos que exhiban el mayor potencial genético y el poder de discriminar líneas.

Con lo que respecta la interacción línea x probador se detectó diferencias significativas ($P \leq 0.01$) en todas las características, es por qué las líneas presentan un comportamiento diferente cuando se cruzan con diferentes probadores. Esto crea la necesidad de identificar de forma particular líneas y probadores que muestren una buena combinación con atributos y características deseadas.

La fuente de variación correspondiente a “línea x probador x ambiente” resultó con diferencias estadísticas a nivel de ($P \leq 0.01$) para las variables de rendimiento, altura de planta y acame de raíz, por lo que las combinaciones híbridas presentan un orden relativamente diferente en los tres ambientes de evaluación y con los probadores, caso contrario la variables de roya y altura de planta.

En el Cuadro 4.7 se presentan los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de las líneas evaluadas, las líneas que tienen efectos consistente a través de todas las variables agronómico bajo estudio estas son 113, 114, 77, 78 perteneciente a las dosis E y C respectivamente.

Es necesario remarcar que la línea 113 (((M42xPE-212-1) x M42) x M42), también presenta los valores negativos más alto (-1.088, -1.276 y -27.313) en las variables altura de mazorca, altura de planta y acame de raíz para ACG. Por lo cual esta línea tiene genes favorables que en combinaciones puede disminuir el porcentaje de acame de raíz, bajar la altura de mazorca y planta.

Cuadro 4.7. Las mejores líneas en aptitud combinatoria general (ACG) en cinco variables: rendimiento de grano resistencia a roya, acame de raíz, altura de mazorca y planta; dosis a la que pertenece.

L	D	Rend. (t ha ⁻¹)		CR		AM (dm)		AP (dm)		AR (%)	
113	E	1.646	**	1.261	**	-1.088	**	-1.276	*	-27.313	**
18	A	1.533	**	1.150	**	-0.644	**	-0.720		-18.088	**
108	E	1.194	**	1.317	**	-0.491	**	0.290		-16.137	**
96	D	0.926	**	0.872	**	-0.255	*	-0.942		-15.854	**
71	C	0.821	**	0.428	**	-1.366	**	-0.331		-21.717	**
24	A	0.817	**	0.275	**	0.009		-1.345	*	-15.957	**
79	C	0.747	**	0.150	**	-0.699	**	-0.423		-9.523	**
68	C	0.596	**	0.261	**	-0.310	**	-0.053		-6.323	**
114	E	0.465	**	0.692	**	-1.324	**	-1.179	*	-27.338	**
109	E	0.437	**	0.983	**	-1.366	**	0.112		-12.892	**
77	C	0.425	**	0.150	**	-1.255	**	-1.887	**	-5.879	**
78	C	0.337	**	0.233	**	-1.616	**	-1.179	*	-6.062	**

*, **= significancia al 0.05 y 0.01 respectivamente; Rend= rendimiento de grano; CR= calificación de roya; AM= altura de mazorca; AP= altura de planta; AR= % de acame de raíz; L= línea; D_{A-E}= dosis.

De las mejores 12 líneas, cinco pertenecen a la dosis C, 68 ((M16xE-195) x M16)-16, 71 ((M22xE-197) x M22)-20, 77 ((M7xE-197) x M7)-12, 78 ((M7xE-197) x M7)-20 y 79 ((M7xE-197) x M7)-5; cuatro son de la dosis 5, 108 ((M16xE-195) x M16) x M16, 109 ((M16xE-197) x M16) x M16, 113 ((M42xPE-212-1) x M42) x M42 y 114 ((M9xE-197) x M9) x M9; en la dosis D solamente uno 96 ((M42xPE-212-1) x PE-212-1-2) x PE-212-1-2; y uno corresponde a la dosis A, 24 (M7 x 43-46-2-3-2)-9, es decir que existen mayor variabilidad genética en las dosis C para ACG, debido que presentaron mayor número de líneas con diferencia estadísticamente de cero.

Con el fin de conocer la acción de los efectos de las líneas con los probadores se estimó el efecto de de aptitud combinatoria específica (ACE) de

las cruzas, se presentan en el Cuadro 4.8 solamente se presentan 18 mejores híbridos.

El comportamiento de los híbridos en cada una de las variables agronómicas se debió principalmente a los efectos de genes de acción no aditivos, esto se reflejó con la diferencia altamente significativa ($P \leq 0.01$) en los valores de ACE de las cruzas para rendimiento.

Cuadro 4.8. Aptitud combinatoria específica (ACE) de cinco variables: rendimiento, resistencia a roya, acame de raíz, altura de mazorca y planta.

H	L	P	D	Rend (t ha ⁻¹)	CR	AM (dm)	AP (dm)	AR (%)
236	66	4	C	2.941 **	1.254 **	1.484	2.945	27.667
232	65	4	C	2.415 **	1.629 **	0.609	1.987	-3.870
20	5	4	A	2.118 **	0.712 **	1.442	1.612	-13.395
205	58	6	B	1.829 **	0.525 *	-0.012	0.026	-11.829 **
42	11	4	A	1.757 **	1.337 **	0.692	0.862	5.378
257	73	2	C	1.719 **	1.680 **	0.570	0.902	23.051
188	53	4	B	1.636 **	0.212	0.817	1.404	4.622
75	21	2	A	1.586 **	0.055	0.764	0.583	3.903 *
61	16	4	A	1.501 **	0.171	0.192	0.487	-9.373 **
383	106	8	E	1.441 **	0.920 **	-0.190	-0.127	-21.814
65	17	6	A	1.392 **	0.692 **	1.113	0.693	-27.387
113	32	3	B	1.366 **	-0.570	-0.174	-1.172	12.775
30	8	1	A	1.366 **	1.034 **	-0.757 *	0.137	-23.820
252	71	4	B	1.338 **	0.768 **	0.359	0.265	14.562
395	110	5	E	1.321 **	0.041	0.239	1.609	7.935
62	17	2	A	1.309 **	0.805 **	-0.777 *	-0.292	-0.701
12	3	3	A	1.287 **	0.180	0.492	-0.880	9.556
210	59	4	B	1.287 **	0.129	1.276	1.070	-0.194

*, **= significancia al 0.05 y 0.01 respectivamente; H= híbrido; L= línea; P= probador; D_{A,E}= dosis a la que pertenece la línea; ACE; aptitud combinatoria específica; Rend= rendimiento de grano; CR= calificación de roya; AM= altura de mazorca; AP.= altura de mazorca; AR= % de acame de raíz.

Se muestran que las cruzas no tienen efectos consistentes a través de todas las variables agronómicas, diez con significancia ($P \leq 0.01$) coinciden el rendimiento y roya de 18 mejores, solamente dos coinciden a la variable acame de raíz (205, 61), para altura de mazorca la 30 y 62 tienen una significancia de ($P \leq 0.05$).

En el Cuadro 4.9 se muestra los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de los probadores evaluados para las cinco características agronómicas. Para el rendimiento, los mejores probadores que tienen mayor contribución y que diferente estadísticamente significativas ($P \leq 0.01$) son el 8, 9, 4 y 3; los restantes tienen una contribución negativa.

Cuadro 4.9. Aptitud combinatoria general (ACG) de los probadores en cinco variables: rendimiento resistencia a roya, acame de raíz, altura de mazorca y planta.

P	Rend. (t ha ⁻¹)	CR	AM (dm)	AP (dm)	AR (%)
	ACG	ACG	ACG	ACG	ACG
1	-0.207	-0.451	0.382	0.154	10.906
2	-0.618	-0.680	-0.014	-0.458 **	3.286
3	0.283 **	0.404 **	1.008	1.630	7.032
4	0.376 **	-0.212	-1.192 **	-0.987 **	-21.044 **
5	-0.036	-0.374	-0.628 **	-1.720 **	-14.636 **
6	-0.562	0.433 **	-0.405 **	-1.109 **	11.778
7	-0.599	0.801 **	-0.654 **	-1.175 **	-7.672 **
8	0.786 **	0.789 **	0.356	0.168	19.398
9	0.596 **	0.807 **	0.093	0.644	-5.699 **
10	-0.679	-0.184	0.451	-0.387 *	4.929

*, **= significancia al 0.05 y 0.01 respectivamente; P= probador; ACG= aptitud combinatoria general; Rend= rendimiento de grano; CR= calificación de roya; AM= altura de mazorca; AP= altura de planta; AR= % acame de raíz.

Los mejores probadores para la variable roya 9, 7, 8, 3 y 6 son estadísticamente diferentes de cero. Para la variable altura de mazorca y planta son 4, 5, 6 y 7 aunque difieren con el 2 y el 10 respectivamente. Para el caso de acame de raíz los mejores fueron 4, 5, 7 y 9.

Son altamente significativo en más de una características son el 4 y 7, el primero no tiene buena ACG para roya, el segundo para la variable de rendimiento. El mejor probador para seleccionar líneas y tiene mayor contribución para varias características en las variables (Rend, AM, AP, y AR) el probador 4 (Línea C). El que no se utilizaría debido a que no tuvo ninguna significancia fue el probador 1.

Dosis de germoplasma

En este trabajo las líneas evaluadas fueron derivadas de cinco dosis de germoplasmas (D_{A-E}), originadas por medio de cero, una y dos retrocruzas hacia ambos progenitores, logrando una contribución de los progenitores recurrente y donador de la siguiente manera: a) A= 50 y 50%; b) B= 75 y 25%; c) C= 25 y 75%; d) D= 87.5 y 12.5%; e) E= 12.5 y 87.5%.

Con la finalidad de saber si existe diferencia entre las dosis se realizó un análisis de varianza teniendo como fuente de variación a las dosis, considerando cinco variables agronómicas, los resultados se concentran en el Cuadro 4.10.

En este Cuadro se observa que la fuente dosis mostró diferencias significativas ($P \leq 0.01$), lo que pone de manifiesto que la variabilidad existente fue causada en considerable medida por las diferentes dosis de germoplasma que tienen los progenitores en los híbridos. Estos resultados eran de esperarse, debido a que las líneas recurrentes y donadoras provienen de un diferente fondo genético.

Con base a lo anterior resultado fue necesario comparar a través de contrastes ortogonales las diferencias entre las dosis.

Cuadro 4.10. Cuadros medios del análisis de varianza de cinco variables para las cinco dosis de germoplasma.

FV	GL	Rend (t ha ⁻¹)	Roya	AM (dm)	AP (dm)	AR (%)
Ambientes (A)	2	489.214 **	191.703 **	3244.309 **	4901.684 **	212547 **
Bloques/A	3	1.314	1.433	0.526	102.652	180.804
Dosis (D)	4	37.021 **	170.226 **	46.671 **	74.683	4958.94 **
D _A vs D _{B, C, D y E}	1	28.549 **	33.652 **	51.299 **	158.423 *	15957.9 **
D _{B y D} vs D _{C y E}	1	33.881 **	110.960 **	124.18 **	0.202	3267.59 *
D _B vs D _D	1	77.858 **	420.261 **	8.932 **	22.456	1379.99
D _C vs D _E	1	3.663	89.711 **	4.475	28.553	0.0005
A x D	8	2.624 **	17.547 **	13.008 **	69.031	2297.93 **
EE		2.915	1.090	2.229	56.454	738.355
Media general		8.347	5.016	14.199	28.553	36.484

*, **= significancia al 0.05 y 0.01 respectivamente; FV= Fuente de Variación; GL= grados de libertad; EE= error experimental; A= ambiente; D_{A-E}= dosis; Rend¹= rendimiento de grano en toneladas por hectárea; AM= altura de mazorca en decímetros; AP= altura de planta en decímetro; AR= % de acame de raíz.

Al comparar la dosis A, líneas derivadas directamente de la población, contra, las dosis B, C, D y E que corresponden a la retrocruzas uno y dos hacia los recurrentes, dosis B y D y hacia los donadores dosis C y E, se encontraron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) para las variables de rendimiento, resistencia a roya, altura de mazorca y acame de raíz, así como para altura de planta

($P \leq 0.05$), estas diferencias favorecieron siempre a las retrocruzas lo que indica el importante papel que realiza esta práctica, ya que está originando líneas con mejor comportamiento que las que se derivaron de las cruzas simples.

En los programas de mejoramiento, lo más común es derivar líneas directamente de las cruzas simples en F_2 , sin embargo, al observar este contraste, se detectó que se tiene mejores líneas después de realizar retrocruzas hacia ambos progenitores. En general las líneas retrocruzadas generan mejores atributos agronómico como en rendimiento, resistencia a la roya, altura de planta y mazorca, así como para acame de raíz, como se puede constatar en el Cuadro 4.11.

Para saber si existen diferencias de las retrocruzas una y dos del recurrente (dosis B y D) contra la retrocruzas hacia el donador (dosis C y E), también se realizó un contrastes entre ellas. Detectando que las retrocruzas, realizadas hacia los donadores son mejores en rendimiento, resistencia a la roya, altura de mazorca y acame de raíz, como se puede observar en el Cuadro 4.11. Esto puede ser atribuido a que las líneas derivados de híbridos poseen mejores atributos agronómicos que las de IMM.

Estos resultado concuerdan con los de Casas *et al.* (2003) quienes mencionan que los materiales con mayor germoplasma de los donantes siempre fueron superiores. Esto se ratifica al observar que los mejores híbridos pertenecen a las dosis C y E como se puede verificar en el Cuadro 4.2.

En el contraste ortogonal de la dosis B contra D, una y dos retrocruzas hacia los progenitores recurrentes respectivamente, presentan significancia ($P \leq 0.01$) para las variables de rendimiento resistencia a la roya y altura de mazorca, de manera general se aprecia que la segunda retrocruza mejoró el

comportamiento de las líneas, esto es atribuible a la selección practicada en las líneas recuperadas al momento de las polinizaciones.

Caso contrario sucedió con altura de mazorca y planta, acame de raíz, en lugar de bajar la altura y el porcentaje de acame aumentaron, esto es porque al retrocruzar hacia el recurrente, las líneas se parecen cada vez más a los progenitores con todos y sus problemas. Coincidiendo con lo encontrado por Ramírez *et al.*, (2003).

También se comparó la dosis C contra E, retrocruza uno y dos hacia los donadores respectivamente, para saber en qué dosis se generan las mejores líneas, únicamente existe diferencias significate ($P \leq 0.01$) para resistencia de roya, en la mayoría de las características no existieron diferencias, es decir, que al realizar una segunda retrocruza hacia el donador no se mejoran significativamente las características de las líneas.

Cuadro 4.11. Concentración de medias de cinco variables para las cinco dosis de germoplasma.

Variable	Dosis A	Dosis B	Dosis C	Dosis D	Dosis E
Rendimiento.	8.219	8.078	8.566	8.615	8.720
Cal. Roya	4.988	4.397	5.162	5.631	5.931
Altura mazorca	14.436	14.264	13.707	14.456	13.884
Altura planta	29.102	28.314	28.141	28.609	28.829
Acame de raíz	41.320	35.363	33.984	37.434	33.467

De manera general, la mejor dosis es la E, debido a que presentó las mejores medias en las variables de rendimiento, resistencia a la roya, y acame de raíz, por otra parte la dosis C las variables altura de mazorca y planta.

Para derivar líneas en un programa de mejoramiento lo más recomendable es realizar retrocruzas hacia ambos progenitores, ya que en este trabajo se encontró que se mejoran las características en cada retrocruzas. También envase a este trabajo lo mejor sería derivar líneas de las retrocruzas hacia los donadores.

La fuente de variación interacción ambiente x dosis presentó diferencias significativas ($P \leq 0.01$) en la mayoría de las variables, infiriendo así que las dosis mostraron un orden relativo diferente a través de los ambientes de evaluación.

V. CONCLUSIONES

Las líneas con mejor comportamiento por aptitud combinatoria general en las variables medidas son las siguientes: 113 ((M42xPE-212-1) x M42) x M42 y 114 ((M9xE-197) x M9) x M9 de la dosis E; dosis C, 77 ((M7xE-197)xM7)-12 y 78 ((M7xE-197) x M7)-20.

El probador que se sugiere utilizar para seleccionar líneas y generar simultáneamente buenos híbridos por tener mayor contribución para las variables evaluadas es el probador 4 (Línea C).

De acuerdo a su IS mas bajo son los testigos de la empresa PIONEER siendo los siguientes: P2 (P2837W), P1 (30P49) y P3 (X8C137W). Los mejores híbridos experimental son: 392 (((M16xE-197) x M16) x M16) x (6310*BULK-11-3), perteneciente a la dosis E; y los demás pertenecen a la dosis C, 256 ((M22xE-197) x M22)-20 x Línea C, 252 ((M22xE-197) x M22)-15 x Línea C y 292 ((M7xV524) x M7)-15 x Línea C.

La dosis E (12.5 y 87.5%; recurrente y donador respectivamente) fue considerada la óptima, porque mejoró más variables: (rendimiento, resistencia a roya, altura de mazorca, acame de raíz).

RESUMEN

En este trabajo se persigue los siguientes objetivos i) Identificar cuál es la dosis de germoplasma y dirección de las retrocruzas que requiere cada línea de reciclaje para mejorar su comportamiento agronómico, medido a través de su potencial genético transmitidos en sus descendientes híbridos; ii) Identificar líneas superiores por su comportamiento genético a través de su aptitud combinatoria general (ACG); iii) Identificar el probador que tenga la mayor capacidad de discriminación y iv) Identificar al menos un híbrido sobresaliente con base a los valores de un índice de selección y estabilidad del mismo. El material genético se incluyó 113 líneas recicladas al nivel de S_2 . Líneas derivadas directamente de la F_2 dosis A; dosis B y D; líneas derivadas de las RC_1 y RC_2 hacia el recurrente respectivamente; dosis C y E líneas derivadas de las RC_1 y RC_2 hacia el donador respectivamente, fueron apareadas con cuatro probadores (dos líneas y dos cruza simples) para saber en qué dosis se generan mejores líneas recuperadas. La evaluación de los híbridos se realizó en tres ambientes en el estado de Sinaloa Corerepe Guasave, 20 de Noviembre y Navolato Sataya, durante el 2009-2010 del ciclo O-I. La estimación del índice de selección (IS) se realizó por repetición, para cada híbrido en él se integró los valores fenotípicos de rendimiento de grano, porcentaje de humedad y relación mazorca planta; Se realizó un análisis de línea por probador para seleccionar las líneas. El comportamiento de las dosis de germoplasma, fue mediante contrastes ortogonales, para identificar la mejor. El híbrido con mejor IS es el testigo P2 (P2837W) de la PIONEER y el híbrido más estable es el 256 perteneciente a la dosis C. Las líneas con mejor aptitud combinatoria general son las siguientes: líneas de la dosis E, 113, 114; dosis C, 77 y 78. El probador

4 (línea C) es que tiene mayor discriminación en las líneas por tener mayor contribución en las variables evaluadas La dosis E (12.5 y 87.5% recurrente y donador respectivamente) fue considerada la óptima, porque mejoró más variables: (rendimiento, resistencia a roya, altura de mazorca y acame de raíz).

VII. LITERATURA CITADA

- Alejos, G., Monastero, P., Rea, R. 2006. Evaluation of the genotype-environment interaction for maize yield in Yaracuy State, Venezuela. *Agronomía Trop.* 56(3): 369-384.
- Akbar. M., Anwar, J., H. M., Mujahid, H. Q. Sherbaz, K. 2009. Line x tester analysis in bread wheat (*Triticum Aestivum* L.) Wheat Research Institute, AARI, Faisalabad, Pakistan, Senior Scientific Officer, (PARC). *J. Agric. Res.* 47 (1).
- Arnao, E., Borges, O., Ramis, C., Diaz, A., Galindo, I. 2006. Recuperación del genoma del padre recurrente en un programa de retrocruzamiento asistido por marcadores en arroz. (COMUNICACIONES) *Interciencia*, junio, año/Vol. 31 número 006, Asociación Interciencia Caracas, Venezuela. pp 431-436.
- Barrera, G. E., Muñoz, O. A., Márquez, S. F., Martínez, G. A. 2005. Combining ability in maize races bred by limited backcross. Agronomic traits. *Revista Fitotecnia Mexicana*, julio-septiembre, año/vol. 28, número 003.
- Barreto, H. J., Bolaños, J. A., Córdova. H. S. 1991. Índice de Selección: guía para la operación del software. Manual de Capacitación Regional. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Apdo. Postal, Guatemala.
- Berti, M., Fischer, S., Wilckens, R., Hevia, F., Johnson, B. 2010. Adaptation and Genotype x Environment Interaction of Flaxseed (*Linum usitatissimum* L.) Genotypes in South Central Chile. *Chilean Journal of Agricultural Research* 70(3):345-356 (July-September).
- Casas, S. J. F., Ramírez, D. J., Sánchez, G. J. De J., Ron, P. J., Montes, H. S., Chuela, B., M. 2003. Agronomic characteristics in maize-teozinte crosses. *Revista Fitotecnia Mexicana*, octubre-diciembre, año/Vol. 26, número 004. pp. 239-248.

- Cerón, R. J. J., Sahagún, C. J. 2005. Un índice de selección basado en componentes principales. *Agrociencia* 39: 667-677.
- Choukan, W. R. M. L. 2006. Genetic distance based on SSR markers and testcross performance of maize inbred lines. *Iranian Journal of Biotechnology*, Vol. 4, No. 4, October.
- Contreras, S., Krarup, C. 2000. Genotype-by-environment interaction of five asparagus cultivars (*Asparagus officinalis* L.). *Cien. Inv. Agr* 27(3):133-139.
- Crossa, J. P. L., Yan W. C. 2002. Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype x environment interaction. *Crop Sci.* 42:619-633.
- Cubero J. L. 1999. *Introducción a la Mejora Genética Vegetal*. 1ª edición, Mundi-Prensa. Madrid, Barcelona, México. pp 365.
- Cubero, J. I. 2003. *Introducción a la mejora genética vegetal*, 2ª edición, editorial Aedos, S. A. Mundi-Prensa Barcelona, México. 534 pp.
- De la Cruz, L. L., Sánchez, G. J. J., Ron, P. J., Santa Cruz, R. F., Rodríguez, G. E., Ruíz, C. J. A., Morales, R. M. 2008. Probadores de maíz para factores de incompatibilidad gametofítica. *Revista Fitotecnia Mexicana*, octubre-diciembre, año/vol. 31, núm. 004. pp 341-349.
- De Marchi, V.; Biasutt, C. A. 1999. Incidencia de la introgresión de germoplasma exótico en una población adaptada de maíz (*Zea mays* L.). *Agriscientia*, Vol XVI: 37-42.
- Dos Santos, X. M., Pollak, M. L., Wilson, L. De C. H., Patto, P. C. A., Eugenio, G. E. G., De Oliveira, G. P. E., Ramiro, A. V. 2001. Heterotic responses of tropical elite maize accessions from latin america with brazilian testers. *SCI. agric.* vol.58 no.4 Piracicaba octubre-diciembre
- Dos Santos. M. X., Pollak, L. M., Patto, P. C. A., Oliveira, G. P. E., Peternelli, L. A., Parentoni, S. N., Lourenço, N. L. 2000. Incorporating different proportions of exotic maize germplasm into two adapted populations. *Genet. Mol. Biol.* vol.23 n.2 São Paulo. June.
- Esquivel, E., G., Castillo, G. F., Hernández, C. J. M.; Santacruz, V. A., García, De los S., G., Acosta, G. Jorge. A., Ramirez, H. A. 2009. Combining ability and heterosis in early developmental stages of maize. *Revista Fitotecnia Mexicana*, Vol. 32, Núm. 4, octubre-diciembre, pp. 311-318.
- Fritsche-Neto, R., Vieira, M. G. Oliveira, De L. R., Namorato, De S. H. 2010. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype x environment

interaction stratification in maize. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.40, n.5, p.1043-1048, mai.

- García, P., San Vicente, F., Bejarano, A., Quijada, P. 2004. Depresión por endocria en poblaciones tropicales de maíz antes y después de la selección recurrente de familias de hermanos completos. *Bioagro* 16(1): 17-25.
- Gordón, M. R., Camargo, B., Franco, B. J., González, S. 2006. Evaluación de la adaptabilidad y estabilidad de 14 híbridos de maíz, Azuero, Panamá. *Agronomía Mesoamericana* 17(2): 189-199. ISSN: 1021-7444.
- Guillen, De la C. P., De la C. L., Castañón, N. E., Osorio, O. G., R., Brito, M. N. P., Lozano, D. R. A., López, N. U. 2009. General and specific combining ability of tropical maize germplasm. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 10 (2009): 101 – 107.
- Ibáñez. T. M., Cavanagh, N. C. Bonamico, M. A. 2006. *Revista de Investigaciones Agropecuarias* ISSN 1669-2314, Vol. 35, Nº. 3.
- Lobato, R. O., Molina, G. J. D., López, R. J. D. J., Mejía, C. J. A., Reyes, L. D. 2010. Criteria to choose the best tester of the general combining ability for grain yield of maize inbred lines *Agrociencia* V.44 n.1 México, enero-febrero.
- Mendoza, E. M., Oyervides, G. A., Rodríguez, H. A., 2000. Efectos de dos probadores en la selección de líneas de maíz tropical. *Revista Fitotecnia Mexicana*, enero-junio, año/vol. 23, núm. 001. pp 79-86.
- Modarresi, M., Assad, M. T., Kheradnam. M. 2004. Determining selection indices in corn hybrids (*Zea mays* L.) to increase grain yield. *J. Sci. & Tech. of Agric. and Natural Resources*, 7(4): 71-82.
- Morales, R. M. M., Ron, P. J., Sánchez, G. J. D. J., Ramírez, D. J. L., De la Cruz, L. L., Mena, M. S., Hurtado, De la P. S., Chuela, B. M. 2007. Phenotypic relationships and heterosis among commercial hybrids and exotic germplasm of maize in Jalisco, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, año/vol. 30, número 003. pp. 285-294.
- Paliwal, R. L. 2001. El maíz en los trópicos., *Mejoramiento y producción*. Departamento de agricultura organización de las naciones unidas para la agricultura y la alimentación (FAO). Disponible en. http://www.fao.org/documents/show_cdr.asp?url_file=/DOCREP/003/X7650S/x7650s15.htm (Julio de 2005).

- Pritsch, C. 2001. El pre-mejoramiento y la utilización de los recursos fitogenéticos en: "estrategia en recursos fitogenéticos para los países del cono sur". procisur.
- Ramírez, C. A., Márquez, S. F., Rodríguez, S. A., Ramón, P. J. 2003. Comportamiento de retrocruzas divergentes y cruzas entre retrocruzas criollos y mejorados. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 26(04): 215-221.
- Roa, S. Barboza, C. Zambrano, A. 2010. Yield stability of potato (*Solanum tuberosum* L.) variety for industrial processing in Táchira, Venezuela. Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas-Táchira. Carretera Bramon via Delicias Bramon. Municipio Junin, estado Táchira. *Rev. Fac. Agron. (LUZ)*. 2010, 27: 173-192.
- Rodríguez, P. J. E., Sahagún, C. J., Villaseñor, M. H. E., Molina, G. J. D., Martínez, G. Á. 2005. Interaction genotype x environment in the characterization of rainfed areas for wheat. *Agrociencia* 39: 51-64.
- Sierra, M. M., Palafox, C. A., Rodríguez, M. F. A., Espinosa, C. A., Gómez, M. N., Caballero, H. F., Barrón, F. S., Sandoval, R. A., Vázquez, C. G. 2006. H-518, Three way maize hybrid for the humid tropics of Mexico. *Agric. Téc. Méx* v.32 n.1 México enero/abril.
- Sierra, M., Márquez, M. F. S., R. Valdivia, B., O. Cano R., F. A., Rodríguez, M. 1998. Aptitud combinatoria general y específica de líneas tropicales de maíz usando probadores. *In: Memoria del XVII Congreso Nacional de Fitogenética: Notas científicas*. SOMEFI. Chapingo, México. pp. 252.
- Singh, R.; Chaudhary, B. 1985. Biometrical techniques in genetics and breeding. International Bioscience Publishers Hissar. India. p. 205-214.
- Terron, A., Preciado, E., Córdova, H., Harold, M., López, R. 1997. Determinación del patrón heterótico de 30 líneas de maíz derivadas de la población 43sr del CIMMYT. *Agronomía Mesoamericana* 8(1): 26-34.
- Vasal, S. K., Vergara, N., McLean. 1994. Estrategias en el desarrollo de híbridos tropicales de maíz. *Agronomía Mesoamericana* 5: 184-189.
- Vega, M. C., Navarro, E., Espinoza, José, Burciaga, G. A., Guerrero, J. L. 1998. Selección temprana de líneas s1 de maíz ricas en lisina y probadores. *Agronomía Mesoamericana* 9(2): 65-68.
- Vergara, Á. N., Rodríguez, H. S. A. Córdova, O. H. 2005. Aptitud combinatoria general y específica de líneas de maíz (*zea mays*) tropical y subtropical. *Agronomía Mesoamericana*, julio-diciembre. 16(2):137-143.

- Vergara, N. Á., Rodríguez, S. H., Córdova, H. O. 2003. Potencial de líneas de maíz para mejorar híbridos. *Revista Fitotecnia Mexicana*, octubre-diciembre, año/vol. 26, número 004. pp. 291-299.
- Whitehead, E. C.; Caton, H. G., Hallauer, A. R.; Vasal, S., Cordova, H. 2006. Incorporation of elite subtropical and tropical maize germplasm into elite temperate germplasm *Zea mays* L.; Corn Belt (USA) *Maydica*. 0025-6153 v. 51(1) p. 43-56.
- Xu, S. 2003. Advanced statistical methods for estimating genetic variances in plants. *Plant Breet. Rev.* 22: 113-163.
- Yan, W. and L. A. Hunt 2002. Biplot analysis of multi-environment trial data *in*. *Quantitative Genetics, Genomics and Plant breeding* edited by M. S. Kang. pp. 289-303.
- Yan, W. L. A., Hunt, Q. Sheng, and Z. Szlavnic. 2000. Cultivars evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplots. *Crop Sci.* 40:597-605.
- Yan, W., P. L. Cornelius, J. Crossa. and L. A. Hunt. 2001. Two types of GG for analyzing multi-environmental trial data. *Crop Sci.* 41:656-663.

VIII APÉNDICE

Cuadro de genealogía de los híbridos experimentales.

H	GENEALOGÍA	H	GENEALOGÍA
1	((M13x43-46-2-3-2)-1)x(232-10-11 x MLS4-1)	205	((M7xE-197)xE-197-6)-2)xPE-212-1-2
2	((M13x43-46-2-3-2)-1)x(MLS4-1 x PE-115-3)	206	((M7xE-197)xE-197-6)-2)xLínea C
3	((M13x43-46-2-3-2)-1)xMLS4-1	207	((M7xE-197)xE-197-6)-6)x 43-46-2-3-2-1
4	((M13x43-46-2-3-2)-1)xLínea C	208	((M7xE-197)xE-197-6)-6)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
5	((M13x43-46-2-3-2)-10)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	209	((M7xE-197)xE-197-6)-6)x(MLS4-1 x PE-115-3)
6	((M13x43-46-2-3-2)-10)x(MLS4-1 x PE-115-3)	210	((M7xE-197)xE-197-6)-6)xLínea C
7	((M13x43-46-2-3-2)-10)xPE-212-1-2	211	((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)-15)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
8	((M13x43-46-2-3-2)-10)xLínea C	212	((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)-15)x(MLS4-1 x PE-115-3)
9	((M13x43-46-2-3-2)-18)x 43-46-2-3-2-1	213	((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)-15)xLínea C
10	((M13x43-46-2-3-2)-18)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	214	((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)-4)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
11	((M13x43-46-2-3-2)-18)x(MLS4-1 x PE-115-3)	215	((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)-4)x(MLS4-1 x PE-115-3)
12	((M13x43-46-2-3-2)-18)xMLS4-1	216	((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)-4)xMLS4-1
13	((M15xCML-11-3)-18)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	217	((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)-7)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
14	((M15xCML-11-3)-18)x(MLS4-1 x PE-115-3)	218	((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)-7)x(MLS4-1 x PE-115-3)
15	((M15xCML-11-3)-18)xMLS4-1	219	((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)-7)xPE-212-1-2
16	((M15xCML-11-3)-18)xLínea C	220	((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)-7)xLínea C
17	((M15xCML-11-3)-19)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	221	((M9xE-197)xE-197-6)-2)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
18	((M15xCML-11-3)-19)x(MLS4-1 x PE-115-3)	222	((M9xE-197)xE-197-6)-2)x(MLS4-1 x PE-115-3)
19	((M15xCML-11-3)-19)xPE-212-1-2	223	((M9xE-197)xE-197-6)-2)xPE-212-1-2
20	((M15xCML-11-3)-19)xLínea C	224	((M9xE-197)xE-197-6)-2)xLínea C

21	((M15xE-195-5)-6)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	225	((M9xE-197)xE-197-6)-20)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
22	((M15xE-195-5)-6)x(MLS4-1 x PE-115-3)	226	((M9xE-197)xE-197-6)-20)x(MLS4-1 x PE-115-3)
23	((M15xE-195-5)-6)xMLS4-1	227	((M9xE-197)xE-197-6)-20)xPE-212-1-2
24	((M15xE-195-5)-6)xLínea C	228	((M9xE-197)xE-197-6)-20)xLínea C
25	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-17)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	229	((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)-18)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
26	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-17)x(MLS4-1 x PE-115-3)	230	((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)-18)x(MLS4-1 x PE-115-3)
27	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-17)xMLS4-1	231	((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)-18)xPE-212-1-2
28	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-17)xLínea C	232	((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)-18)xLínea C
29	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-2)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	233	((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)-9)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
30	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-2)x(MLS4-1 x PE-115-3)	234	((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)-9)x(MLS4-1 x PE-115-3)
31	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-2)xMLS4-1	235	((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)-9)xPE-212-1-2
32	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-2)xLínea C	236	((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)-9)xLínea C
33	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-3)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	237	((M16xE-195)xM16)-1)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
34	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-3)xMLS4-1	238	((M16xE-195)xM16)-1)x(MLS4-1 x PE-115-3)
35	((M21x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-9)-3)xLínea C	239	((M16xE-195)xM16)-1)xMLS4-1
36	((M35x351-296-1-6-A)-18)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	240	((M16xE-195)xM16)-1)xLínea C
37	((M35x351-296-1-6-A)-18)x(MLS4-1 x PE-115-3)	241	((M16xE-195)xM16)-16)x(MLS4-1 x PE-115-3)
38	((M35x351-296-1-6-A)-18)xMLS4-1	242	((M16xE-195)xM16)-16)xMLS4-1
39	((M35x351-296-1-6-A)-2)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	243	((M16xE-195)xM16)-16)xLínea C
40	((M35x351-296-1-6-A)-2)x(MLS4-1 x PE-115-3)	244	((M16xE-197)xM16)-19)x(232-10-11 x MLS4-1)
41	((M35x351-296-1-6-A)-2)xMLS4-1	245	((M16xE-197)xM16)-19)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
42	((M35x351-296-1-6-A)-2)xLínea C	246	((M16xE-197)xM16)-19)xMLS4-1
43	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-11)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	247	((M16xE-197)xM16)-3)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
44	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-11)x(MLS4-1 x PE-115-3)	248	((M16xE-197)xM16)-3)xMLS4-1
45	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-11)xLínea C	249	((M16xE-197)xM16)-3)xLínea C
46	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-19)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	250	((M22xE-197)xM22)-15)x(MLS4-1 x PE-115-3)
47	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-19)x(MLS4-1 x PE-115-3)	251	((M22xE-197)xM22)-15)xMLS4-1

48	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-19)xMLS4-1	252	((M22xE-197)xM22)-15)xLínea C
49	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-19)xLínea C	253	((M22xE-197)xM22)-20)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
50	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-4)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	254	((M22xE-197)xM22)-20)x(MLS4-1 x PE-115-3)
51	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-4)x(MLS4-1 x PE-115-3)	255	((M22xE-197)xM22)-20)xMLS4-1
52	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-4)xMLS4-1	256	((M22xE-197)xM22)-20)xLínea C
53	((M42x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-7)-4)xLínea C	257	((M27xE-197)xM27)-2)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
54	((M42xE-195-3)-12)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	258	((M27xE-197)xM27)-2)xMLS4-1
55	((M42xE-195-3)-12)x(MLS4-1 x PE-115-3)	259	((M27xE-197)xM27)-2)xLínea C
56	((M42xE-195-3)-12)xMLS4-1	260	((M27xE-197)xM27)-5)x(MLS4-1 x PE-115-3)
57	((M42xE-195-3)-12)xLínea C	261	((M27xE-197)xM27)-5)xMLS4-1
58	((M7x351-296-1-6-A)-18)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	262	((M27xE-197)xM27)-5)xLínea C
59	((M7x351-296-1-6-A)-18)x(MLS4-1 x PE-115-3)	263	((M29xE-197)xM29)-3)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
60	((M7x351-296-1-6-A)-18)xMLS4-1	264	((M29xE-197)xM29)-3)x(MLS4-1 x PE-115-3)
61	((M7x351-296-1-6-A)-18)xLínea C	265	((M29xE-197)xM29)-3)xMLS4-1
62	((M7x351-296-1-6-A)-8)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	266	((M29xE-197)xM29)-3)xLínea C
63	((M7x351-296-1-6-A)-8)x(MLS4-1 x PE-115-3)	267	((M29xE-197)xM29)-6)x(232-10-11 x MLS4-1)
64	((M7x351-296-1-6-A)-8)xMLS4-1	268	((M29xE-197)xM29)-6)x(MLS4-1 x PE-115-3)
65	((M7x351-296-1-6-A)-8)xPE-212-1-2	269	((M29xE-197)xM29)-6)xMLS4-1
66	((M7x351-296-1-6-A)-9)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	270	((M29xE-197)xM29)-6)xLínea C
67	((M7x351-296-1-6-A)-9)xMLS4-1	271	((M7xE-197)xM7)-12)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
68	((M7x351-296-1-6-A)-9)xLínea C	272	((M7xE-197)xM7)-12)x(MLS4-1 x PE-115-3)
69	((M7x43-46-2-3-2)-11)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	273	((M7xE-197)xM7)-12)xPE-212-1-2
70	((M7x43-46-2-3-2)-11)x(MLS4-1 x PE-115-3)	274	((M7xE-197)xM7)-20)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
71	((M7x43-46-2-3-2)-11)xMLS4-1	275	((M7xE-197)xM7)-20)x(MLS4-1 x PE-115-3)
72	((M7x43-46-2-3-2)-2)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	276	((M7xE-197)xM7)-20)xPE-212-1-2
73	((M7x43-46-2-3-2)-2)x(MLS4-1 x PE-115-3)	277	((M7xE-197)xM7)-20)xLínea C
74	((M7x43-46-2-3-2)-2)xLínea C	278	((M7xE-197)xM7)-5)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)

75	((M7x43-46-2-3-2)-3)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	279	((M7xE-197)xM7)-5)x(MLS4-1 x PE-115-3)
76	((M7x43-46-2-3-2)-3)x(MLS4-1 x PE-115-3)	280	((M7xE-197)xM7)-5)xMLS4-1
77	((M7x43-46-2-3-2)-3)xPE-212-1-2	281	((M7xE-197)xM7)-5)xLínea C
78	((M7x43-46-2-3-2)-3)xLínea C	282	((M7xV524)xM7)-10)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
79	((M7x43-46-2-3-2)-6)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	283	((M7xV524)xM7)-10)x(MLS4-1 x PE-115-3)
80	((M7x43-46-2-3-2)-6)x(MLS4-1 x PE-115-3)	284	((M7xV524)xM7)-10)xMLS4-1
81	((M7x43-46-2-3-2)-6)xMLS4-1	285	((M7xV524)xM7)-10)xLínea C
82	((M7x43-46-2-3-2)-7)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	286	((M7xV524)xM7)-12)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
83	((M7x43-46-2-3-2)-7)x(MLS4-1 x PE-115-3)	287	((M7xV524)xM7)-12)x(MLS4-1 x PE-115-3)
84	((M7x43-46-2-3-2)-7)xMLS4-1	288	((M7xV524)xM7)-12)xLínea C
85	((M7x43-46-2-3-2)-9)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	289	((M7xV524)xM7)-15)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
86	((M7x43-46-2-3-2)-9)x(MLS4-1 x PE-115-3)	290	((M7xV524)xM7)-15)x(MLS4-1 x PE-115-3)
87	((M7x43-46-2-3-2)-9)xMLS4-1	291	((M7xV524)xM7)-15)xMLS4-1
88	((M7x43-46-2-3-2)-9)xLínea C	292	((M7xV524)xM7)-15)xLínea C
89	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)-13)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-13)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	293	((M7xV524)xM7)-17)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
90	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)-13)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-13)x(MLS4-1 x PE-115-3)	294	((M7xV524)xM7)-17)x(MLS4-1 x PE-115-3)
91	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)-13)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-13)xMLS4-1	295	((M7xV524)xM7)-17)xMLS4-1
92	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)-13)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-13)xLínea C	296	((M7xV524)xM7)-17)xLínea C
93	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)-15)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-15)x 43-46-2-3-2-1	297	((M7xV524)xM7)-7)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)
94	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)-15)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-15)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	298	((M7xV524)xM7)-7)x(MLS4-1 x PE-115-3)
95	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)-15)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-15)x(MLS4-1 x PE-115-3)	299	((M7xV524)xM7)-7)xMLS4-1
96	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)-15)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-15)xMLS4-1	300	((M7xV524)xM7)-7)xLínea C
97	((M15xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)-20)x(MLS4-1 x PE-115-3)	301	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)XV524-4119HC-218-3-2)x 43-46-2-3-2-1
98	((M15xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)-20)xMLS4-1	302	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)XV524-4119HC-218-3-2)x6310*BULK-11-3
99	((M15xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)-20)xLínea C	303	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)XV524-4119HC-218-3-2)x6310*BULK-11-4
100	((M16xE-197)xE-197-1)-19)x(MLS4-1 x PE-115-3)	304	((M13xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)XV524-4119HC-218-3-

		2)xPE-212-1-2	
101	(((M16xE-197)xE-197-1)-19)xMLS4-1	305	(((M15xPE-212-1)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
102	(((M16xE-197)xE-197-1)-19)xLínea C	306	(((M15xPE-212-1)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x(CML-318-A-2-A-A
103	(((M16xE-197)xE-197-1)-3)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	307	(((M15xPE-212-1)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x6310*BULK-11-1
104	(((M16xE-197)xE-197-1)-3)x(MLS4-1 x PE-115-3)	308	(((M15xPE-212-1)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x6310*BULK-11-4
105	(((M16xE-197)xE-197-1)-3)xMLS4-1	309	(((M15xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x 6310*BULK-11-6
106	(((M16xE-197)xE-197-1)-3)xLínea C	310	(((M15xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x 6310*BULK-11-7
107	(((M16xE-197)xE-197-1)-6)x(232-10-11 x MLS4-1)	311	(((M15xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xMLS4-1
108	(((M16xE-197)xE-197-1)-6)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	312	(((M15xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPE-212-1-2
109	(((M16xE-197)xE-197-1)-6)xMLS4-1	313	(((M16xE-195)xE-195-3)xE-195-3)x6310*BULK-11-2
110	(((M16xE-197)xE-197-1)-6)xLínea C	314	(((M16xE-195)xE-195-3)xE-195-3)x6310*BULK-11-3
111	(((M16xE-197)xE-197-1)-9)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	315	(((M16xE-195)xE-195-3)xE-195-3)xMLS4-1
112	(((M16xE-197)xE-197-1)-9)x(MLS4-1 x PE-115-3)	316	(((M16xE-195)xE-195-3)xE-195-3)xPE-212-1-2
113	(((M16xE-197)xE-197-1)-9)xMLS4-1	317	(((M16xE-197)xE-197-1)xE-197-6)x6310*BULK-11-2
114	(((M16xE-197)xE-197-1)-9)xLínea C	318	(((M16xE-197)xE-197-1)xE-197-6)x6310*BULK-11-5
115	(((M16xE-197)xE-197-6)-17)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	319	(((M16xE-197)xE-197-1)xE-197-6)xMLS4-1
116	(((M16xE-197)xE-197-6)-17)x(MLS4-1 x PE-115-3)	320	(((M16xE-197)xE-197-1)xE-197-6)xLínea C
117	(((M16xE-197)xE-197-6)-17)xMLS4-1	321	(((M19xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
118	(((M16xE-197)xE-197-6)-18)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	322	(((M19xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x6310*BULK-11-1
119	(((M16xE-197)xE-197-6)-18)x(MLS4-1 x PE-115-3)	323	(((M19xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x6310*BULK-11-4
120	(((M16xE-197)xE-197-6)-18)xMLS4-1	324	(((M19xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPE-212-1-2
121	(((M16xE-197)xE-197-6)-18)xLínea C	325	(((M1xE-197)xE-197-6)xE-197-6)x6310*BULK-11-4
122	(((M16xE-197)xE-197-6)-5)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	326	(((M1xE-197)xE-197-6)xE-197-6)x6310*BULK-11-5
123	(((M16xE-197)xE-197-6)-5)x(MLS4-1 x PE-115-3)	327	(((M1xE-197)xE-197-6)xE-197-6)xMLS4-1
124	(((M16xE-197)xE-197-6)-5)xLínea C	328	(((M1xE-197)xE-197-6)xE-197-6)xPE-212-1-2
125	(((M16xE-197)xE-197-6)-9)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	329	(((M21xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x6310*BULK-11-1

126	(((M16xE-197)xE-197-6)-9)x(MLS4-1 x PE-115-3)	330	(((M21xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x6310*BULK-11-3
127	(((M16xE-197)xE-197-6)-9)xMLS4-1	331	(((M21xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xMLS4-1
128	(((M16xE-197)xE-197-6)-9)xLínea C	332	(((M21xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xLínea C
129	(((M1xE-197)xE-197-6)-13)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	333	(((M41xE-197)xE-197-6)XE-197-6)x 43-46-2-3-2-1
130	(((M1xE-197)xE-197-6)-13)x(MLS4-1 x PE-115-3)	334	(((M41xE-197)xE-197-6)XE-197-6)x6310*BULK-11-1
131	(((M1xE-197)xE-197-6)-13)xMLS4-1	335	(((M41xE-197)xE-197-6)XE-197-6)x6310*BULK-11-4
132	(((M1xE-197)xE-197-6)-13)xLínea C	336	(((M41xE-197)xE-197-6)XE-197-6)xPE-212-1-2
133	(((M1xE-197)xE-197-6)-6)x(MLS4-1 x PE-115-3)	337	(((M41xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
134	(((M1xE-197)xE-197-6)-6)xPE-212-1-2	338	(((M41xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x6310*BULK-11-1
135	(((M1xE-197)xE-197-6)-6)xLínea C	339	(((M41xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x6310*BULK-11-4
136	(((M1xE-197)xE-197-6)-9)x 43-46-2-3-2-1	340	(((M41xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x(CML-318-A-2-A-A
137	(((M1xE-197)xE-197-6)-9)x(MLS4-1 x PE-115-3)	341	(((M41xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x6310*BULK-11-1
138	(((M1xE-197)xE-197-6)-9)xMLS4-1	342	(((M41xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x6310*BULK-11-2
139	(((M27xE-197)xE-197-6)-18)x(232-10-11 x MLS4-1)	343	(((M41xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPE-212-1-2
140	(((M27xE-197)xE-197-6)-18)x(MLS4-1 x PE-115-3)	344	(((M42xPE-212-1)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
141	(((M27xE-197)xE-197-6)-18)xMLS4-1	345	(((M42xPE-212-1)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x6310*BULK-11-4
142	(((M27xE-197)xE-197-6)-18)xLínea C	346	(((M42xPE-212-1)xPE-212-1-2)xPE-212-1-2)x(CML-318-A-2-A-A
143	(((M27xE-197)xE-197-6)-3)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	347	(((M47xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-5-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x6310*BULK-11-1
144	(((M27xE-197)xE-197-6)-3)xMLS4-1	348	(((M47xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-5-A)xPN-311-2-A-3-6-A)x6310*BULK-11-2
145	(((M27xE-197)xE-197-6)-3)xLínea C	349	(((M47xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-5-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xMLS4-1
146	(((M29xE-197)xE-197-6)-2)x(232-10-11 x MLS4-1)	350	(((M47xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-5-A)xPN-311-2-A-3-6-A)xPE-212-1-2
147	(((M29xE-197)xE-197-6)-2)x(MLS4-1 x PE-115-3)	351	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4-1)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)xV524-4119HC-218-3-2)x6310*BULK-11-3
148	(((M29xE-197)xE-197-6)-2)xMLS4-1	352	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4-1)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)xV524-4119HC-218-3-2)x6310*BULK-11-4
149	(((M29xE-197)xE-197-6)-2)xLínea C	353	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4-1)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)xV524-4119HC-218-3-2)xPE-212-1-2
150	(((M29xE-197)xE-197-6)-20)x(232-10-11 x MLS4-1)	354	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4-1)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)xV524-4119HC-218-3-2)xLínea C

151	(((M29xE-197)xE-197-6)-20)x(MLS4-1 x PE-115-3)	355	(((M7xE-197)xE-197-6)xE-197-6)x6310*BULK-11-4
152	(((M29xE-197)xE-197-6)-20)xMLS4-1	356	(((M7xE-197)xE-197-6)xE-197-6)x6310*BULK-11-5
153	(((M29xE-197)xE-197-6)-20)xLínea C	357	(((M7xE-197)xE-197-6)xE-197-6)xMLS4-1
154	(((M31xE-197)xE-197-6)-1)x(232-10-11 x MLS4-1)	358	(((M7xE-197)xE-197-6)xE-197-6)xPE-212-1-2
155	(((M31xE-197)xE-197-6)-1)x(MLS4-1 x PE-115-3)	359	(((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)XV524-41119HC-218-3-2)x6310*BULK-11-6
156	(((M31xE-197)xE-197-6)-1)xMLS4-1	360	(((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)XV524-41119HC-218-3-2)xMLS4-1
157	(((M31xE-197)xE-197-6)-1)xLínea C	361	(((M7xV524-4119HC-218-3xV524-4119HC-218-3-2)XV524-41119HC-218-3-2)xPE-212-1-2
158	(((M31xE-197)xE-197-6)-17)x(232-10-11 x MLS4-1)	362	(((M9xE-197)xE-197-6)xE-197-6)x6310*BULK-11-2
159	(((M31xE-197)xE-197-6)-17)x(MLS4-1 x PE-115-3)	363	(((M9xE-197)xE-197-6)xE-197-6)x6310*BULK-11-3
160	(((M31xE-197)xE-197-6)-17)xMLS4-1	364	(((M9xE-197)xE-197-6)xE-197-6)xMLS4-1
161	(((M31xE-197)xE-197-6)-17)xLínea C	365	(((M9xE-197)xE-197-6)xE-197-6)xPE-212-1-2
162	(((M31xE-197)xE-197-6)-18)x(MLS4-1 x PE-115-3)	366	((M4xE-197)xE-197-6xE-197-6)x6310*BULK-11-4
163	(((M31xE-197)xE-197-6)-18)xMLS4-1	367	((M4xE-197)xE-197-6xE-197-6)x6310*BULK-11-5
164	(((M32xE-197)xE-197-6)-15)x(MLS4-1 x PE-115-3)	368	((M4xE-197)xE-197-6xE-197-6)xMLS4-1
165	(((M32xE-197)xE-197-6)-15)xMLS4-1	369	((M4xE-197)xE-197-6xE-197-6)xPE-212-1-2
166	(((M32xE-197)xE-197-6)-15)xLínea C	370	(((M13xPE-115-3-1-11)xM13)xM13)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
167	(((M32xE-197)xE-197-6)-6)x(232-10-11 x MLS4-1)	371	(((M13xPE-115-3-1-11)xM13)xM13)x6310*BULK-11-3
168	(((M32xE-197)xE-197-6)-6)x(MLS4-1 x PE-115-3)	372	(((M15xPE-115-3-1-3)xM15)xM15)x6310*BULK-11-2
169	(((M32xE-197)xE-197-6)-6)xMLS4-1	373	(((M15xPE-115-3-1-3)xM15)xM15)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
170	(((M32xE-197)xE-197-6)-6)xLínea C	374	(((M15xPE-115-3-1-3)xM15)xM15)x6310*BULK-11-5
171	(((M32xE-197)xE-197-6)-8)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	375	(((M15xPE-115-3-1-3)xM15)xM15)xCML-318-A-2-A-A
172	(((M32xE-197)xE-197-6)-8)x(MLS4-1 x PE-115-3)	376	(((M15xPE-115-3-3-2)xM15)xM15)x6310*BULK-11-6
173	(((M32xE-197)xE-197-6)-8)xMLS4-1	377	(((M15xPE-115-3-3-2)xM15)xM15)x6310*BULK-11-7
174	(((M32xE-197)xE-197-6)-8)xLínea C	378	(((M15xPE-115-3-3-2)xM15)xM15)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
175	(((M41xPN-311-2-A-3-6)-16)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	379	(((M15xPE-115-3-3-2)xM15)xM15)xCML-318-A-2-A-A
176	(((M41xPN-311-2-A-3-6)-16)x(MLS4-1 x PE-115-3)	380	(((M15xPE-212-1)xM15)xM15)x6310*BULK-11-1

177	(((M41xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)-16)xPE-212-1-2	381	(((M15xPE-212-1)xM15)xM15)x 6310*BULK-11-6
178	(((M41xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)-16)xLínea C	382	(((M15xPE-212-1)xM15)xM15)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
179	(((M41xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)-17)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	383	(((M15xPE-212-1)xM15)xM15)x(CML-318-A-2-A-A
180	(((M41xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)-17)xMLS4-1	384	(((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)xM15)x6310*BULK-11-2
181	(((M41xPN-311-2-A-3-6)xPN-311-2-A-3-6-A)-17)xLínea C	385	(((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)xM15)xMLS4-1
182	(((M4xE-197)xE-197-6)-10)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	386	(((M15xPN-311-2-A-3-6)xM15)xM15)xPE-212-1-2
183	(((M4xE-197)xE-197-6)-10)x(MLS4-1 x PE-115-3)	387	(((M16xE-195)xM16)xM16)x6310*BULK-11-2
184	(((M4xE-197)xE-197-6)-10)xLínea C	388	(((M16xE-195)xM16)xM16)x6310*BULK-11-4
185	(((M4xE-197)xE-197-6)-2)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	389	(((M16xE-195)xM16)xM16)xMLS4-1
186	(((M4xE-197)xE-197-6)-2)x(MLS4-1 x PE-115-3)	390	(((M16xE-195)xM16)xM16)xPE-212-1-2
187	(((M4xE-197)xE-197-6)-2)xMLS4-1	391	(((M16xE-197)xM16)xM16)x6310*BULK-11-2
188	(((M4xE-197)xE-197-6)-2)xLínea C	392	(((M16xE-197)xM16)xM16)x6310*BULK-11-3
189	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-10)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	393	(((M16xE-197)xM16)xM16)xMLS4-1
190	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-10)x(MLS4-1 x PE-115-3)	394	(((M16xE-197)xM16)xM16)xPE-212-1-2
191	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-10)xLínea C	395	(((M22xE-197)xM22)xM22)x 43-46-2-3-2-1
192	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-11)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	396	(((M22xE-197)xM22)xM22)x 6310*BULK-11-2
193	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-11)x(MLS4-1 x PE-115-3)	397	(((M22xE-197)xM22)xM22)x6310*BULK-11-4
194	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-11)xLínea C	398	(((M22xPE-115-3-1-11)xM22)xM22)x6310*BULK-11-5
195	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-3)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	399	(((M22xPE-115-3-1-11)xM22)xM22)xLínea C
196	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-3)x(MLS4-1 x PE-115-3)	400	(((M35xPE-112-7-A-A-4-2)xM35)xM35)x 6310*BULK-11-7
197	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-3)xMLS4-1	401	(((M35xPE-112-7-A-A-4-2)xM35)xM35)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
198	(((M4xV524-4119HC-43-3-2-4)xV524-4119HC-43-3-2-4-1)-3)xLínea C	402	(((M42xPE-212-1)xM42)xM42)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
199	(((M7xE-197)xE-197-6)-15)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	403	(((M42xPE-212-1)xM42)xM42)x6310*BULK-11-5
200	(((M7xE-197)xE-197-6)-15)x(MLS4-1 x PE-115-3)	404	(((M42xPE-212-1)xM42)xM42)xLínea C
201	(((M7xE-197)xE-197-6)-15)xMLS4-1	405	(((M9xE-197)xM9)xM9)x(CML-181 X 6320-3)-A-A-3
202	(((M7xE-197)xE-197-6)-15)xLínea C	406	(((M9xE-197)xM9)xM9)x6310*BULK-11-1
203	(((M7xE-197)xE-197-6)-2)x(LBCPC4S4 x PE-115-3)	407	(((M9xE-197)xM9)xM9)x6310*BULK-11-4

204 (((M7xE-197)xE-197-6)-2)x(MLS4-1 x PE-115-3) 408 (((M9xE-197)xM9)xM9)xMLS4-1

H= Orden de los híbridos experimentales.