

EVALUACION DE POBLACIONES DE MAIZ (*Zea mays* L.) DE AMPLIA BASE GENETICA

Dr. Hernán Cortez M.*

RESUMEN

Las evidencias disponibles indican que los procedimientos de selección recurrente han sido muy efectivos en el mejoramiento de poblaciones de maíz. Nosotros estudiamos algunas de las poblaciones tropicales de maíz que han estado bajo procedimientos de selección recurrente en el CIMMYT. Este grupo de poblaciones y sus poblaciones derivadas de ellas fueron evaluadas, y obtenidos sus efectos acumulativos de genes y heterosis para cinco características agronómicas. Para este propósito se usó el modelo propuesto por Eberhart y Gardner (1966).

Los efectos de dominancia fueron los factores que mayor contribuyeron a la expresión del rendimiento de grano, sugiriendo que existe una variabilidad adecuada dentro de las poblaciones. La fuente de variación debida a los homocigotos fue altamente significativa para todas las características. Las cruces poblacionales superaron los valores medios parentales con una heterosis altamente significativa, pero contribuyó sólo con un 2.6% a la variación total entre medias generacionales. Los efectos de epistasis aditivo X aditivo no fueron relativamente importantes. En general nuestros resultados parecen indicar que los sistemas de selección intrapoblacional deberán ser tan efectivos como los sistemas de selección interpoblacional en el desarrollo de poblaciones a ser usadas en programas de hibridación.

Para el porcentaje de desgrane, días a floración masculina, y altura de planta y de mazorca los efectos de dominancia fueron también los que más contribuyeron a la variación observada. Para estas características, los efectos de genes aditivos fueron también altamente significativos. La heterosis poblacional y la heterosis específica fueron significativos para altura de planta y mazorca. Los efectos de epistasis aditivo X aditivo fueron altamente significativos para días a floración masculina y altura de mazorca.

Los patrones heteróticos exhibidos por las cruces poblacionales sugieren que existe un buen nivel de divergencia genética en algunas de las poblaciones estudiadas. La práctica de considerar los tipos de endospermo como criterio en la clasificación de poblaciones de acuerdo a su heterosis parece dar buenos resultados. Las mejores respuestas heteróticas fueron obtenidas en cruces de dentado X cristalino, sin embargo algunas combinaciones de dentado X fueron también buenas.

Se sugiere que una vez que se hayan establecido dos poblaciones compuestas heteróticas, cualquier retroalimentación germoplásmica futura a cualesquiera de los compuestos, deberá de hacerse en base a su aptitud combinatoria. Los materiales considerados para la retroalimentación, deberán de cruzarse a ambas poblaciones y aquellos que exhiban una mayor aptitud combinatoria con una de ellas, deberán de incorporarse a la otra.

* Gerente de Investigación de Maíz, Selecciones Genéticas S. de R.L. de C. V., MEXICO.

EVALUACION DE POBLACIONES DE MAIZ (*Zea mays* L.) DE AMPLIA BASE GENETICA

Dr. Hernán Cortez M.*

INTRODUCCION

Wellhausen (1960) enfatizó la necesidad del mejoramiento genético del maíz en México por algún método de selección recurrente. El sugirió que los métodos de selección recurrente serían más efectivos para incrementar el comportamiento de híbridos que el muestreo repetido de la misma población base, bajo el clásico método de endocria e hibridación. La efectividad de los procedimientos de selección recurrente en el mejoramiento del germoplasma de maíz ha sido demostrado (Sprague y Eberhart, 1977; Hallauer y Miranda, 1981). Una amplia revisión de las ventajas de integrar los esquemas de selección recurrente con los programas de mejoramiento aplicado fue reportado por Eberhart et al. (1967), Sprague y Eberhart (1977) y Hallauer y Miranda (1981). Estas ventajas incluyen el realce del valor de las poblaciones para uso directo e inmediato, así como para la obtención de líneas endocriadas superiores para el desarrollo de híbridos y sintéticos.

Durante las pasadas tres décadas, el programa de mejoramiento genético de maíz del Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA) ha dedicado el mayor de sus esfuerzos y recursos al desarrollo de híbridos y sintéticos, y relativamente poco esfuerzo al desarrollo y mejoramiento de poblaciones. Esto ha dado como resultado, una falta de poblaciones de amplia base genética con media de comportamiento relativamente alto, que puedan ser usadas para implementar programas ambiciosos de mejoramiento poblacional.

Recientemente, algunas poblaciones mejoradas de maíz han estado disponibles para las zonas tropicales y subtropicales (Paliwal y Sprague 1981; Vasal et al. 1982). Estas poblaciones han sido continuamente mejoradas por el CIMMYT (Paliwal y Sprague, 1981).

Aún cuando existe una gran cantidad de información acerca del comportamiento de estas fuentes de germoplasma en los reportes anuales del CIMMYT, así como en algunos reportes específicos (Paliwal y Sprague, 1981, Vasal et al. 1982), existe relativamente poca información acerca de la heterosis, aptitud combinatoria y efectos genéticos de estas poblaciones. Este tipo de información debe ser muy importante para la integración de programas de mejoramiento poblacional e hibridación. Para el éxito de cualquier programa de mejoramiento, la elección del germoplasma más adecuado es muy importante debido, a que en la mayoría de los casos, éste será la base del programa por muchos años.

El modelo desarrollado por Gardner (1965) y aumentado después por Gardner y Eberhart (1966) Eberhart y Gardner (1966) es muy útil para la evaluación y selección del germoplasma a ser usado en mejoramiento de cultivos. Este modelo fue usado para estudiar las poblaciones de amplia base genética

* Gerente de investigación de Maíz, Selecciones Genéticas S. de R.L.
de C. V., MEXICO

de maíz. El objetivo nuestro fue hacer un análisis detallado de 10 poblaciones mejoradas de maíz a fin de determinar cuáles poblaciones serían usadas en programas de mejoramiento poblacional.

REVISION DE LITERATURA

Quizá no haya un país que no tenga más recursos genéticos de maíz que México. El detallado trabajo de Wellhausen et al. (1952). Describe en detalle las razas de maíz en México. Este trabajo sirvió de motivación para estudios de heterosis entre diferentes razas representativas de áreas mairceras de México con diferentes altitudes (baja, intermedia y alta).

En un esfuerzo para reducir el número de colecciones a ser mantenidas y preservadas así como mantener tanta variación genética como fuera posible, el CIMMYT conjuntó colecciones similares dentro de razas en forma de com puestos germoplásmicos en los cuales algunos procedimientos de selección fueron conducidos (Castro, 1967). Wellhausen (1978) en colaboración con mejoradores de maíz en México y América Central y del Sur dieron los primeros intentos a fin de identificar los pooles raciales élités y los patrones heteróticos para los trópicos bajos a principios de la década de los 60's.

El programa de mejoramiento de maíz en CIMMYT es un proceso con varias etapas con un continuo y sistemático flujo de germoplasma (Paliwal y Sprague, 1981). Las unidades de respaldo y avanzada constituyen las principales etapas para el manejo y la selección del germoplasma de maíz. La unidad de respaldo sirve como una unidad de soporte para proveer de genotipos superiores y familias a la unidad avanzada en una forma continua, de tal forma que en la unidad avanzada es posible obtener un mejorameinto, ciclo tras ciclo. De esta manera, la reducción de la variabilidad genética en las poblaciones de la unidad avanzada pueden ser minimizados.

Los pooles genéticos del CIMMYT satisfacen los requerimientos climáticos de los Valles Altos Tropicales, de los trópicos bajos, y de las zonas subtropicales. También los pooles dentro de cada zona fueron después clasificados en base a su madurez (precoz, intermedia, tardía) color grano (blanco y amarillo), y textura de grano (cristalino y harinoso).

Los métodos de selección recurrente para el mejoramiento poblacional y desarrollo de híbridos han sido delineadas y discutidas por Sprague (1955), Lonquist (1961). Sprague y Eberhart (1967) y Hallauer y Miranda (1981), Eberhart, et al. (1967) integró los diferentes aspectos de la selección recurrente en un "sistema comprensivo de mejoramiento de maíz". Ellos sugirieron que en caso de que exista la posibilidad de producción de híbridos ahora o en el futuro, se deberán de incorporar el uso de la selección recurrente en dos poblaciones. Las poblaciones deberán ser genéticamente variables dentro de ellas, pero suficientemente diferentes una de la otra de modo que expresen heterosis en la cruz a varietal. La selección recurrente es implementada en cada población para su mejoramiento cíclico. Eberhart y colaboradores señalaron que ésto permite una gran flexibilidad en la obtención de materiales mejorados, por ejemplo:

(a) Híbridos varietales pueden ser producidos entre las dos variedades en cada ciclo de mejoramiento; (b) Híbridos simples o triples pueden ser desa-

* rrolados entre líneas élite o familias superiores identificadas en cada ciclo de selección; y (c) En áreas donde no sea posible la utilización de híbridos, las variedades parentales o la generación avanzada de la cruz varietal, pueden ser liberadas como variedades sintéticas con un continuo mejoramiento cada ciclo de selección.

Los sistemas de aparamientos dialélicos han sido usados extensivamente para evaluar el potencial relativo de poblaciones de maíz. La teoría y análisis de las cruas dialélicas han sido dadas por Hayman (1954, 1958 y 1960), Anderson y Kempthorne (1954) y Griffing (1956). Sin embargo ninguno de estos autores provee las esperanzas genéticas de un grupo fijo o aleatorio de variedades parentales, sus cruas dialélicas y otras poblaciones emparentadas.

* Gardner (1965) y Gardner y Lonnquist (1966) usando la teoría genética estadística presentó las medias esperadas de un grupo de variedades en equilibrio de Hardy-Weinberg, las variedades autofecundadas, las cruas varietales, las cruas varietales autofecundadas, y las cruas varietales recombinadas. Las esperanzas fueron dadas en términos de la media (μ) de un grupo aleatorio de líneas autofecundadas que podrían ser desarrolladas de las variedades y de los efectos aditivos (a_j) los efectos de dominancia (d_j) y los efectos de heterosis intervartetal (h_{jk}).

* Gardner y Eberhart (1966) ampliaron el modelo propuesto por Gardner (1965) y Gardner y Lonnquist (1966) y compararon este modelo con el de Hayman (1958) y Griffing (1956). Ellos mostraron que (1) el parámetro de h_{jk} puede ser dividido en heterosis promedio ($\bar{h}$), heterosis varietal (h_j y h_k) y efecto de heterosis específica (s_{jk}); (2) los parámetros genéticos son útiles para la predicción del comportamiento de poblaciones incluidas y no incluidas en el experimento; (3) los errores standard de las medias predichas son frecuentemente menores que aquellos para las medias observadas; (4) es posible modificar el modelo en situaciones donde sólo los progenitores y las cruas son incluidas en el experimento o cuando sólo las cruas son incluidas; (5) el modelo puede ser usado para analizar un grupo fijo de líneas homocigotas y sus cruas.

* Eberhart y Gardner (1966) extendieron el modelo de Gardner y Eberhart (1966) y desarrollaron uno más general que incluye los efectos de alelos múltiples y tipos de epistasis aditivo x aditivo. Las esperanzas de las medias de las poblaciones, poblaciones autofecundadas, cruas (F_1 's), F_1 's autofecundadas, F_1 's recombinadas, las retrocruas autofecundadas y las cruas triples y dobles fueron estimadas. Ellos también discutieron la relación de sus parámetros con los desarrollados por Hayman (1958) y Robinson y Cockerham (1961). Ellos reanalizaron los datos de Gamble (1961 a, 1962 b) de seis características de maíz y encontraron que el modelo que incluyó los efectos aditivos, de dominancia y de epistasis aditivo x aditivo explicó el 97.6 a 99.4 de la variación entre medias. Ellos encontraron que las medias predichas, usando el modelo completo y el modelo sin los efectos de epistasis aditivo x aditivo fueron muy similares a las medias observadas.

Ventajas adicionales del modelo de Gardner y Eberhart (1966) fueron dadas por Gardner (1982):

* 1) El modelo es completamente general: a) puede ser aplicado a todas las características cuantitativas, morfológicas, agronómicas, fisiológicas y

bioquímicas. b) el modelo puede ser aplicado a cualquier grupo de progenitores y sus derivados. c) el número de progenitores puede variar - desde dos hasta tantos como puedan manejarse convenientemente.

2) Las asunciones involucradas son mínimas. Para las interpretaciones genéticas se presume que todos los progenitores tienen el mismo nivel de endogamia.

3) La información genética que puede ser obtenida es mayor que en otros modelos, debido a las poblaciones derivadas adicionales que se incluyen en el dialélico.

4) Todas las poblaciones derivadas de los progenitores y sus cruzas pueden ser incluidas como por ejemplo: a) progenitores, b) progenitores autofecundados, c) las cruzas F1's, d) F1's autofecundadas, e) F1's recombinadas, f) las retrocruzas, g) las cruzas triples, h) las cruzas dobles, j) las retrocruzas autofecundadas, y k) etc.

5) Los efectos genéticos para cada progenitor y cada craza pueden ser estimados:

- a) efectos acumulativos de aditividad a_j .
- b) efectos acumulativos de dominancia intravarietal d_j .
- c) efectos acumulativos de heterosis intervarietal $h_{jj'}$.
- d) efectos acumulativos intervarietales de epistasis aditivo x aditivo $aa_{jj'}$.

6) Los efectos de heterosis sirven como indicadores de la diversidad genética y proveen la base para la formación de pools germoplásmicos. Para un solo compuesto germoplásmico, uno puede escoger aquellos progenitores que tengan una media alta de comportamiento, gran variabilidad genética y mayores ganancias esperadas en selección recurrente. Para formar dos compuestos germoplásmicos para programas de selección recíproca recurrente, es importante seleccionar aquellos progenitores para cada compuesto de tal forma que nos den una media de comportamiento alta per se, se maximice la heterosis interpoblacional entre ellos, y nos garantice ganancias altas por selección.

7) El modelo puede ser usado para evaluar el progreso por selección realizado en programas de selección recurrente.

Gardner y Paterniani (1967) usaron el modelo propuesto por Eberhart y Gardner (1966) para analizar 5 poblaciones de maíz, el dialélico incluyó las cruzas F1's recombinadas y las retrocruzas de cada F1's a sus dos progenitores. Debido a que las poblaciones autofecundadas no fueron incluidas, la separación de los parámetros de depresión endogámica (d_j 's) de los efectos aditivos (a_j) no fue posible. Para rendimiento, el modelo completo y en el modelo sin los efectos de epistasis aditivo x aditivo explicaron el 91 y el 87% de la variación entre medias generacionales, respectivamente. Los efectos de los loci homocigotos (a_j) y heterocigotos (d_j) contribuyeron con un 69% de la variación total entre medias. Los efectos de heterosis intervarietal contribuyeron con un 17%. Estos efectos fueron más afectados cuando la epistasis fue omitida. Los efectos de epistasis aditivo x aditivo y las desviaciones debida a los tipos de epistasis y/o ligamientos no fueron significativos. Las correlaciones entre las medias predichas y observadas usando el modelo completo y sin los efectos de epistasis aditivo x aditivo fueron 0.95.

y 0.93 respectivamente.

Castro et al. (1968) reportó un estudio dialélico de cinco poblaciones de maíz (variedades de polinización abierta cada una representativa de un diferente grupo racial). Los progenitores, los progenitores autofecundados, las F1's, las F1's autofecundadas, y las F1's recombinadas fueron incluidas. Pare rendimiento los efectos aditivos y de rendimiento contribuyeron con 39 y 52% respectivamente de la variación total. A pesar de que la heterosis intervarietal fue significativa, su contribución (6.5%) a la suma de cuadrados entre medias generacionales fue de poca importancia, sugiriendo variabilidad dentro de variedades relativamente pero poca diferencia en las frecuencias de genes que controlan el rendimiento entre variedades. Los efectos de epistasia aditivo y los tipos de epistasia de dominancia y/o efectos de ligamiento fueron de poca magnitud (1.8%) y no significativos.

Hallauer y Eberhart (1966), Hallauer y Sears (1968) y Eberhart (1971) usaron el modelo de Gardner y Eberhart (1966), pero incluyeron sólo los progenitores y sus cruas dialélicas. En todos los casos, ellos encontraron que el modelo que incluyó los efectos de variedades (vj) y la heterosis promedio (h) explicaron la mayor parte de la variación para rendimiento.

MATERIALES Y METODOS

Este estudio incluyó diez poblaciones de amplia base genética desarrolladas y mejoradas por el CIMMYT, de las cuales dos son intermedias (Pool 19 y 20) y dos tardías (Pool 23 y 24), dentro de cada madurez un Pool es contraparte del otro con respecto al tipo de endospermo (cristalino y dentado). Las otras poblaciones fueron tardías con excepción del blanco dentado-2 que es de ciclo intermedio y endospermo dentado; las otras poblaciones (población 21, 22, 29, 32 y 43) dos son dentadas, una es cristalina y dos son dentadas-cristalinas. (Cuadro I).

Las cruas dialélicas entre las diez poblaciones fueron producidas en el ciclo de invierno de 1981-1982 en Tancasneque, Tamaulipas. Para cada cruz se usaron parcelas apareadas de 5 surcos (6.0m x 0.9m) con 20 plantas por surco. La serie dialélica completa fue repetida en tres diferentes fechas de siembra para asegurar al menos 500 plantas para cada progenitor de cada una cruz. La polinización fue hecha al azar para cruzar los pares de variedades, la espiga sólo se utilizó una vez, removiéndola después de cada polinización. Las mazorcas fueron cosechadas de cada una de las tres fechas de siembra utilizadas, reteniéndose un mínimo de 150 pares de mazorcas de cada cruz, las cuales fueron desgranadas en masa y mezcladas apropiadamente antes de preparar semilla para siembra.

En el verano de 1982 las diez poblaciones parentales y las 45 cruas poblacionales derivadas fueron sembradas en Ebano, S.L.P. y Río Bravo, Tamaulipas, para producir las poblaciones autofecundadas y recombinadas como sigue:

En cada localidad suficiente semilla de cada una de las cruas poblacionales fue sembrada en parcelas de cinco surcos. (10.0m x 0.8m) para tener al menos 150 plantas en cada uno de los bloques de siembra. En un bloque, todas las plantas fueron autofecundadas y en el otro se hicieron cruas fra

ternales en cadena dentro de cada parcela de cinco surcos (usando las espigas una sola vez). De igual manera las poblaciones parentales fueron plantadas en cada localidad para obtener las poblaciones autofecundadas y renovar la semilla de las mismas. Entre los dos bloques, al menos 200 mazorcas de cada generación de progenitores y cruza fueron cosechadas, desgranadas en masa y mezcladas adecuadamente.

Los materiales experimentales fueron agrupados en base a vigor en cinco grupos como sigue:

Grupo	Población	Número de Entradas
1	Poblaciones + 2 testigos	12
2	Poblaciones autofecundadas	10
3	F1's + 3 testigos	48
4	F1's autofecundadas	45
5	F1's recombinadas	45

Los grupos fueron distribuidos al azar en el campo en un diseño de bloques al azar con dos repeticiones para cada una de las entradas en cada una de las siguientes ocho localidades en 1983: El Tapon, Tam., Ebano, S.L.P.; Las Adjuntas, Tam.; Anahuac, N.L.; Río Bravo, Tam., Puerto Rico, U.S.A. Cd. Obregón, Son.; y Los Mochis, Sin. Entre cada grupo se sembraron surcos de bordo del material adecuado para cada uno de los grupos. Se utilizaron parcelas de dos surcos cada uno con 20 plantas (4.0m x 0.8m) espaciadas 0.20m, se sembraron dos semillas por golpe para luego aclarar a 1 planta por mata y tener una densidad aproximada de 62,500 plantas por hectárea. En la mayoría de los casos las densidades fueron excelentes y los siguientes datos fueron obtenidos solamente de plantas con competencia completa. Rendimiento de grano (20 plantas con competencia completa, excepto en Puerto Rico), expresado en kg/ha al 15% de humedad, porcentaje de desgrane, días a floración masculina, altura de planta y mazorca, porcentaje de humedad en el grano, mazorcas por 100 plantas, pudrición de mazorca, y porcentaje de mala cobertura. En este reporte sólo se incluyen los resultados para rendimiento, porcentaje de desgrane, días a floración masculina, y altura de planta y mazorca, para las primeras seis localidades mencionadas arriba.

Análisis Estadístico:

El modelo para el análisis combinado para cada tratamiento para 155 entradas (excluyendo los cinco testigos) fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = u + L_i + R_{j/i} + (GL)_{ik} + E_{ijk}$$

donde:

- Y_{ijk} = Observación de la k-ésima entrada en la j-ésima repetición en el i-ésimo ambiente.
- u = Media general de los experimentos.
- L_i = Efecto del i-ésimo ambiente.
- $R_{j/i}$ = Efecto de la j-ésima repetición en el i-ésimo ambiente.
- G_k = Efecto fijo de la k-ésima población.

E_{ijk} = Error aleatorio de la k-ésima población en la j-ésima repetición en el i-ésimo.

Después de que se obtuvo el análisis de varianza combinado, se condujo el análisis de varianza y estimación de parámetros genéticos según el modelo de Gardner y Eberhart (1966) y Eberhart y Gardner (1966), según el cual cada media generacional ($\bar{Y}$) es función de los siguientes parámetros genéticos:

$\bar{Y}$ = $f(u, a_j, d_j, h_{jj}^1, a_{jj}^1)$
 u = Media esperada de un grupo aleatorio de líneas autofecundadas de las poblaciones.
 a_j = Efectos acumulativos aditivos.
 d_j = Efectos acumulativos de dominancia intrapoblacional.
 h_{jj}^1 = Efectos acumulativos de heterosis interpoblacional, - los cuales fueron subdivididos en heterosis promedio ($\bar{h}$), heterosis poblacional (h_j), y heterosis específica (s_{jj}).
 a_{jj}^1 = Efectos acumulativos interpoblacionales de epistasis aditivos x aditivo.

Los coeficientes de los parámetros varían de acuerdo a los parientes incluidos. Por ejemplo, para dos progenitores y sus cinco generaciones (progenitores, progenitores autofecundados, F1's, F1's autofecundadas y F1's recombinadas) usadas en este estudio, las esperanzas respectivas son como sigue:

Y_{ij} = $u + a_j + d_j$
 Y_{ij}^S = $u + a_j + \frac{1}{2}d_j$
 Y_{jj}^1 = $u + (a_j + a_{j'}) + \frac{1}{2}(d_j + d_{j'}) + h_{jj}^1 + a_{jj}^1$
 Y_{jj}^{S1} = $u + \frac{1}{2}(a_j + a_{j'}) + \frac{1}{4}(d_j + d_{j'}) + \frac{1}{2}h_{jj}^1 + a_{jj}^1$
 Y_{jj}^{r1} = $u + \frac{1}{2}(a_j + a_{j'}) + \frac{1}{2}(d_j + d_{j'}) + \frac{1}{2}h_{jj}^1 + a_{jj}^1$

En términos de regresión múltiple se pueden escribir también las esperanzas de medias generacionales para cada población como sigue:

$$Y_{jj}^1 = \sum_{i=0}^6 B_i X_i$$

Donde las B's son los parámetros genéticos (coeficientes de regresión) y las X's son los coeficientes apropiados para cada parámetro en cada media. El término heterosis (h_{jj}^1) es subdividido en $h_{jj}^1 = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj}^1$ con la restricción que:

$$\sum_j a_j = \sum_j h_j = \sum_{j, j'} s_{jj}^1 = 0$$

El ajuste sucesivo de modelos más complejos de la base para el cálculo de la suma de cuadrados atribuida a cada tipo de efectos genéticos como sigue:

Parámetros	Suma de Cuadrados
u, a	$(B'G)_1$
u, a, d	$(B'G)_2$
u, a, d, h _{jj} ¹	$(B'G)_3$
u, a, d, h _{jj} ¹ , aa _{jj} ¹	$(B'G)_4$
u, a, d, $\bar{h}$	$(B'G)_6$

Suma de Cuadrados atribuido a	Cálculo
a	$(B'G)_1$ - F.C.
d/a	$(B'G)_2$ - $(B'G)_1$
h/a, d	$(B'G)_3$ - $(B'G)_2$
$\bar{h}$ /a, d	$(B'G)_5$ - $(B'G)_2$
h _j /a, d, $\bar{h}$	$(B'G)_3$ - $(B'G)_5$
aa _{jj} ¹ /a, d, h _{jj} ¹	$(B'G)_4$ - $(B'G)_3$

En adición a la estimación del porcentaje de contribución de los diferentes tipos de efectos genéticos a la variación entre medias generacionales, el análisis por cuadros mínimos también permite la estimación de parámetros genéticos, los cuales son usados para la predicción de cruza simples, dobles y tripeles, así como para la formación de compuestos de n-progeitores. Las ecuaciones de predicción son como sigue:

a) Cruzas Triples

$$Y_{jj'} \cdot j'' = u + \frac{1}{4}(aj + aj' + dj + dj') = \frac{1}{2}(aj'' + dj'') \\ + \frac{1}{4}(hj'' + h'j'') + \frac{1}{4}aa_{jj'} + \frac{1}{2}(aa_{jj''} + aa_{j'j''})$$

b) Cruzas Dobles

$$Y_{jj'} = j''j''' = u + \frac{1}{6}(a_j + a_j' + a_j'' + a_j''' + d_j + d_j' + d_j'') + \frac{1}{6}(h_j j'' + h_j''' + h_j' j'' + h_j' j''') + \frac{1}{6}(aa_{jj}'' + aa_{jj}''' + aa_{jj}'''' + aa_{jj}'''' + aa_{jj}'''' + aa_{jj}''''')$$

c) Compuesto de n-progenitores o compuesto germoplásmico (MOCHIZUKI, 1970)

$$Y^{r123\dots n=n+1} \binom{1}{n} \left(\sum_{j=1}^n a_j + \sum_{j=1}^n d_j \right) + \binom{2}{n-2} \left(\sum_{j=1}^n h_{jj} \right)$$

Parece ser que los *loi* homocigotos y heterocigotos fueron igualmente importantes en la explicación de la variabilidad genética para días a floración masculina (Cuadro 3). Su contribución a la variación total entre medias generacionales fueron 32.99 y 42.10% respectivamente. La heterosis (*h_{ij}*) no fue significativa y sólo contribuyó un 10.25% de la variación; la epistasis aditiva por aditiva con una contribución similar fue altamente significativa. El total de la variación explicada por el modelo para días a floración masculina fue 95%.

Para altura de planta y mazorca el factor que más contribuyó a su variación genética fue el debido a los loci heterocigotos con un 60.01 y 49.16% respectivamente del total de la variación entre medias generacionales (Cuadro 3).

Los efectos de heterosis fueron también altamente significativos y contribuyeron con un 13.10 y 15.29% de la variación para altura de planta y mazorca respectivamente para altura de mazorca pero no para altura de planta. La variación total para altura de planta y mazorca explicada por el modelo fue 95 y 96% respectivamente.

Los parámetros genéticos estimados para rendimiento de grana (kg/ha) de las poblaciones progeitoras per se y autofecundadas, y las medias esperadas de un grupo aleatorio de líneas endocriadas derivadas de ellas se muestran en el Cuadro 4. El parámetro de a_{jj} fue excluido del modelo debido a que no fue significativo en la expresión del rendimiento de grano (Cuadro 3).

Aún cuando no fueron significativamente diferentes de cero, los efectos aditivos observados para el pool 24 y población 21 fueron grandes y positivos, lo cual sugiere una tendencia de esas dos poblaciones a tener relativamente más loci homocigotos para genes favorables que el promedio de todo el grupo.

Las estimaciones de los efectos de dominancia intrapoblacional (d_j) fueron altamente significativas para todas las poblaciones. El rendimiento de grano mostró grandes reducciones debido a la endocria ($Y_j - Y_{js}$). Por lo tanto se esperan grandes y positivas estimaciones de d_j . Bajo la asunción de no presencia de epistasis, la diferencia entre la media de las poblaciones progenitoras y las poblaciones autofecundadas estima un medio de los efectos de dominancia. Las estimaciones de gran magnitud de los efectos de d_j sugieren la presencia de loci segregantes y la existencia de grandes efectos de dominancia intrapoblacional. Esto era de esperarse si vemos que los esquemas de selección usados por el CIMMYT en sus unidades (de mejoramiento de de respaldo y avanzado) enfatizan el tipo de hibridación dentro de poblaciones.

Todos los efectos de heterosis poblacional no fueron diferentes de cero (Cuadro 4). El pool 19 y población 49 tendieron a expresar una heterosis mayor en cruzas con otras poblaciones que la media de todas las poblaciones. Esto sugiere que el pool 19 y la población 49 fueron genéticamente más diversas que las otras poblaciones. Se espera que del pool 24 y la población 21 se obtengan líneas endocriadas de más alto rendimiento.

Los parámetros genéticos para rendimiento de gran (kg/ha) de las 45 cruas F1, su heterosis en promedio de la media de los progenitores, y las medias predichas para las F1's, las F1's autofecundadas y las F1's recombinadas son presentadas en el Cuadro 5. Los valores de heterosis fueron calculados como por ciento de la media de poblaciones e incluyeron tres medias; la media de la crusa F1 y las de sus dos progenitores. Debido a que los efectos de apistasis no fueron significativos las estimaciones de cuadrados mínimos para heterosis son mayores que las observadas debido a que ellos incluyen las medias de las F1 y de los progenitores así como las medias de las F1's autofecundadas y las F1's recombinadas. La poca importancia de la epistasis en la expresión del rendimiento de grano de las cruas es otra vez confirmado con el alto coeficiente de correlación (0.97) entre los dos parámetros de heterosis calculados.

Las cruas que exhibieron los efectos de heterosis más grandes y significativos fueron: pool 19 x población 21, pool 19 x población 49, pool 20 x po-

blación 49, y población 21 x población 49. La heterosis encontrada entre la población 21 y la población 49 fue inesperada debido a que la población 49 es derivada de la población 21 (Tuxpeño Crema 1). Sin embargo, estas dos poblaciones, mostraron diferencias en madures y altura de planta y mazorca, características que son correlacionadas positivamente con rendimiento. La heterosis observada está probablemente en función de las diferencias en las frecuencias de genes para los loci involucrados y en algún nivel de dominancia. Las cruza de pool 23 x población 43 y población 29 x población 43 utvieron los más altos y positivos efectos de heterosis específica. Estas poblaciones tuvieron también las más altas medias predichas para las F1, F1 autofecundadas y las F1 recombinadas. Para rendimiento de grano las mejores respuestas heteróticas fueron obtenidas de cruza entre tipos de endospermo dentado x cristalino sin embargo, algunas cruza de dentado x dentado fueron también de buen comportamiento. Un resumen de la heterosis promedio entre diferentes tipos de endospermo se presenta a continuación:

Cruza	No. de Cruzas	Heterosis Promedio
Dentado x Cristalino	15	14
Dentado x Dentado	10	11
Dentado-Cristalino x Dentado	10	9
Dentado-Cristalino x Cristalino	6	9
Cristalino x cristalino	3	6
Dentado-Cristalino x Dentado-cristalino	1	3

La divergencia genética de las poblaciones progenitoras es inferida de los patrones heteróticos manifestados en las series de cruza poblacionales, es decir si la heterosis manifestada en la cruza de dos variedades progenitoras es relativamente grande, se concluye que las poblaciones progenitoras son genéticamente más diversas que dos poblaciones que manifiesten poca o no heterosis en la cruza poblacional. Sobre esta base, se concluye que la población 29 está emparentada al pool 23 y a la población 22. Similarmente el pool 24 a la población 21 y el pool 19 al pool 23. Los pedigrees de estas poblaciones confirman su parentesco.

Para la estimación de los efectos genéticos y medias predichas para los progenitores y poblaicones derivadas de ellos para por ciento de desgrane (Cuadro 6 y 7), se usó sólo el modelo reducido con a_j , d_j y h debido a que sólo estos parámetros fueron significativos en el análisis de varianza (Cuadro 3). No obstante que este modelo sólo explicó el 77% de la variación, las estimaciones de los efectos genéticos y medias predichas fueron casi siempre las mismas que las calculadas con el modelo que incluyó los parámetros de h_{jj} , que explicó el 84% de la variación total. Eberhart y Gardner (1966) sugieren que en estos casos el modelo reducido da una mayor precisión en las estimaciones.

En el Cuadro 6 se presentan los parámetros genéticos y medias predichas para porcentaje de desgrande de las poblaciones progednitoras, poblaciones autofecundadas, y las medias esperadas de un grupo aleatorio de líneas del promedio para los loci homocigotos favorables para por ciento de desgrane, el pool 19 estuvo abajo del promedio para los loci homocigotos favorables, las otras poblaciones estuvieron en el promedio para los loci homocigotos favorables. El promedio de depresión endogámica para todas las poblaciones fue aproximadamente 4.0%. El pool 19 y 20 mostraron las más grandes depresio-

nes por endogamia para porcentaje de desgrande y el pool 24 y la población 32 los menores. La población 49 dará las líneas con los valores más altos de porcentaje de desgrande de este grupo de poblaciones. En el Cuadro 7 se presentan los parámetros genéticos y las medias predichas para las cruza y sus poblaciones derivadas de ellas. La heterosis calculada como por ciento de la media predicha de los progenitores fue muy pequeña e igual para todas las cruza poblacionales. Las medias predichas para las F1 fueron aproximadamente igual a las medias predichas para las F1's recombinadas para la mayoría de las cruza. En el modelo que incluye los efectos aditivos y de dominancia podemos ver que las medias de las poblaciones F1's recombinadas son aproximadamente iguales a las medias de las F1's y sus correspondientes valores de las medias de los progenitores.

Los parámetros genéticos y las medias predichas de las 5 clases de poblaciones-generadas para días a floración masculina, fueron estimadas usando el modelo completo, debido a que en el análisis de varianza la epistasis aditiva X aditiva fue altamente significativa (Cuadro 3). Para días a floración masculina sólo el pool 20 tuvo valores arriba de la media para los loci homocigotos favorables (Cuadro 8). Como se esperaba todas las estimaciones de los efectos de dominancia para días a flor masculina fueron negativas y altamente significativas. La precocidad ha sido generalmente encontrada dominante sobre lo tardío. Por lo tanto cuando se autofecunda se expresan los loci recesivos. Los efectos de heterosis para el pool 19 y la población 49 fueron positivos y significativamente diferentes de cero. Para la población 43 el efecto de heterosis fue negativo.

Los parámetros genéticos y las medias predichas para días a floración masculina de las 45 cruza poblacionales y las poblaciones derivadas de ellas se presentan en el Cuadro 9. En cuatro cruza que involucraron a la población 49, los efectos de epistasis aditivo X aditivo hicieron una contribución favorable y significativa a la expresión de los días a floración masculina. La misma población 49 estuvo involucrada en tres cruza donde los efectos de heterosis incrementaron significativamente el número de días a floración masculina.

Para altura de planta la única población que mostró valores favorables arriba del promedio para los loci homocigotos fue la población 49 (Cuadro 10). Esta población también mostró los más bajos efectos de dominancia intrapoblacional. La población 43 tuvo los valores más altos de efectos de dominancia pero los más bajos efectos de heterosis en cruza con otras poblaciones. El pool 20 y la población 49 mostraron efectos positivos y significativos de heterosis.

Los parámetros genéticos para altura de planta y las medias predichas para las F1's, las F1's autofecundadas, y las F1's recombinadas se presentan en el Cuadro 11. Las poblaciones más bajas (población 49 y pool 20) tuvieron la heterosis más grande cuando se cruzaron con las otras poblaciones. Las cruza del pool 19 X pool 20, población 22 X población 43, y población 29 X población 49, exhibieron significativos y negativos efectos específicos.

Para la estimación de los parámetros genéticos y las medias predichas para altura de mazorca de las poblaciones progenitoras y las poblaciones derivadas de ellas, se usó el modelo completo, debido a que la epistasis aditivo X aditivo fue altamente significativa en el análisis de varianza (Cuadro 3)

Los resultados para los progenitores son dados en el Cuadro 12. El pool 23 tuvo valores negativos arriba del promedio para los loci homocigotos, mientras que la población 43 tuvo valores positivos arriba del promedio para los loci homocigotos. La población 49 y el pool 19 exhibieron los valores más bajos y no significativamente diferentes de cero para los efectos de dominancia. Sin embargo, las mismas poblaciones dieron los más altos y significativos efectos de heterosis. La población 43 tuvo los valores negativos más grandes y significativos de heterosis pero también los valores positivos más grandes y significativos de efectos de dominancia intrapoblacional.

Los parámetros genéticos para altura de mazorca de las cruza y sus medias predichas así como para las F1's autofecundadas y F1's recombinadas son presentadas en el Cuadro 13. La población 49 en cruza con el pool 24 y la población 21 tuvieron efectos epistáticos aditivo X aditivo negativos y significativos, pero también efectos de heterosis específica positivos y significativos. El pool 20 X la población 22 mostró efectos significativos y negativos de heterosis específica epro sus efectos de epistasis aditivo X - aditivo fueron positivos y significativos.

Los resultados de este estudio muestran que todas las poblaciones deben tener una considerable variación genética (todas las estimaciones de d_j fueron significativas apra todas las poblaciones) y tienen una buena media en comportamiento per se, y en algunas combinaciones híbridas. Por lo tanto el valor predictivo del modelo ayudará a la selección del mejor germoplasma lo combinaciones del germoplasma para mejorameitno de poblacioens. Nosotros podemos usar la ecuación de predicción para excoger el mejor compuesto de n-progenitores para dun programa de selección recurrente, o en base a las respuestas de heterosis seleccionar los emjores dos compuestos de n-progenitores para un programa de selección recíproca recurrente.

En el Cuadro 14 se muestran los valores predichos para 5 características agronómicas de algunas cruza poblacionales triplas y dobles con los más altos valores de heterosis promedio para rendimiento de grano, cuyos progenitores podrían ser utilizadas como contrapartes en un programa de selección recíproca recurrente. Para este tipo de programa, parece ser que el pool 23 y la población 29 serían buenas contrapartes de la población 21 y población 43. Similarmente el pool 19, pool 23 y población 32 como contrapartes de la población 21, 49 y el pool 20. Para la selección de nuevos componentes para ambos compuestos. Aquellos que exhiban alta aptitud combinatoria con un compuesto deben ser integrados en el compuesto opuesto a fin de maximizar la respuesta de la cruza interpoblacional o la formación de híbridos por medio del uso de líneas endocriadas derivadas de los dos compuestos.

RESULTADOS Y DISCUSION

El análisis de varianza combinado para cinco caracterfsticas agronómicas se presenta en el Cuadro 2. En todos los casos los cuadros medios para las poblaicones y para la interacción de poblaciones por localidades fueron altamente significativos. El porcentaje de variación total entre medias poblacionales atribuida a varios parámetros genétivos, el porcentaje del total debido al modelo y el coeficiente de variación (C.V.) son dados en el Cuadro 3.

Para rendimiento de grano, la contribución de los loci homocigotos (a_j) fue

altamente significativa, participando con un 9.8% de la variación total entre medias generacionales. El factor que tuvo mayor contribución en la expresión del rendimiento fue el debido a los loci heterocigotos (dj) o efectos de dominancia intrapoblacional, su contribución a la variación total entre medias generacionales fue de 80.62% lo que sugiere que existe una gran variabilidad dentro de las poblaciones en relación a la que existe entre ellas. Los efectos de dominancia interpoblacional o heterosis (hjj') fueron altamente significativos con una contribución relativamente pequeña a la variación entre medias generacionales (5.37%). Las cruza poblacionales excedieron los valores promedio de los progenitores con valores altamente significativos de la heterosis promedio ($\bar{h}$). Los patrones heteróticos (hj) de todas las poblaciones fueron los mismos cuando estuvieron cruzadas con el resto de las poblaciones debido a que su contribución a la suma de cuadrados total entre medias generacionales como fue significativa (Cuadro 3). La heterosis específica ($s_{jj'}$) fue significativa pero solo contribuyó con un 2.59% de la variación entre medias poblacionales. A juzgar por la relativamente pequeña contribución de sus efectos y no significancia, la epistasis aditiva x aditiva ($aa_{jj'}$) y otros tipos (ad y dd) y los efectos de ligamiento fueron relativamente pequeños en la expresión del rendimiento de grano. Sin embargo, en este tipo de estudio los efectos de epistasis tienden a anularse unos a otros. Para rendimiento de grano, el modelo completo explicó un 98% de la variación total entre medias generacionales.

La correlación entre los valores observados y predichos fue 0.99, lo que sugiere que las medias fenotípicas, de las poblaciones fueron estimadas con una precisión razonable y que la epistasis aditiva x aditiva, y dominancia por dominancia y los efectos de ligamiento no fueron importantes como fuente de variación genética para rendimiento de grano en las cruza interpopulacionales.

Para porcentaje de desgrane solamente los efectos aditivos, de dominancia y heterosis promedio fueron significativos (Cuadro 3). Su contribución a la variación total entre medias generacionales fue 16.42, 55.67 y 5.15%, respectivamente. El ajuste de los datos de porcentaje de desgrane debido al modelo completo fue razonablemente bueno ($R^2=0.91$).

Cuadro 1 Poblaciones tropicales usadas en el estudio de cruza
Dialélicas 1983

Población*	Origen	Madurez+	Tipo de Endospermo#
Pool 19 (TIWF)	C.O.80	I	F
Pool 20 (TIWD)	C.O.80	I	D
Pool 23 (TLWF)	C.O.80	T	F
Pool 24 (TLWD)	C.O.80	T	D
Pop 21 (Tuxpeño-1)	PR9A-1B	T	D
Pop 22 (Mez. Trop. Bco.)	PR80-1B	T	DF
Pop 29 (Tuxpeño Caribe	PR9A-3B	T	DF
Pop 32 (Eto Blanco)	PR80A-5B	T	F
Pop 43 (La Posta)	PR80A-9B	T	D
Pop 49 (Bco. Dent-2)	PR80A-8B	I	D

* Todas las poblaciones fueron incrementadas con un mínimo de
200 cruza fratermales.

+ I = Intermedio y T = tardío

C = Cristalino y D = Dentado

Cuadro 2. Análisis de varianza combinado para cinco características agronómicas de un dialélico de 10 poblaciones evaluadas en seis ambientes.

Fuente de Variación	Grados de Libertad	Cuadrados Medios				
		Rendimiento	% de desgrane	Días a flor. masculina	Altura de planta	Altura de mazorca
Ambientes (A)	5	751,454,962.80	691.07	24808.36	73845.33	129471.10
Repeticiones/A	6	10,840,214.21	15.26	2.75	1629.17	365.25
Poblaciones (P)	154	13,676,990.00**	60.62**	23.93**	2214.49**	745.58**
aj	9	22,956,329.17**	170.31**	208.46**	5691.71**	2550.64**
dj	10	169,806,478.71**	519.12**	239.41**	20466.10**	5644.84**
h	45	2,508,937.05**	23.89	12.96	922.73	390.21**
jj						
h	1	50,704,987.96**	481.07**	0.43	7786.40**	516.49
hj	9	859,955.83	12.75	16.16	1356.51**	746.81**
sjj'	35	1,555,930.76*	13.69	12.50	705.07	294.91*
aa'jj'	45	1,073,814.89	15.81	12.62**	544.51	296.73**
Desviaciones	45	896,908.29	18.20	5.91	354.88	100.07
P x E	770	1,321,372.78**	15.76**	6.59**	380.66**	147.20**
Error	924	606,571.42	8.34	3.69	95.94	45.65

*,** Significativo al nivel de 5 y 1% de probabilidad respectivamente.

+ Estimado en cinco ambientes.

Quadro 3. PORCIENTO DE VARIACION PARA CADA PARAMETRO, DESVIACIONES, VARIACION TOTAL (R^2) ATRIBUIDA AL MODELO, Y COEFICIENTE DE VARIACION (C.V.) PARA CINCO CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN SEIS AMBIENTES.

PARAMETRO	RENDIMIENTO	PORCENTAJE DE DESGRANE	DIAS A FLORACION MASCULINA	ALTURA DE PLANTA ⁺	ALTURA DE MAZORCA
aj	9.81**	16.42**	32.99**	15.02**	19.99**
dj	80.62**	55.67**	42.10**	60.01**	49.16**
hjj'	5.37**	11.51	10.25	13.10**	15.29**
h̄	2.41*	5.15**	0.00	2.28**	0.45
hj	0.37	1.23	2.56	3.58**	5.85**
Sjj'	2.59*	5.13	7.69	7.24*	8.99*
aa jj'	2.29	7.62	9.99**	7.18	11.63**
DESVIACIONES	1.92	8.77	4.67	4.68	3.92
R^2	0.98	0.91	0.95	0.95	0.96
C.V.(%)	17.72	5.49	3.32	9.98	12.22

*,** Significate al nivel de 5 y 1% respectivamente

+ Estimado en cinco ambientes

Cuadro 4. Parámetros genéticos y medias predichas para rendimiento (kg/ha) de 10 poblaciones de maíz per se ($\hat{Y}_j$), autofecundadas ($\hat{Y}_j^s$) y media esperada ($u + a_j$) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas desarrolladas de cada población. Datos combinados de seis ambientes.

Población	Parámetro Genético+			$\hat{Y}_j$	$\hat{Y}_j^s$	$u + a_j$
	a_j	d_j	h_j			
Pool 19	-255	3840**	129	5471	3252	1632
Pool 20	-232	3963**	53	5617	3636	1655
Pool 23	78	3676**	-174	5641	3803	1965
Pool 24	473	3240**	-117	5600	3980	2360
Pob. 21	385	3156**	68	5427	3849	2272
Pob. 22	- 32	4285**	-180	6140	3997	1855
Pob. 29	-159	4018**	-100	5746	3737	1728
Pob. 32	-326*	3587**	75	5149	3355	1561
Pob. 43	- 24	4228**	22	6091	3977	1863
Pob. 49	91	3209**	267	5186	3582	1978

+ a_j = Contribución de los loci homocigotos a la pob. j; d_j = Contribución de los loci heterocigotos a la pob. j expresada como desviaciones de h; h = Heterosis promedio de todas las Fl's en el grupo = 608**; u = Media esperada de un grupo aleatorio de líneas derivadas de todas las poblaciones = 1887 kg/ha.

*,** Significativamente diferente de cero al nivel de 5 y 1% de probabilidad respectivamente.

Cuadro 5. Parámetros genéticos para rendimiento (kg/ha) del diálecico de diez poblaciones de maíz y medias predichas de heterosis, Fl's, Fl autofecundadas, y Fl^r recombinadas evaluadas en seis ambientes.

Población	Parámetros Genéticos ⁺		Heterosis [#]	Fl	Fl ^s	Fl ^r
	s _{jj} '	h _{jj} '				
Pool 19 x Pool 20	86	876	16	6420	4032	5982
Pool 19 x Pool 23	-735**	-172	-3	5384	3591	5470
Pool 19 x Pool 24	240	860	16	6396	4196	5966
Pool 19 x Pop 21	201	1006**	19	6455	4203	5952
Pool 19 x Pop 22	-241	316	5	6121	3932	5963
Pool 19 x Pop 29	247	884	16	6492	4086	6050
Pool 19 x Pop 32	23	835	16	6145	3871	5728
Pool 19 x Pop 43	80	795	14	6576	4162	6179
Pool 19 x Pop 49	100	1104**	21	6433	4119	5881
Pool 20 x Pool 23	188	675	12	6304	4057	5979
Pool 20 x Pool 24	250	794	14	6403	4205	6018
Pool 20 x Pop 21	-79	650	12	6172	4068	5859
Pool 20 x Pop 22	226	707	12	6586	4170	6244
Pool 20 x Pop 29	-15	546	10	6228	3960	5967
Pool 20 x Pop 32	87	823	15	6206	3907	5806
Pool 20 x Pop 43	-902**	-262	-5	5592	3675	5745
Pool 20 x Pop 49	161	1089**	20	6491	4154	5946
Pool 23 x Pool 24	-16	301	5	5922	4042	5946
Pool 23 x Pop 21	346	848	15	6382	4250	6133
Pool 23 x Pop 22	320	574	10	6465	4187	6352
Pool 23 x Pop 23	-230	104	2	5798	3822	5920
Pool 23 x Pop 32	-298	212	4	5606	3685	5838
Pool 23 x Pop 43	464*	877	15	6742	4328	6491
Pool 23 x Pop 49	-36	665	12	6079	4025	5746
Pool 24 x Pop 21	-434**	125	2	5638	3977	5830
Pool 24 x Pop 22	-73	238	4	6108	4108	6243
Pool 24 x Pop 29	-146	245	4	5918	3981	6129
Pool 24 x Pop 32	48	614	11	4988	3974	6098
Pool 24 x Pop 43	28	497	9	6342	4227	6360
Pool 24 x Pop 49	105	863	16	6256	4212	5824
Pop 21 x Pop 22	58	524	10	6338	4200	6346
Pop 21 x Pop 29	-130	446	8	6032	4016	6158
Pop 21 x Pop 32	-51	700	13	5988	3952	6071
Pop 21 x Pop 43	-10	644	11	6403	4235	6363
Pop 21 x Pop 49	101	1044**	20	6351	4238	5829
Pop 22 x Pop 29	-156	172	3	6115	3953	6394
Pop 22 x Pop 32	32	535	10	6179	3944	6360
Pop 22 x Pop 43	-179	228	4	6343	4101	6527
Pop 22 x Pop 49	14	709	13	6372	4144	6226
Pop 29 x Pop 32	56	640	12	6087	3866	6042
Pop 29 x Pop 43	492**	978	17	6897	4346	6532
Pop 29 x Pop 49	-118	658	12	6124	3988	6067
Pop 32 x Pop 43	-278	384	16	6511	4112	6234
Pop 32 x Pop 49	-126	825	16	5992	3881	5935
Pop 43 x Pop 49	-201	653	12	6291	4106	6169

+ s_{jj}'=Efecto de heterosis específica de la craza jxj'; y h_{jj}' efecto de heterosis = h+h_j+h_j'+s_{jj}'.

Calculado como por ciento de la media predicha parental

*,** Significativamente diferente de cero al nivel de 5 y 1% de probabilidad respectivamente.

Cuadro 6. Parámetros genéticos y medias predichas para por ciento de desgande de diez poblaciones de Maíz per se ($\bar{Y}_j$) y autofecundadas ($\bar{Y}_j^s$), y media separada ($u+a_j$) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas desarrolladas de cada poblaicón, combinado de seis ambientes.

Población	Parámetro genético ⁺		$\bar{Y}_j$	$\bar{Y}_j^s$	$u+a_j$
	a_j	d_j			
Pool 19	-2.4*	8.4**	77.5	73.3	69.2
Pool 20	0.7	7.4**	79.6	75.9	72.3
Pool 23	-1.1	6.2**	76.6	73.5	70.5
Pool 24	1.3	4.5**	77.3	77.3	72.9
Pob. 21	-0.4	5.4**	76.8	74.1	71.2
Pob. 22	0.8	5.6**	78.0	75.2	72.4
Pob. 29	-0.7	6.5**	77.4	74.2	70.9
Pob. 32	-0.8	4.7**	75.6	73.2	70.8
Pob. 43	0.2	5.9**	77.6	74.7	71.8
Pob. 49	2.4*	5.9**	79.8	76.8	74.0

+ a_j = Contribución de los loci homocigotos a la pob. j; d_j = Contribución de los loci heterocigotos a la pob. j; h_j = Heterosis promedio de todas las Fl's que involucran a la pob. j expresada como desviaciones de h; h = Heterosis promedio de todas las Fl's en el grupo = 1.9%; u = Media esperada de un grupo aleatorio de líneas derivadas de todas las poblaciones = 71.6%.

*,** Significativamente diferentes a cero al nivel de 5 y 1% de probabilidad respectivamente.

Quadro 7. Medias predichas para porciento de desgrane, de heterosis, de cruas F_1 , F_1^S autofecundadas y F_1^R recombinadas de un diálélico de diez poblaciones de maíz evaluado en seis ambientes.

Población	Heterosis #	F_1	F_1^S	F_1^R
Pool 19 x Pool 20	2.5	80.5	75.6	79.5
Pool 19 x Pool 23	2.4	78.9	74.4	78.0
Pool 19 x Pool 24	2.5	79.3	75.1	78.4
Pool 19 x Pop 21	2.4	79.0	74.6	78.1
Pool 19 x pop 22	2.4	79.6	75.2	78.7
Pool 19 x Pop 29	2.4	79.3	74.7	78.4
Pool 19 x Pop 32	2.4	78.4	74.2	77.5
Pool 19 x Pop 43	2.4	79.4	74.9	78.5
Pool 19 x Pop 49	2.4	80.5	76.0	79.6
Pool 20 x Pool 23	2.4	80.0	75.6	79.0
Pool 20 x Pool 24	2.4	80.3	76.4	79.4
Pool 20 x Pop 21	2.4	80.1	75.9	79.1
Pool 20 x Pop 22	2.4	80.7	76.5	79.7
Pool 20 x Pop 29	2.4	80.4	76.0	79.4
Pool 20 x Pop 32	2.4	79.5	75.5	78.5
Pool 20 x Pop 43	2.4	80.5	76.2	79.4
Pool 20 x Pop 49	2.4	81.6	77.3	80.7
Pool 23 x Pool 24	2.4	78.8	75.2	78.2
Pool 24 x Pop 21	2.3	78.5	74.7	77.9
Pool 23 x Pop 22	2.5	79.2	75.3	78.5
Pool 23 x Pop 29	2.5	78.9	74.8	78.2
Pool 23 x Pop 32	2.5	78.0	74.3	77.6
Pool 23 x Pop 43	2.5	79.0	75.0	78.2
Pool 23 x Pop 49	2.4	80.1	76.1	79.1
Pool 24 x Pop 21	2.4	78.9	75.5	78.6
Pool 24 x Pop 22	2.4	79.5	76.1	79.2
Pool 24 x Pop 29	2.4	79.2	75.5	79.2
Pool 24 x Pop 32	2.4	78.3	75.1	78.3
Pool 24 x Pop 43	2.4	79.3	75.8	78.9
Pool 24 x Pop 49	2.4	80.4	76.9	79.5
Pop 21 x Pop 22	2.3	79.2	75.5	78.1
Pop 21 x Pop 29	2.3	78.9	75.0	78.5
Pop 21 x Pop 32	2.4	78.0	74.6	77.6
Pop 21 x Pop 43	2.5	79.1	75.3	78.3
Pop 21 x Pop 49	2.4	80.2	76.4	79.2
Pop 22 x Pop 29	2.4	79.6	75.6	78.7
Pop 22 x Pop 32	2.3	78.6	75.1	77.8
Pop 22 x Pop 43	2.4	79.7	75.8	78.5
Pop 22 x Pop 49	2.4	80.8	76.9	79.3
Pop 29 x Pop 32	2.5	78.4	74.6	77.6
Pop 29 x Pop 43	2.5	79.4	75.3	78.3
Pop 29 x Pop 49	2.4	80.5	76.4	79.7
Pop 32 x Pop 43	2.5	78.5	74.9	77.9
Pop 32 x Pop 49	2.4	79.6	76.0	78.8
Pop 43 x Pop 49	2.4	80.6	76.7	79.5

Calculada como porciento de la media parental predicha.

Cuadro 8. Parámetros genéticos y medias predichas para días a floración masculina de diez poblaciones de maíz per se ($\bar{Y}_j$) y autofecundadas ($\hat{Y}_j$), y media predicha ($\hat{u} + a_j$) para un grupo aleatorio de líneas autofecundadas desarrolladas de cada población, combinado de seis ambientes.

Población	Parámetro Genético			$\hat{Y}_j$	$\hat{Y}_j^s$	$\hat{u} + a_j$
	a_j	d_j	h_j			
Pool 19	0.6	-8.1**	3.0**	58.9	73.0	77.0
Pool 20	-2.0*	-4.3**	1.2	70.1	72.3	74.4
Pool 23	-0.6	-3.9**	-0.8	71.9	73.8	75.8
Pool 24	-0.1	-3.4**	-0.8	72.9	74.6	76.3
Pob. 21	0.8	-2.4**	-1.0	74.8	76.0	77.2
Pob. 22	0.3	-2.4**	-0.7	74.2	75.4	76.7
Pob. 29	0.1	-2.4**	-0.8	74.0	75.2	76.5
Pob. 32	0.0	-2.3**	-0.5	74.1	75.2	76.4
Pob. 43	0.5	-1.6**	-3.2**	75.3	76.1	76.9
Pob. 40	0.5	-7.2**	3.6**	69.7	73.3	76.9

$+ a_j$ = Contribución de los loci homocigotos a la pob. j ; d_j = Contribución de los loci heterocigotos a la pob. j ; h_j = Heterosis promedio de todas las F_1 's que involucran a la pob. j expresada como desviaciones de h ; Heterosis promedio de todas las F_1 's en el grupo 0.0; u = Media esperada de un grupo aleatorio de líneas derivadas de todas las poblaciones = 76.4.

*,** Significativamente diferente de cero al nivel de 5 y 1% de probabilidad respectivamente.

cuadro 9. Parámetros genéticos y medias predichas de heterosis, cruzas F1, F1^S autofecundadas y F1 recombinadas, de un diálecico de diez poblaciones de maíz evaluados en seis ambientes.

Población	Parámetro genético +			Heterosis [#]	F1	F1 ^S	F1 ^r
	s _{jj'}	aa _{jj'}	h _{jj'}				
Pool 19 x Pool 20	-0.3	-2.0	6.9	2.6	71.3	72.6	69.4
Pool 19 x Pool 23	0.1	-1.6	5.3	1.0	71.1	73.0	70.0
Pool 19 x Pool 24	0.3	-1.0	4.9	1.3	71.8	73.7	70.9
Pool 19 x Pop 21	2.5	-2.2	7.5	3.4	74.3	74.6	72.0
Pool 19 x Pop 22	-2.1	-0.2	3.2	0.1	71.6	74.4	71.5
Pool 19 x Pop 29	0.6	-1.8	5.8	1.5	72.5	73.7	71.1
Pool 19 x Pop 32	-2.5	-0.4	3.0	-0.7	71.0	73.6	71.0
Pool 19 x Pop 43	0.7	0.4	3.5	1.1	72.9	75.1	72.7
Pool 19 x Pop 49	1.3	-5.7**	10.9**	3.0	71.4	71.3	67.5
Pool 20 x Pool 23	0.0	-0.2	3.4	0.3	71.2	73.1	70.8
Pool 20 x Pool 24	2.7	-1.9	6.1	1.5	72.6	73.1	71.0
Pool 20 x Pop 21	-1.3	0.8	1.9	-0.5	72.1	74.3	72.4
Pool 20 x Pop 22	-1.1	-0.3	2.4	-1.3	71.2	73.2	71.3
Pool 20 x Pop 29	-1.2	1.0	2.2	0.3	72.3	74.3	72.4
Pool 20 x Pop 32	0.8	-1.4	4.5	0.0	72.1	73.0	71.1
Pool 20 x Pop 43	0.3	1.4	1.3	-1.0	72.0	74.4	72.4
Pool 20 x Pop 49	0.2	-3.3**	8.0**	2.3	71.5	71.9	69.1
Pool 23 x Pop 49	-0.5	2.2	0.9	0.1	72.5	75.4	73.3
Pool 23 x Pop 21	-1.9	1.9	-0.7	-2.4	71.6	75.0	73.2
Pool 23 x Pop 22	2.9	-0.8	4.4	0.9	73.7	74.6	72.8
Pool 23 x Pop 29	-0.2	1.7	1.2	-0.2	72.8	75.3	73.5

Quadro 9. (con't)

Población	Parámetro genético ⁺			Heterosis [#]	F1	F1 ^S	F1 ^r
	s _{jj'}	aa _{jj'}	h _{jj'}				
Pool 23 x Pop 32	1.4	-2.3	3.1	-3.3	70.6	72.3	70.5
Pool 23 x Pop 43	-0.1	3.2**	-1.1	-1.2	72.7	76.1	74.2
Pool 23 x Pop 49	-1.5	-1.3	4.3	0.0	70.8	73.0	70.2
Pool 24 x Pop 21	1.6	0.1	2.8	-0.1	73.8	75.3	73.6
Pool 24 x Pop 22	-1.3	1.3	0.2	-1.8	72.2	75.0	73.3
Pool 24 x Pop 29	2.1	0.1	3.5	1.0	74.2	75.3	73.6
Pool 24 x Pop 32	0.0	1.3	1.7	0.0	73.5	75.5	73.9
Pool 24 x Pop 43	-2.8	4.1**	-3.8	-3.6	71.4	76.0	74.3
Pool 24 x Pop 49	-1.7	-0.1	4.1	1.4	72.3	74.4	71.8
Pop 21 x Pop 22	1.1	0.3	2.4	-0.3	74.3	75.7	74.0
Pop 21 x Pop 29	-0.7	1.6	0.5	-1.1	73.6	76.0	74.4
Pop 21 x Pop 32	-0.1	0.4	1.4	-1.5	73.3	75.3	73.9
Pop 21 x Pop 43	-3.7**	3.8**	4.9	-5.5	70.9	75.9	74.2
Pop 21 x Pop 49	2.4	-3.1**	8.0**	2.8	74.3	74.1	71.7
Pop 22 x Pop 29	0.7	0.6	2.2	-0.3	73.9	75.6	73.8
Pop 22 x Pop 32	-0.9	1.3	0.9	-1.1	73.3	75.5	73.8
Pop 22 x Pop 43	1.0	1.8	0.1	-1.7	73.5	76.0	74.2
Pop 22 x Pop 49	-0.2	-2.9*	5.7	-0.2	71.8	72.8	70.7
Pop 29 x Pop 32	-0.2	0.7	1.5	-1.1	73.2	75.1	73.6
Pop 29 x Pop 43	0.3	2.4	-0.7	-1.8	73.3	76.2	74.6
Pop 29 x Pop 49	-1.5	-1.0	4.3	0.5	72.2	73.9	71.9
Pop 32 x Pop 43	2.6	1.0	1.9	-0.7	74.2	75.9	74.7
Pop 32 x Pop 49	-0.8	-2.0	5.3	0.4	72.2	73.4	71.4
Pop 43 x Pop 49	1.9	-1.8	5.3	0.7	73.0	74.1	72.0

+ s_{jj'} = Efecto de heterosis específica en la craza jxj'; aa_{jj'} = Efecto de epistasis aditivo x aditivo de la craza jxj'; h_{jj'} = $\bar{h} + h_j + h_j' + s_{jj'}$ = Heterosis para la craza jxj'.

Calculada como porcentaje de la media parental predicha

*,** Significativamente diferente de cero al nivel de 5 y 1% de probabilidad respectivamente.

Cuadro 10. Parámetro genéticos y medias predichas para altura de planta (cm.) de diez poblaciones de maíz per se (Y_j) y autofecundadas (Y^s_j) y media esperada ($u+a_j$) de un grupo aleatorio de líneas auto fecundadas desarrolladas de cada población, combinado de seis ambientes.

Población	Parámetro Genético			Y_j	Y^s_j	$u+a_j$
	a_j	d_j	h_j			
Pool 19	3	20**	5	179	169	159
Pool 20	-3	21**	6*	178	165	153
Pool 23	1	33**	-3	189	173	157
Pool 24	7	25**	3	187	175	163
Pob. 21	4	38**	0	197	178	160
Pob. 22	2	43**	-2	201	179	158
Pob. 29	1	49**	-3	206	181	157
Pob. 32	3	36**	0	195	177	159
Pob. 43	1	69**	-12**	226	191	157
Pob. 49	-19**	19**	7**	156	147	137

+ a_j = Contribución de los loci homocigotos a la pob. j ; d_j = Contribución de los loci heterocigotos a la pob. j ; h_j = Heterosis promedio de todas las F_1 's que involucran a la pob. j expresada como desviaciones de h_h = Heterosis promedio de todas las F_1 's en el grupo = 8**, u = Media esperada de un grupo aleatorio de líneas derivadas de todas las poblaciones = 156** cm.

*,** Significativamente diferente de cero al nivel de 5 y 1% de probabilidad respectivamente.

Quadro 11. Parámetros genéticos para altura de planta (cm.) de un diálecico de 10 poblaciones de maíz y medias predichas de heterosis, cruas Fl, Fl^S autofecundadas y Fl^T recombinadas. Evaluadas en seis ambientes.

Población	Parámetro genético		Heterosis [†]	Fl ↓	Fl ^S ↓	Fl ^T ↓
	s _{jj'}	h _{jj'}				
Pool 19 x Pool 20	-14**	5	3	183	169	181
Pool 19 x Pool 23	- 7	3	2	187	172	185
Pool 19 x Pool 24	3	19*	10	202	181	193
Pool 19 x Pop 21	- 1	12	6	200	179	194
Pool 19 x Pop 22	3	13	7	203	181	196
Pool 19 x Pop 29	8*	18	9	210	184	201
Pool 19 x Pop 32	0	13	7	200	179	193
Pool 19 x Pop 43	9*	9	5	212	185	207
Pool 19 x Pop 49	- 1	19*	11	187	167	177
Pool 20 x Pool 23	10**	20**	12	204	179	193
Pool 20 x Pool 24	4	20**	11	202	180	192
Pool 20 x Pop 21	- 4	10	5	197	176	192
Pool 20 x Pop 22	1	12	6	201	178	195
Pool 20 x Pop 29	- 3	8	4	199	177	195
Pool 20 x Pop 32	0	14	8	200	178	193
Pool 20 x Pop 43	4	5	3	207	181	204
Pool 20 x Pop 49	2	22**	13	189	167	178
Pool 23 x Pool 24	- 2	5	3	194	177	189
Pool 23 x Pop 21	6	11	6	204	181	196
Pool 23 x Pop 22	3	5	3	200	178	195
Pool 23 x Pop 29	0	1	0	198	177	196

Quadro 11. (Con't)

Población	Parámetro genético		Heterosis	F1 ↓	F ^S 1 ↓	F ^T 1 ↓
	$s_{jj'}$	$h_{jj'}$				
Pool 23 x Pop 32	- 4	0	1	193	175	189
Pool 23 x Pop 43	- 4	-12	- 6	195	176	199
Pool 23 x Pop 49	- 2	9	5	181	164	177
Pool 24 x Pop 21	- 5	6	3	198	180	193
Pool 24 x Pop 22	0	8	4	202	181	195
Pool 24 x Pop 29	0	7	3	203	181	197
Pool 24 x Pop 32	- 1	10	5	201	181	192
Pool 24 x Pop 43	10**	-11	- 6	195	177	198
Pool 24 x Pop 49	11**	28**	16	200	175	186
Pop 21 x Pop 22	3	8	4	207	183	198
Pop 21 x Pop 29	6	10	5	211	185	202
Pop 21 x Pop 32	- 8	0	0	196	178	191
Pop 21 x Pop 43	0	- 5	- 3	206	182	205
Pop 21 x Pop 49	3	17	10	194	171	185
Pop 22 x Pop 29	0	2	1	205	181	199
Pop 22 x Pop 32	3	8	4	206	182	196
Pop 22 x Pop 43	-10**	-17	- 8	196	177	199
Pop 22 x Pop 49	- 2	10	5	188	168	184
Pop 29 x Pop 32	2	6	3	206	182	194
Pop 29 x Pop 43	- 3	-11	- 5	205	181	202
Pop 29 x Pop 49	-10**	1	1	182	165	183
Pop 32 x Pop 43	8	3	4	218	188	205
Pop 32 x Pop 49	- 4	11	6	186	167	181
Pop 43 x Pop 49	2	4	2	195	171	195

* $s_{jj'}$ = Efecto de heterosis específica de la craza $j \times j'$; y $h_{jj'}$ = Efecto de heterosis = $\bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$.

Calculada como porciento de la media parental predicha.

*,** Significativamente diferente de cero al nivel de 5 y 1% de probabilidad. respectivamente

Cuadro 12. Parámetros genéticos y medias predichas para altura de mazorca (cm.) de diez poblaciones de maíz per se (Y^s) y autofecundadas, (Y^s_j) y media esperada ($u+aj$) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas desarrolladas de cada población. Combinado de seis ambientes.

Población	Parámetro Genético			Y_j	Y^s_j	$u+aj$
	a_j	d_j	h_j			
Pool 19	6	7	14**	74	70	67
Pool 20	-6	24**	6**	79	67	55
Pool 23	-11**	36**	- 6*	85	68	50
Pool 24	6	18**	4	84	76	67
Pob. 21	-1	26**	4	86	73	60
Pob. 22	2	26**	- 7**	89	76	63
Pob. 29	-2	35**	- 8**	94	76	59
Pob. 32	2	20**	- 6**	83	73	63
Pob. 43	7**	40**	-15**	108	88	68
Pob. 49	-4	5	15**	62	59	57

+ a_j = Contribución de los loci homocigotos a la pob. j ; d_j = Contribución de los loci heterocigotos a la pob. j ; h_j = Heterosis promedio de todas las F_1 's que involucran a la pob. j expresada como desviaciones de h ; h = Heterosis promedio de todas las F_1 's en el grupo=6**; u = Media esperada de un grupo aleatorio de líneas derivadas de todas las poblaciones= 61 cm.

*,** Significativamente diferente de cero al nivel de 5 y 1% de probabilidad respectivamente.

Cuadro 13. Parámetros genéticos para altura de mazorca (cm.) de un diálecico de diez poblaciones de maíz y medias predichas de heterosis, cruza F_1 , F_1^S autofecundadas y F_1 recombinadas. Evaluadas en seis ambientes.

Población	Parámetro genético ⁺			Heterosis [#]	F_1	F_1^S	F_1^r
	$s_{jj'}$	$aa_{jj'}$	$h_{jj'}$				
Pool 19 x Pool 20	2	- 8	15	9	84	68	76
Pool 19 x Pool 23	1	- 1	2	1	81	70	80
Pool 19 x Pool 24	1	- 1	12	14	90	78	84
Pool 19 x Pop 21	3	- 3	15	15	92	76	84
Pool 19 x Pop 22	9	- 2	10	10	89	76	84
Pool 19 x Pop 29	2	4	- 2	7	90	79	89
Pool 19 x Pop 32	-20**	20**	-18	4	81	83	90
Pool 19 x Pop 43	12	0	4	4	95	81	93
Pool 19 x Pop 49	-11	- 3	12	13	77	68	71
Pool 20 x Pool 23	5	8	- 2	9	89	74	86
Pool 20 x Pool 24	- 2	5	2	7	88	77	84
Pool 20 x Pop 21	- 9	8	- 5	4	85	75	84
Pool 20 x Pop 22	-12*	18**	-19	- 1	83	79	89
Pool 20 x Pop 29	- 4	10*	-12	- 2	84	75	87
Pool 20 x Pop 32	9	4	3	9	88	76	83
Pool 20 x Pop 43	16**	- 1	0	0	93	77	86
Pool 20 x Pop 49	- 6	2	9	17	82	70	77
Pool 23 x Pool 24	- 6	10*	-14	- 5	81	75	84
Pool 23 x Pop 21	5	5	- 3	2	88	74	85
Pool 23 x Pop 22	10	12*	- 9	3	90	79	90
Pool 23 x Pop 29	9	6	-11	- 6	84	72	85
Pool 23 x Pop 32	- 1	13**	-18	- 6	79	74	82

Cuadro 13. (Con't)

Población	Parámetro genético ⁺			Heterosis [#]	F1	F1 ^S	F1 ^T
	$s_{jj'}$	$aa_{jj'}$	$h_{jj'}$				
Pool 23 x Pop 43	-14*	27*	-42	-16	82	84	95
Pool 23 x Pop 49	-9	6	-6	0	74	67	77
Pool 24 x Pop 21	14*	10*	-12	-2	83	78	86
Pool 24 x Pop 22	10	1	1	2	89	78	85
Pool 24 x Pop 29	0	11*	10	1	90	82	93
Pool 24 x Pop 32	2	8	-6	2	86	79	85
Pool 24 x Pop 43	-18**	21**	-36	-16	81	84	92
Pool 24 x Pop 49	26**	-19**	38	27	93	68	74
Pop 21 x Pop 22	2	13	-11	2	89	82	89
Pop 21 x Pop 29	-6	8	-15	4	94	80	92
Pop 21 x Pop 32	5	11*	-3	-1	83	77	83
Pop 21 x Pop 43	-1	10*	18	6	91	82	91
Pop 21 x Pop 49	15**	-11*	28	23	91	69	77
Pop 22 x Pop 29	4	12*	-16	-4	87	80	90
Pop 22 x Pop 32	7	13**	-11	1	87	81	86
Pop 22 x Pop 43	16**	23**	-44	-20	78	83	91
Pop 22 x Pop 49	-10	9	-8	3	77	73	79
Pop 29 x Pop 32	-3	19**	-23	-5	84	82	88
Pop 29 x Pop 43	-3	18**	-32	-14	87	84	93
Pop 29 x Pop 49	-11	5	-9	-6	73	68	79
Pop 32 x Pop 43	10	13**	-1	-1	94	86	95
Pop 32 x Pop 49	-3	4	0	7	77	70	75
Pop 43 x Pop 49	8	-3	1	-2	83	71	79

⁺ $s_{jj'}$ = Efecto de heterosis específica de la cruce $j \times j'$; $aa_{jj'}$ = Efecto de epistasis aditiva x aditiva de la cruce $j \times j'$; y $h_{jj'}$ = Efecto de heterosis = $\bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$.

[#] Calculada como porcentaje de la media parental predicha.

*,** Significativamente diferente de cero al nivel de probabilidad de 5 y 1% respectivamente.

Quadro 14. Medias predichas para cinco características agronómicas de cruza triples y dobles de poblaciones con el más alto porcentaje de heterosis promedio para rendimiento de grano.

Cruza	% de desgrane	Días a flor. masculina	Altura		Rend. kg/ha	Rend.heterosis ⁺ %
			Planta	Mazorca		
		No	cm			
(Pool 23 x Pob 29)(Pob 43)	79	73	171	106	6820	17
(Pool 23 x Pob 29)(Pob 21)	78	73	201	112	6207	11
(Pool 23 x Pob 29)(Pob 43 x Pob 21)	79	73	186	109	6593	14
(Pool 20 x Pob 21)(Pob 49)	82	73	210	108	6491	19
(Pool 20 x Pob 21)(Pool 19)	80	73	214	109	6438	17
(Pool 20 x Pob 21)(Pool 19 x Pob 49)	81	73	212	109	6430	19
(Pool 19 x Pool 23)(Pob 21)	78	73	213	109	6419	16
(Pool 19 x Pool 23)(Pool 20)	81	71	200	105	6362	14
(Pool 19 x Pool 23)(Pob 49)	81	72	186	95	6256	15
(Pool 19 x Pool 23)(Pool 20 x Pob 21)	80	72	207	107	6390	15
(Pool 19 x Pool 23)(Pob 21 x Pob 49)	80	72	200	102	6338	16
(Pool 19 x Pob 32)(Pool 20)	80	71	201	110	6313	17
(Pool 19 x Pob 32)(Pob 49)	81	71	188	102	6213	18
(Pool 19 x Pob 32)(Pool 20 x Pob 49)	81	71	195	106	6263	18
(Pool 20 x Pool 24)(Pool 19)	80	71	207	108	6408	15
(Pool 20 x Pool 24)(Pob 32)	79	72	194	108	6097	12
(Pool 20 x Pool 24)(Pool 19 x Pob 32)	80	72	201	108	6253	14

+ Expresado en porciento del valor predicho de la media parental.