

POTENCIAL DE LÍNEAS DE MAÍZ PARA MEJORAR HÍBRIDOS

POTENTIAL OF MAIZE INBRED LINES TO IMPROVE HYBRIDS

Narciso Vergara Ávila^{1*}, Sergio Rodríguez Herrera² y Hugo Córdova Orellana¹

¹Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). Apdo. Postal 6-641, 06600 México, D.F. Tel. y Fax 01(595) 952-1900. Correo electrónico: nvergara58@hotmail.com ²Instituto Mexicano del Maíz, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, C.P. 25315, Saltillo, Coah.

* Autor responsable

RESUMEN

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 de maíz (*Zea mays* L.). Los objetivos de este estudio fueron: 1) Identificar líneas del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo por su potencial para mejorar el rendimiento de grano, acame de raíz y pudrición de mazorca de tres híbridos, AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1; y 2) Comparar el estimador del número relativo de alelos favorables en *loci* clase G ($\mu\hat{G}$) con el estimador original insesgado (μG), la aptitud combinatoria general (ACG), la predicción de cruza triple (PTC), la cruza triple predicha (TWC), el límite mínimo superior (UBND), el mejoramiento neto (NI), la probabilidad de ganancia neta (PNGg), el estimador insesgado del potencial de una línea ($\mu a(B+G)$), y el comportamiento de una línea *per se*. Cruzas entre las 23 líneas donadoras con los progenitores de los tres híbridos élite, y las líneas *per se*, fueron evaluadas en tres localidades durante el verano de 1997. Los parámetros $\mu\hat{G}$, μG , ACG, PTC, TWC, UBND, NI, PNGg, $\mu a(B+G)$ y líneas *per se* mostraron diferencias significativas entre donadores para rendimiento de grano. La línea CML312 puede ser usada para mejorar el rendimiento de grano de los tres híbridos designados. El mejoramiento simultáneo de rendimiento, acame de raíz y pudrición de mazorca en los híbridos designados, puede ser logrado con varias líneas donadoras. Las correlaciones entre diez estimadores para rendimiento de grano fueron altas, positivas y significativas; las correlaciones más altas ($r=1.0^{**}$) fueron detectadas entre $\mu\hat{G}$ con ACG y PTC; ACG con PTC; NI con TWC, y μG con $\mu a(B+G)$.

Palabras clave: *Zea mays* L., alelos favorables, híbridos, líneas donadoras.

SUMMARY

The choice of donor inbred lines as sources of favorable alleles for the improvement of an elite hybrid is an essential part of a hybrid maize (*Zea mays* L.) program. The objectives of this study were to: 1) Identify CIMMYT lines by their potential to improve grain yield, root lodging and ear rotten of three hybrids AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 and SSE255-18-19 x M.L.S4-1; and 2) Compare the relative number of favorable alleles in *loci* class G ($\mu\hat{G}$) with the original unbiased estimator (μG), the general combining ability (GCA), the predicted three-way cross (PTC), the three-way cross prediction (TWC), the minimum upper bound (UBND), the net improvement (NI), the probability of a net gain (PNGg), the unbiased

estimator of the potential of an inbred line ($\mu a(B+G)$), and the inbred performance *per se*. Crosses among 23 donor inbreds with the parents of the three elite hybrids and the *per se* inbreds were evaluated at three locations during the 1997 summer season. Parameters $\mu\hat{G}$, μG , GCA, PTC, TWC, UBND, NI, PNGg, $\mu a(B+G)$ and inbred *per se* showed significant differences among donors for grain yield. The inbred line CML312 can be used for improving grain yield in the three target hybrids. Simultaneous improvement for grain yield, root lodging and ear rotten, in the target hybrids can be achieved with several inbred donors. Correlations among ten estimators for grain yield were high, positive and significant; the highest correlations ($r=1.0^{**}$) were detected between $\mu\hat{G}$ with GCA and PTC; GCA with PTC; NI with TWC, and μG with $\mu a(B+G)$.

Index words: *Zea mays* L., favorable alleles, hybrids, donor lines.

INTRODUCCIÓN

El desarrollo y mejoramiento de líneas de maíz (*Zea mays* L.) 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. Hallauer (1990) estimó que cuando mucho 0.10 por ciento de las líneas desarrolladas son utilizadas en la producción comercial de híbridos.

La identificación de pares de líneas con comportamiento superior en rendimiento en combinaciones híbridas generalmente es una situación común en un programa de hibridación, donde se debe tener disponible una serie de líneas. Estas líneas se pueden cruzar con uno de los padres de una cruza simple élite con el propósito de aislar nuevas líneas que puedan mejorar el comportamiento del híbrido

original (Dudley, 1984a). Bajo los supuestos de dominancia completa ($a=1$), $A=H$, $z=-\mu$, y ausencia de epistasia, Dudley (1984a, b, c) desarrolló un método para identificar líneas con alelos favorables presentes en una línea donadora y ausentes en la mejor cruza simple disponible. Adicionalmente, Dudley (1987) presentó una modificación al método original, para eliminar los supuestos de que $A=H$ y $z=-\mu$. Zanoni y Dudley (1989) compararon el procedimiento original con el modificado y encontraron mayor eficiencia con el último.

Posterior a los métodos de Dudley, otros estimadores fueron desarrollados para determinar las mejores líneas donadoras de alelos favorables, denominados: estimador del límite mínimo superior (UBND) (Gerloff y Smith, 1988), estadístico de mejoramiento neto (NI) (Bernardo, 1990), estimador de probabilidad de ganancia neta (PNGg) (Metz, 1994), y estimador insesgado de alelos favorables $\mu a(B+G)$ (Hohls *et al.*, 1995). Sin embargo, la mayoría de los programas de mejoramiento de maíz utilizan el comportamiento *per se* de las líneas, los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y la predicción del comportamiento de cruza triples (PTC y TWC), como medidas del potencial genético de una línea (Hallauer y Miranda, 1981).

Los objetivos de este trabajo fueron: 1) Identificar líneas por su potencial para mejorar el rendimiento de grano, el acame de raíz y la pudrición de mazorca de tres híbridos, AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1; y 2) Comparar el estimador del número relativo de *loci* clase G ($\mu\hat{G}$) con el estimador original insesgado (μG), la aptitud combinatoria general (ACG), la predicción de cruza triple (PTC), la cruza triple predicha (TWC), el límite mínimo superior (UBND), el mejoramiento neto (NI), la probabilidad de ganancia neta (PNGg), el estimador insesgado del potencial de una línea ($\mu a(B+G)$), y el comportamiento de una línea *per se*.

MATERIALES Y MÉTODOS

Como donadoras de alelos favorables para mejorar tres híbridos simples, AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1, de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), se escogieron 23 líneas de maíz liberadas por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) (Cuadro 1). El criterio para elegir las líneas donadoras fue con base en su comportamiento *per se*, sus patrones heteróticos y sus combinaciones híbridas (Córdova y Mickelson, 1995; Vasal *et al.*, 1995). Las 23 líneas fueron cruzadas en forma apareada con los progenitores de los tres híbridos en Tepalcingo, Morelos, durante el invierno de 1997, y se obtuvieron únicamente 36, 44 y 36 cruzas. Las cruzas y las lí-

neas fueron evaluadas en experimentos separados: en Celaya, Guanajuato (1754 msnm, 20° 31' LN, 100 49' LW), Tlaltizapán, Morelos (940 msnm, 18° 41' LN, 99° 08' LW) y Cotaxtla, Veracruz (15 msnm, 18° 50' LN, 96° 10' LW) en el verano de 1997.

Cuadro 1. Líneas evaluadas como donadoras potenciales de alelos favorables.

Líneas Tropicales	Grupo	Líneas subtropicales	Grupo	Líneas de Valles Altos	Grupo
CML247	A (A2)	CML311	A (A1)	CML240	A (A2)
CML254	A (A1)	CML312	A (A2)	CML246	B (B2)
CML258	A (A1)	CML313	A (A1)		
CML264	A (A1)	CML314	A (A2)		
CML271	A (A2)	CML315	A (A2)		
CML273	A (A2)	CML317	A		
CML275	A (A1)	CML318	B		
CML277	A (A1)	CML319	B		
CML278	A (A1)	CML320	A (A1)		
CML281	A (A1)	CML321	B		
		CML322	B		

CML = Líneas liberadas por CIMMYT; A y B = Grupo heterótico al que pertenece cada línea.

Las 116 cruzas, tres híbridos y dos testigos locales, fueron evaluados en un diseño experimental de látice simple duplicado 11x11. Las 23 líneas más los seis progenitores y un testigo, fueron evaluadas en un diseño de bloques al azar con tres repeticiones. En el experimento de cruzas, el híbrido AN450 E fue el testigo común y AN452 E, P43-Cameroon x CML78 y CML247 x CML254 fueron los testigos locales en Celaya, Gto., Tlaltizapán, Mor., y Cotaxtla, Ver., respectivamente. La línea CML351 fue el testigo en todas las localidades del experimento de líneas.

La parcela experimental de las cruzas y las líneas fue de un surco de 5 m de largo, 75 cm entre surcos y 25 cm entre plantas, para obtener una densidad de 53 000 plantas/ha. La preparación del terreno fue la acostumbrada en cada localidad. La siembra y la cosecha de los experimentos se hizo en forma manual. La fertilización fue 180N-90P-00K (Celaya, Gto.), 75N-50P-00K (Tlaltizapán, Mor.) y 184N-46P-00K (Cotaxtla, Ver.); la mitad del nitrógeno se aplicó al momento de la siembra y en el segundo cultivo se aplicó todo el fósforo y el resto del nitrógeno. Se aplicó riego para establecer los experimentos y después se condujeron en condiciones de temporal (secano). El manejo agronómico se hizo de manera que el cultivo estuviera libre de plagas y maleza.

Se registró el acame de raíz (en porcentaje de plantas por parcela con inclinación igual o mayor de 30° de la vertical) y la pudrición de mazorca (en porcentaje de mazorcas podridas por parcela). Al momento de la cosecha se registró el peso fresco de la mazorca, en kg; después, en una muestra de 100 g de semilla de 10 mazorcas, se midió la humedad. El rendimiento de grano, en t ha⁻¹, fue

calculado por parcela, al suponer 80 % de desgrane y ajustado a 15 % de humedad.

Se realizó un análisis de varianza por localidad y combinado para rendimiento de grano, acame de raíz y pudrición de mazorca con el procedimiento MIXED de SAS (SAS, 1989), en donde ambientes y repeticiones fueron considerados como efectos aleatorios y las cruzas como fijos. El análisis de las cruzas se hizo con el paquete estadístico Alfa - Látxe (Barreto *et al.*, 1993). Los efectos genotípicos fueron probados para significancia mediante el cuadrado medio de la interacción genotipo x ambiente como término del error. Las medias de todas las variables agronómicas fueron comparadas por medio de la prueba de la diferencia mínima significativa (DMS) (Martínez, 1988).

Con las medias ajustadas de rendimiento de grano, acame de raíz y pudrición de mazorca de las cruzas y de las líneas a través de ambientes, se calcularon los seis parámetros de Dudley, cuando AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1 fueron designadas como las cruzas a ser mejoradas por 12, 20 y 15 líneas, respectivamente. Se obtuvieron las estimaciones del número relativo de alelos favorables con el método original (μG) y modificado ($\mu \hat{G}$) descritos por Dudley (1984a, 1987).

Estimadores tradicionales como el comportamiento *per se* de las líneas; la aptitud combinatoria general (ACG) obtenida como la desviación del promedio de una línea a través de sus cruzas (Falconer, 1989); la predicción de crua triple (PTC) estimada como $[(P_1 \times P_w) + (P_2 \times P_w)] / 2$ (Sprague y Eberhart, 1977), donde P_1 y P_2 son los progenitores de la crua simple designada a mejorar, y P_w es la línea donadora; las cruza triples predichas (TWC) obtenidas por $(P_1 \times P_w) \times P_2$ y $(P_2 \times P_w) \times P_1$ (Jenkins y Brunson, 1934), también fueron calculadas.

Posteriormente se obtuvieron otros estimadores, tales como: el estimador límite mínimo superior (UBND) estimado como el mínimo de $(P_1 \times P_w) - P_1$ y $(P_2 \times P_w) - P_2$ (Gerloff y Smith, 1988); el estimador de mejoramiento neto (NI) obtenido como el máximo de $[(P_1 \times P_w - P_1 \times P_2)] / 2$ y $[(P_2 \times P_w - P_1 \times P_2)] / 2$, (Bernardo, 1990); la probabilidad de ganancia neta (PNGg), estimada como $(P_1 \times P_w) + (P_2 \times P_w) - (P_1 \times P_2) - P_1 / 2 [(P_1 \times P_w) - P_1]$ y $(P_1 \times P_w) + (P_2 \times P_w) - (P_1 \times P_2) - P_2 / 2 [(P_2 \times P_w) - P_2]$, (Metz, 1994); el estimador insesgado $\mu a(B+G)$, obtenido con base en un modelo de aptitud combinatoria $(S_{1w} + S_{2w} - S_{12}) / 2$ (Hohls *et al.*, 1995), donde S_{1w} , S_{2w} son las cruza entre líneas donadoras y progenitores, y S_{12} es la crua simple a mejorar. Los diferentes estimadores fueron comparados

por medio del coeficiente de correlación simple (Steel y Torrie, 1985).

Se calcularon similitudes entre líneas (P_w) y progenitores (P_1 y P_2) por medio de $(C+F) - (D+E)$ (Dudley, 1984a), donde C y F estiman el número relativo total de *loci* con alelos similares en P_1 y P_w , y las similitudes positivas indican parecido de ambos; D y E estiman *loci* con alelos comunes en P_2 y P_w , cuyos valores negativos indican semejanza entre ellos. Las diferencias de $\mu G - \mu D$ y $\mu G - \mu F$ (Dudley, 1984b), fueron obtenidas para determinar si se debe autofecundar directamente la F_1 (donador x progenitor) o bien, retrocruzar la F_1 hacia el donador o los progenitores antes de autofecundar. Los valores positivos sugieren retrocruzar hacia P_w , y los valores negativos y significativos indican retrocruzar hacia P_1 o P_2 . Si los valores no son significativamente diferentes de cero, se recomienda la autofecundación directa en la F_1 . Las estimaciones del parentesco relativo entre las líneas donadoras y los progenitores de los híbridos designados a mejorar, así como las decisiones de cuándo autofecundar o retrocruzar, fueron realizadas sólo para rendimiento de grano, ya que es la variable para la cual el patrón heterótico es más importante.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Rendimiento de grano

En el análisis de varianza combinado se encontraron diferencias altamente significativas para las fuentes de variación: localidades, genotipos y la interacción genotipo x localidades, para todas las variables medidas (datos no mostrados). La alta significancia en localidades se atribuye a las diferencias en las condiciones climáticas mientras que la interacción genotipo x localidades indica que los genotipos mostraron una respuesta diferente en algunas localidades.

El comportamiento promedio de rendimiento tuvo un rango de 5 a 12 t ha⁻¹ para las cruza, y de 1.8 a 7.0 t ha⁻¹ para las líneas *per se* (Cuadro 2). El promedio de las cruza de las líneas con los progenitores AN2, SSE232-33-30 y M.L.S4-1, mostraron mayor rendimiento en comparación con AN1 y SSE255-18-19. La mayoría de las cruza superaron el rendimiento de AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19; sin embargo, ninguna superó a SSE255-18-19 x M.L.S4-1.

La mayoría de las líneas en este estudio produjeron estimaciones positivas y significativas de $\mu \hat{G}$ (Cuadro 3). Zanoni y Dudley (1989), en un estudio con 14 líneas provenientes de tres tipos de germoplasma para mejorar el híbrido

B73 x Mo17, también encontraron que la mayoría de las líneas tuvieron valores positivos de $\mu\hat{G}$. Por su parte, Misevic (1989a), al evaluar 15 líneas por su potencial para mejorar híbridos élite reportó que hubo diferencias significativas entre líneas en siete casos de híbridos a mejorar.

Cuadro 2. Medias de rendimiento de grano ($t\ ha^{-1}$) de líneas x progenitores, líneas per se, y el híbrido designado a mejorar, en promedio de tres localidades.

Líneas	Per-se	AN1	AN2	SSE232	SSE255	SSE255	M.L.S4-1
CML247	3.9	7.6	8.9	9.8	7.0		
CML254	4.7	8.2	10.1	11.0	8.7		
CML258	3.3	9.1	9.7	10.2	12.0		
CML264	3.5			11.9	11.1	11.2	10.3
CML271	4.7			8.6	9.2		
CML273	6.7	9.1	8.9	11.3	10.7		
CML275	3.5	5.6	8.0	9.0	8.6	8.9	8.1
CML277	4.1			10.9	9.2	9.8	10.6
CML278	3.9			10.1	8.0		
CML281	4.5			11.3	9.4	10.7	11.9
CML311	4.5	9.4	9.0				
CML312	4.8	9.8	8.1	10.7	10.2	11.0	10.9
CML313	4.7	8.3	10.2	10.8	9.5	9.6	9.2
CML314	3.7			10.7	8.8	8.7	9.7
CML315	3.1	5.6	9.7			8.7	10.4
CML318	2.1			8.3	9.2	10.1	9.6
CML319	7.0			10.5	11.0	9.5	11.6
CML320	5.0	6.7	8.6	8.5	8.2	9.1	10.4
CML321	4.8			8.7	10.4	9.9	11.4
CML322	3.3	7.0	7.0	8.8	9.1	9.1	10.8
CML240	1.8	5.0	6.6	6.1	5.4	5.4	6.2
CML246	2.2			7.2	8.2	7.6	7.4
Promedio		7.6	8.7	9.7	9.2	9.3	9.8
Progenitores		3.5	3.3	5.5	5.1	4.6	1.9
Híbrido			7.7		8.1		12.4
DMS (0.05)	1.1†		1.5††				
EE	0.24‡		2.1‡‡				

†, †† DMS (0.05), en $t\ ha^{-1}$, para comparar líneas e híbridos, respectivamente; ‡, ‡‡ Error estándar de líneas e híbridos, respectivamente. AN1, AN2, SSE232, SSE255 y M.L.S4-1 = Progenitores de los híbridos a mejorar.

CML240 y CML246 fueron las únicas líneas que expresaron bajo rendimiento de grano *per se* y valores bajos y negativos de $\mu\hat{G}$ (Cuadro 3). Lo anterior puede deberse a que provienen de germoplasma de valles altos y no tuvieron buena adaptación en las localidades tropicales donde se evaluaron; además, fueron 10 d más precoces a floración que el resto de las líneas y, por lo general, la precocidad correlaciona con menor rendimiento. En adición, CML240 fue desarrollada con un fondo genético de resistencia específica a la roya común (*Puccinia sorghi*) y al tizón foliar (*Helminthosporium turcicum*), más que como línea con aptitud combinatoria superior. Estos resultados coinciden con los reportados por Srinivasan *et al.* (1997), quienes señalaron baja aptitud combinatoria en estas líneas. Misevic (1989b) encontró que 21 de 24 líneas representativas de los principales grupos heteróticos de Estados Unidos y Yugos-

lavia, tuvieron valores positivos de $\mu\hat{G}$, y que los valores negativos fueron detectados en líneas con bajo rendimiento *per se*, debido a su pobre adaptación a los ambientes evaluados.

Los valores más altos de $\mu\hat{G}$ fueron detectados en las líneas tropicales CML258, CML264 y CML273, y en las subtropicales CML311, CML312 y CML313 (Cuadro 3). El valor genético de estas líneas ha sido reportado por varios investigadores. Betrán *et al.* (1997), en un estudio con tres niveles de sequía y bajo contenido de nitrógeno en el suelo, encontraron que CML258 tuvo alta aptitud combinatoria general y que CML254 fue la mejor línea en suelos con bajo nitrógeno. Por su parte, González *et al.* (1997), con base en cruza dialélicas reportaron que CML311 y CML313 mostraron la mejor aptitud combinatoria general. Vergara *et al.* (1997), en un estudio con 12 líneas de mazorca larga y 12 con mazorca gruesa, señalaron que CML264 y CML273 tuvieron alta aptitud combinatoria general en el grupo de mazorca larga, mientras que CML254 fue la mejor en el grupo de mazorca corta.

La elección del progenitor a ser mejorado es una decisión muy importante que va a depender de los patrones heteróticos. Así, para mantener la diversidad entre los progenitores del híbrido a mejorar, éstos deberán ser cruzados con las líneas donadoras más emparentadas con ellos. Con base en lo anterior, Dudley (1984a) sugirió que si $(\mu C + \mu F) > (\mu D + \mu E)$, la línea donadora (P_w) podría ser cruzada con el progenitor P_1 ; de lo contrario P_w debería ser cruzada con P_2 .

Al considerar la magnitud de $(\mu C + \mu F) - (\mu D + \mu E)$, se encontró que nueve líneas estuvieron mas emparentadas con el progenitor AN1 y tres con AN2, según los valores positivos y negativos de este estimador, respectivamente. En cambio, para SSE232-33-30, siete líneas mostraron semejanza con este progenitor y trece con SSE255-18-19. Estos resultados concuerdan con la información del pedigrí de las líneas donadoras y de los progenitores de los híbridos designados a mejorar. Sin embargo, para el caso del híbrido SSE255-18-19 x M.L.S4-1, todas las líneas estuvieron más emparentadas con el progenitor SSE255-18-19, y ninguna con M.L.S4-1 (Cuadro 3).

Esto último no concuerda con la información de pedigrí de los materiales usados, tal vez porque la línea M.L.S4-1 podría pertenecer a un tercer grupo heterótico diferente al de las líneas del CIMMYT usadas como donadoras en este estudio, además de que esta línea fue desarrollada y mejorada con especial énfasis en el tamaño de mazorca larga.

Cuadro 3. Estimación de el número relativo de alelos favorables y el parentesco relativo entre líneas y progenitores para rendimiento de grano.

Líneas	AN1 x AN2 [§]				SSE232 x SSE255 [§]				SSE255 x M.L.S4-1 [§]			
	$\mu\hat{G}$	$\mu G - \mu D$	$\mu G - \mu F$	$(\mu C + \mu F) - (\mu D + \mu E)$	$\mu\hat{G}$	$\mu G - \mu D$	$\mu G - \mu F$	$(\mu C + \mu F) - (\mu D + \mu E)$	$\mu\hat{G}$	$\mu G - \mu D$	$\mu G - \mu F$	$(\mu C + \mu F) - (\mu D + \mu E)$
CML247	1.3	0.6	-0.1	1.4	0.9	-0.5	0.9	-2.6				
CML254	1.8	1.2	0.2	2.0	1.6	0.3	1.5	-2.1				
CML258	1.9	1.0	0.7	0.8	2.2	1.9	1.1	1.9				
CML264					2.5	1.5	1.9	-0.6	1.8	-1.1	-0.6	0.4
CML271					1.1	0.6	0.3	0.8				
CML273	1.7	0.6	0.7	0.0	2.2	1.3	1.6	-0.5				
CML275	0.6	0.1	-1.1	2.5	1.1	0.3	0.5	-0.2	1.0	-1.8	-1.5	0.6
CML277					1.7	0.6	1.4	-1.5	0.8	-0.9	-1.3	2.2
CML278					1.2	0.0	1.0	-1.9				
CML281					1.9	0.6	1.6	-1.7	1.4	-0.2	-0.9	2.6
CML311	1.8	0.6	0.8	-0.3								
CML312	1.7	0.2	1.0	-1.6	1.9	1.1	1.3	-0.3	1.9	-0.7	-0.7	1.3
CML313	1.8	1.2	0.3	2.1	1.8	0.7	1.3	-1.0	1.1	-1.6	-1.4	0.9
CML314					1.6	0.4	1.3	-1.7	0.4	-1.3	-1.8	2.4
CML315	1.0	1.0	-1.1	4.2					0.5	-1.0	-1.9	3.1
CML318					1.0	0.6	0.1	1.2	1.4	-1.4	-1.1	0.8
CML319					2.0	1.5	1.2	0.7	1.0	-0.4	-1.4	3.4
CML320	1.0	0.4	-0.5	2.0	0.9	0.1	0.2	0.0	0.6	-1.0	-1.6	2.6
CML321					1.4	1.1	0.3	1.9	1.1	-0.5	-1.2	2.9
CML322	0.7	-0.4	-0.4	0.1	1.1	0.5	0.4	0.5	0.7	-0.8	-1.6	3.0
CML240	0.1	-0.6	-1.4	1.7	-0.4	-1.3	-1.0	-0.4	-1.3	-3.1	-3.5	2.2
CML246					0.5	0.1	-0.4	1.2	0.2	-2.5	-2.4	1.2
EE	0.9				0.9				0.9			

EE = Error estándar; $\mu\hat{G}$ = Estimador del número relativo de alelos favorables; $\mu G - \mu D$ = Relación de la línea donadora con el progenitor P₁; $\mu G - \mu F$ = Relación de la línea donadora con el progenitor P₂; $(\mu C + \mu F) - (\mu D + \mu E)$ = Parentesco relativo entre la línea donadora con los progenitores a mejorar. [§] Híbridos a mejorar.

Zanoni y Dudley (1989) y Misevic (1989a, b), en sus estudios con diferentes tipos de germoplasma, confirmaron el argumento de que la información de pedigrí está de acuerdo con la estimación de parentesco propuesto por Dudley (1984b). La estimación del parentesco relativo entre las líneas donadoras y los progenitores de los híbridos a mejorar, no necesariamente indican consanguinidad entre estas líneas, sino que es una medida de la proporción de *loci* con alelos idénticos entre la línea donadora y los progenitores.

De acuerdo con los valores de $\mu G - \mu D$ y $\mu G - \mu F$ (Cuadro 3), las líneas CML254, CML258 y CML313 pueden utilizarse para mejorar al progenitor AN1; y CML273, CML311 y CML312 para mejorar al AN2. Por su parte, las líneas CML258, CML319 y CML321, son deseables para mejorar SSE232-33-30; para SSE255-18-19 podrían usarse las líneas CML264, CML273, CML281, CML312 y CML318. En estos casos se recomienda realizar una sola retrocruza hacia las líneas donadoras y después iniciar una serie de autofecundaciones hasta mejorar dichos progenitores. Si se desea mejorar el progenitor M.L.S4-1, la línea CML312 (aunque estuvo relacionada con SSE255-18-19), es la única que puede usarse por tanto, se debería autofecundar directamente la F₁ (CML312 x M.L.S4-1) y después seguir autofecundando hasta mejorar el progenitor. Córdoba y Mickelson (1995) reportaron que CML312 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1 tuvieron buena aptitud combinatoria general, y que la cruza (SSE255-18-19 x M.L.S4-

1) x CML312 mostró el valor más alto de aptitud combinatoria específica.

Acame de raíz

Generalmente los alelos para mayor acame de raíz y pudrición de mazorca son dominantes (Hallauer y Miranda, 1981); por tanto, alelos favorables para menor acame y pudrición son recesivos. En este caso el interés es adicionar alelos recesivos que puedan expresarse en el híbrido a mejorar. Al respecto, Dudley (1984a) indicó que la diferencia de $\mu D - \mu G$ es una medida del valor de líneas P_w para mejorar el progenitor P₁, y $\mu F - \mu G$ cuando el progenitor P₂ va a ser mejorado. Entonces, los valores altos y positivos en *loci* clases μD y μF , son importantes para mejorar a P₁ y P₂, respectivamente.

Las cruzas AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1, tuvieron valores para acame de raíz de 20.8, 8.4 y 12.6 %, respectivamente (Cuadro 4). Varias de las cruzas entre las líneas de CIMMYT con los progenitores mostraron menor acame de raíz en comparación con los híbridos a mejorar.

Cuadro 4. Medias de acame de raíz (%) de líneas x progenitores, líneas per se, y el híbrido designado a mejorar, en promedio de tres localidades.

Líneas	Per-se	AN1	AN2	SSE232	SSE255	SSE255	M.L.S4-1
CML247	13.9	7.6	8.1	21.3	14.3		
CML254	5.3	5.3	5.3	1.7	3.4		
CML258	14.5	16.2	3.3	5.4	23.9		
CML264	3.0			5.5	3.9	0.7	5.9
CML271	8.1			14.5	23.1		
CML273	6.0	4.6	3.9	4.4	12.2		
CML275	51.4	39.0	15.3	26.0	35.5	27.2	23.4
CML277	20.3			23.7	26.1	23.3	18.7
CML278	19.0			22.2	37.2		
CML281	0.0			3.2	10.6	5.8	9.3
CML311	23.8	11.2	15.9				
CML312	2.7	4.9	2.6	3.3	8.6	10.2	5.9
CML313	31.0	10.5	17.2	15.7	34.5	39.5	11.6
CML314	14.7			9.3	7.3	13.4	1.6
CML315	2.1	7.8	26.7			3.6	7.1
CML318	2.3			22.0	22.1	4.0	34.0
CML319	10.8			15.3	9.8	11.6	5.6
CML320	20.9	6.7	3.3	17.7	12.3	18.5	2.5
CML321	8.5			19.4	3.1	11.0	15.5
CML322	6.7	2.0	10.6	9.6	9.1	5.8	14.1
CML240	6.4	10.1	5.9	6.6	9.3	9.3	21.7
CML246	16.2			17.1	19.8	14.8	17.9
Promedio		10.5	9.8	13.2	16.3	13.2	13.1
Progenitores		15.2	7.2	7.8	8.0	11.2	6.1
Híbrido			20.8		8.4		12.6

DMS (0.05) 9.9† 15.0††
5.5‡ 9.2‡‡

EE

†, †† DMS (0.05) en %; para comparar líneas e híbridos, respectivamente; ‡, ‡‡ Error estándar de líneas e híbridos, respectivamente. AN1, AN2, SSE232, SSE255 y M.L.S4-1 = Progenitores de los híbridos a mejorar.

Cuadro 5. Estimación de el número relativo de alelos favorables para acame de raíz.

Líneas	AN1 x AN2 ^s			SSE232 x SSE255 ^s			SSE255 x M.L.S4-1 ^s		
	μĜ	μD-μG	μF-μG	μĜ	μD-μG	μF-μG	μĜ	μD-μG	μF-μG
CML247	-5.1	6.4	6.6	4.9	-3.0	-6.5			
CML254	-6.3	7.7	7.7	-0.2	0.3	1.2			
CML258	-2.1	8.8	2.3	7.9	-7.8	1.5			
CML264				-1.7	2.2	1.5	-1.7	3.4	6.0
CML271				7.5	-7.4	-3.1			
CML273	-4.9	8.5	8.1	2.0	-1.9	2.0			
CML275	4.6	2.8	-9.1	13.7	-13.6	-8.8	8.0	-5.4	-7.3
CML277				9.0	-8.9	-7.7	5.8	-3.1	-5.4
CML278				14.5	-14.4	-6.9			
CML281				1.2	-1.1	2.6	0.0	1.6	3.4
CML311	-2.2	2.4	4.8						
CML312	-5.1	9.1	8.0	0.2	-0.1	2.6	-0.7	3.4	1.2
CML313	1.6	1.8	5.2	13.2	-13.1	-3.7	6.8	0.5	-13.5
CML314				0.1	0.5	-0.5	-2.2	5.5	-0.4
CML315	6.4	-3.0	6.5				-1.1	2.8	4.5
CML318				7.0	-6.9	-6.8	12.3	-10.7	4.3
CML319				2.2	-0.7	-3.5	-0.4	3.5	0.5
CML320	-4.5	8.8	7.1	3.5	-2.0	-4.7	-0.7	5.1	-3.0
CML321				1.6	2.7	-5.5	3.1	-1.5	0.8
CML322	-1.7	5.1	9.4	0.6	-0.4	-0.6	2.4	-0.8	3.4
CML240	-3.0	7.5	5.4	0.6	-0.5	0.9	6.2	-4.6	1.7
CML246				5.8	-5.7	-4.4	4.3	-2.7	-1.1
EE	4.2			5.3			5.3		

EE = Error estándar; μĜ = Estimador del número relativo de alelos favorables; μD-μG = Relación de la línea donadora con el progenitor P1; μF-μG = Relación de la línea donadora con el progenitor P2. ^s Híbridos a mejorar.

Solamente 10, 2 y 5 líneas mostraron valores positivos en loci clases μD y μF para acame de raíz en AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1, respectivamente. Las líneas con mayores valores de μD y μF podrán ser donadoras de alelos favorables. Las líneas CML247, CML254 y CML258 podrían mejorar a AN1, y CML273 y CML312 servirían para mejorar AN2 (Cuadro 5). Las líneas CML254, CML264, CML273 y CML312 podrían mejorar al progenitor SSE255-18-19.

Pudrición de mazorca

Los híbridos AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1 y sus progenitores, mostraron mayor susceptibilidad a la pudrición de la mazorca que las líneas donadoras y sus cruza. El promedio de las cruza con AN1 presentaron mejor resistencia a la pudrición de mazorca que las cruza con AN2. Las cruza con SSE255-18-19 tuvieron mejor resistencia a la pudrición de mazorca que las cruza con SSE232-33-30 y M.L.S4-1, respectivamente (Cuadro 6).

Cuadro 6. Medias de pudrición de mazorca (%) de líneas x progenitores, líneas per se, y el híbrido designado a mejorar, en promedio de tres localidades.

Líneas	Per-se	AN1	AN2	SSE232	SSE255	SSE255	M.L.S4-1
CML247	5.6	6.5	3.4	4.8	4.5		
CML254	3.5	1.9	4.8	4.9	3.1		
CML258	5.2	2.7	2.9	5.6	4.5		
CML264	2.6			4.8	2.4	5.0	12.4
CML271	4.1			6.7	8.3		
CML273	4.3	4.9	14.4	6.9	5.8		
CML275	1.7	1.1	6.2	3.9	4.1	4.6	9.5
CML277	5.1			3.2	3.9	3.3	3.7
CML278	3.4			3.3	11.2		
CML281	3.2			7.7	6.1	5.9	10.3
CML311	7.6	0.8	5.0				
CML312	11.9	2.4	2.7	8.2	5.2	5.0	14.9
CML313	16.3	7.2	4.8	8.7	5.3	10.1	24.2
CML314	5.6			5.8	3.7	3.8	7.1
CML315	9.7	4.5	8.8			11.7	8.2
CML318	38.7			23.7	13.3	10.9	15.4
CML319	15.8			8.6	17.6	20.9	12.3
CML320	7.5	5.2	8.6	9.0	7.1	11.6	7.1
CML321	5.9			7.9	5.8	4.1	5.6
CML322	11.4	5.4	8.3	8.0	11.4	7.6	9.2
CML240	10.7	16.3	10.9	16.9	14.2	14.2	24.8
CML246	31.1			15.5	14.9	14.1	26.0
Promedio		4.9	6.7	8.2	7.6	8.8	12.8
Progenitores		24.9	23.1	32.5	46.2	40.8	61.3
Híbrido			9.4		55.6		41.4

DMS (0.05) 10.6 6.1†
† 5.4‡

EE 4.3‡ 5.4‡‡

†, †† DMS (0.05) en %; para comparar líneas e híbridos, respectivamente; ‡, ‡‡ Error estándar de líneas e híbridos, respectivamente. AN1, AN2, SSE232, SSE255 y M.L.S4-1 = Progenitores de los híbridos a mejorar.

La mayoría de las líneas evaluadas, tuvieron valores positivos de μD y μF , lo que indica que poseen alelos favorables para reducir la pudrición de mazorca (Cuadro 7). Las líneas CML247, CML254 y CML258 tuvieron valores altos de μD o μF y podrían usarse para mejorar a AN1, mientras que las líneas CML311 y CML312 pueden mejorar a AN2. Para mejorar SSE232-33-30, la línea CML258 podría ser útil porque tuvo altos valores de μD y μF . Por su parte, CML264, CML281 y CML312 mostraron altos valores de μD y μF , por lo que pueden ser usadas para mejorar SSE255-18-19.

Comparación de estimadores

Con base en la comparación entre los diferentes estimadores, el estimador modificado de Dudley ($\mu\hat{G}$), la aptitud combinatoria general (ACG) y la predicción de la cruza triple (PTC), clasificaron de forma similar a las mejores líneas donadoras en cada uno de los tres híbridos a mejorar (Cuadro 8). La mayoría de los 10 estimadores en este estudio clasificaron a la misma línea dentro de los cuatro primeros o últimos lugares en cada uno de los híbridos designados. Las líneas CML258, CML264, CML281 y CML312, mostraron un alto potencial genético debido a que fueron clasificadas dentro de los primeros lugares por $\mu\hat{G}$, μG , ACG, PTC, TWC, UBND, NI, PNGg y μa (B+G).

Cuadro 7. Estimación de el número relativo de alelos favorables para pudrición de mazorca.

Líneas	AN1 x AN2 [§]			SSE232 x SSE255 [§]			SSE255 x M.L.S4-1 [§]		
	$\mu\hat{G}$	$\mu D-\mu G$	$\mu F-\mu G$	$\mu\hat{G}$	$\mu D-\mu G$	$\mu F-\mu G$	$\mu\hat{G}$	$\mu D-\mu G$	$\mu F-\mu G$
CML247	-6.1	3.0	1.5	-23.1	25.5	25.4			
CML254	-6.9	2.3	10.1	-23.5	26.2	25.3			
CML258	-7.2	3.3	3.4	-22.9	25.6	25.0			
CML264				-23.7	26.6	25.4	-16.2	14.5	18.2
CML271				-21.3	23.6	24.5			
CML273	-3.8	-2.5	2.3	-22.3	24.9	24.3			
CML275	-6.8	1.6	4.2	-23.4	25.7	25.8	-17.0	16.0	18.4
CML277				-23.5	25.8	26.2	-18.8	18.9	19.1
CML278				-19.9	22.2	26.1			
CML281				-22.0	24.8	23.9	-16.5	15.6	17.8
CML311	-7.1	2.2	4.3						
CML312	-7.3	3.4	3.5	-22.1	25.2	23.7	-15.6	13.3	18.2
CML313	-5.6	2.3	1.1	-22.0	25.1	23.5	-12.0	8.6	15.7
CML314				-23.1	26.0	24.9	-17.8	17.2	18.8
CML315	-5.3	0.3	2.5				-15.6	16.6	14.9
CML318				-12.8	21.2	15.9	-14.0	13.0	15.3
CML319				-16.7	19.0	23.5	-12.3	14.6	10.3
CML320	-5.1	0.4	2.1	-21.4	24.2	23.3	-15.9	17.2	14.9
CML321				-22.0	24.9	23.8	-18.3	18.0	18.8
CML322	-5.2	0.6	2.0	-19.8	22.1	23.8	-16.4	16.1	16.9
CML240	-1.8	-0.8	-3.5	-17.7	20.7	19.3	-10.8	8.3	13.6
CML246				-17.9	20.4	20.0	-10.5	7.7	13.7
EE	2.6			2.6			2.6		

EE = Error estándar; $\mu\hat{G}$ = Estimador del número relativo de alelos favorables; $\mu D-\mu G$ = Relación de la línea donadora con el progenitor P₁; $\mu F-\mu G$ = Relación de la línea donadora con el progenitor P₂. [§] Híbridos a mejorar.

Cuadro 8. Clasificación de mejores y peores líneas y su rango, para rendimiento de grano en los híbridos AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1), respectivamente.

Líneas	Híbrido [§]	$\mu\hat{G}$	μG	ACG	PTC	TWC	UBND	NI	PNGg	$\mu a(B+G)$	Per se
CML254	(1)	4	4	4	4	2	6	8	3	4	5
CML258	(1)	1	1	1	1	4	3	2	5	1	10
CML258	(2)	3	2	2	2	1	5	1	2	2	17
CML264	(2)	1	1	1	1	2	1	2	9	1	15
CML264	(3)	2	2	3	3	4	1	4	2	2	10
CML281	(3)	3	1	1	1	1	3	1	1	1	6
CML311	(1)	2	2	3	3	6	1	3	6	2	6
CML312	(3)	1	4	2	2	5	2	5	3	4	3
CML313	(1)	3	3	2	2	1	5	7	2	3	4
CML320	(1)	8	10	8	8	9	10	6	8	10	2
CML320	(2)	18	19	18	18	18	15	17	18	19	3
CML320	(3)	11	10	9	9	8	9	8	11	10	2
CML240	(1)	12	12	12	12	12	9	12	12	12	12
CML240	(2)	20	20	20	20	20	20	20	20	20	20
CML240	(3)	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15
CML246	(2)	19	16	19	19	19	19	16	19	16	18
CML246	(3)	14	14	14	14	14	14	14	14	14	13

[§] Híbridos (1) AN1 x AN2, (2) SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y (3) SSE255-18-19 x M.L.S4-1), respectivamente. $\mu\hat{G}$ = Estimador del número relativo de alelos favorables en loci clase G; μG = Estimador original inesgado; ACG = Aptitud combinatoria general; PTC = Predicción de cruza triple; TWC = Cruza triple predicha; UBND = Límite mínimo superior; NI = Mejoramiento neto; PNGg = Probabilidad de ganancia neta; ($\mu a(B+G)$) = Estimador inesgado del potencial de una línea; per se = Comportamiento individual de una línea.

Cuadro 9. Coeficientes de correlación entre los parámetros estudiados para rendimiento de grano en los híbridos AN1 x AN2 y SSE232-33-30 x SSE255-18-19 (arriba de la diagonal) y SSE255-18-19 x M.L.S4-1 (abajo de la diagonal), respectivamente.

Estimador	$\mu\hat{G}$	μG	ACG	PTC	TWC	UBND	NI	PNGg	$\mu a(B+G)$	per se
$\mu\hat{G}$		0.85**	1.00**	1.00**	0.88**	0.81**	0.60*	0.65*	0.85**	0.66*
μG			0.86**	0.86**	0.80**	0.68*	0.51	0.58*	1.00**	0.16
ACG				1.00**	0.88**	0.80**	0.60*	0.66*	0.85**	0.65*
PTC					0.88**	0.80**	0.60*	0.66*	0.85**	0.65*
TWC						0.47	0.73**	0.88**	0.80**	0.50
UBND							0.19	0.09	0.68*	0.53
NI								0.84**	0.51	0.40
PNGg									0.58*	0.41
$\mu a(B+G)$										0.16
per-se										

Estimador	$\mu\hat{G}$	μG	ACG	PTC	TWC	UBND	NI	PNGg	$\mu a(B+G)$	per se
$\mu\hat{G}$		0.87**	1.00**	1.00**	0.97**	0.96**	0.89**	0.74**	0.87**	0.59**
μG	0.83**		0.87**	0.87**	0.87**	0.81**	0.84**	0.65**	1.00**	0.11
ACG	0.87**	0.89**		1.00**	0.96**	0.96**	0.91**	0.75**	0.87**	0.58**
PTC	0.87**	0.87**	1.00**		0.96**	0.96**	0.91**	0.75**	0.87**	0.58**
TWC	0.79**	0.85**	0.98**	0.98**		0.87**	0.81**	0.80**	0.87**	0.52*
UBND	0.97**	0.89**	0.94**	0.94**	0.87**		0.92**	0.61**	0.81**	0.61**
NI	0.79**	0.85**	0.98**	0.98**	1.00**	0.87**		0.54*	0.84**	0.45*
PNGg	0.87**	0.76**	0.84**	0.84**	0.81**	0.85**	0.81**		0.65**	0.44
$\mu a(B+G)$	0.83**	1.00**	0.89**	0.89**	0.85**	0.89**	0.85**	0.76**		0.11
per-se	0.47	0.22	0.64*	0.64*	0.67**	0.50	0.67**	0.51	0.22	

*, ** significativo al nivel de 0.05 y 0.01, respectivamente. $\mu\hat{G}$ = Estimador del número relativo de alelos favorables en loci clase G; μG = Estimador original inesgado; ACG = Aptitud combinatoria general; PTC = Predicción de cruza triple; TWC = Cruza triple predicha; UBND = Límite mínimo superior; NI = Mejoramiento neto; PNGg = Probabilidad de ganancia neta; ($\mu a(B+G)$) = Estimador inesgado del potencial de una línea; per se = Comportamiento de una línea.

Las estimaciones de ACG, PTC y TWC son relativamente fáciles de obtener, ya que sólo se necesita información de las cruzas y tienen cierta ventaja en comparación con el resto de los estimadores, lo que podría reducir los costos de evaluación de los experimentos. Lo anterior es importante ya que en ocasiones la evaluación de las líneas parentales en diferentes ambientes resulta inadecuado, debido a que muchas de las veces las líneas no tienen buena adaptación. Pero como estos estimadores sólo indican el potencial directo o indirecto del valor de una línea, la metodología propuesta por Dudley proporciona más detalle del potencial genético de una línea.

Correlaciones entre estimadores

Las correlaciones entre los estimadores mostraron valores altos, positivos y significativos en cada uno de los híbridos a mejorar, AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1. La correlación más alta ($r=1.0^{**}$) fue detectada entre $\mu\hat{G}$ y ACG, $\mu\hat{G}$ y PTC, ACG y PTC, μG y $\mu a(B+G)$, y TWC y NI (Cuadro 9). Zanoní y Dudley (1989) y Misevic (1989a, b) también encontraron alta correlación entre $\mu\hat{G}$ y PTC, mientras que la correlación entre TWC y NI coincide con la reportada

por Hohls *et al.*, (1995). Bernardo (1990) y Metz (1994) registraron correlaciones similares a las de este estudio.

CONCLUSIONES

Las líneas CML258 y CML311; CML264, CML312 y CML273; CML312, CML318, CML281 y CML264, fueron identificadas como donadoras de alelos favorables para rendimiento de grano, acame de raíz y pudrición de mazorca, para el mejoramiento de AN1 x AN2, SSE232-33-30 x SSE255-18-19 y SSE255-18-19 x M.L.S4-1, respectivamente. Por su parte, las líneas CML312 y CML313 podrían ser utilizadas para el mejoramiento de los progenitores de las tres cruzas simples élite.

La mayoría de las líneas donadoras utilizadas en este estudio mostraron cierta similitud con cada uno de los progenitores de los híbridos designados a mejorar, con excepción del progenitor M.L.S4-1. Muchas de estas semejanzas entre líneas y progenitores coinciden con la información del pedigrí previamente establecida.

Al comparar los diferentes métodos para clasificar líneas, se encontró alta correlación entre el estimador del número relativo de alelos favorables en *loci* clase G ($\mu\hat{G}$) propuesto por Dudley con la aptitud combinatoria general (ACG) y con la predicción de la cruza triple (PTC) lo que indica su similitud para identificar líneas donadoras potenciales de alelos favorables.

BIBLIOGRAFÍA

- Barreto H J, G O Edmeades, S C Chapman, J Crossa (1993) El diseño Alfa-Látice en fitomejoramiento y agronomía: Generación y Análisis. In: J Bolaños, G Sain, R Urbina, H Barreto (eds). Síntesis de Resultados Experimentales del PRM 1992. CIMMYT-PRM, Guatemala, 1993. Vol. 4:273-283.
- Bernardo R (1990) An alternative statistic for identifying lines useful for improving parents of an elite single cross. Theor. Appl. Genet. 80:105-109.
- Betrán F J, D Beck, G O Edmeades, J M Ribaut, M Bazinger, C Sánchez (1997) Genetic analysis of abiotic stress tolerance in tropical maize hybrids. In: CIMMYT 1997. Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; An international symposium. México, D.F. pp: 28-29.
- Córdova H S, H Mickelson (1995) Subtropical Maize Subprogram. Annual Research Report 1995. CIMMYT Maize Program. México, D.F. 160 p.
- Dudley J W (1984a) A method of identifying lines for use in improving parents of a single cross. Crop Sci. 24:355-357.
- Dudley J W (1984b) Identifying parents for use in a pedigree breeding program. Proc. Annu. Corn Sorghum Ind. Res. Conf. 39:176-188.
- Dudley J W (1984c) Theory for identification and use of exotic germplasm in maize breeding programs. Maydica 29:391-407.
- Dudley J W (1987) Modification of methods for identifying inbred lines useful for improving parents of a elite single crosses. Crop Sci. 27:944-947.
- Falconer D S (1989) Introduction to Quantitative Genetics. Third edition. Longman Inc., John Wiley & Sons, Inc., New York. 438 p.
- González J S, H S Córdova O, S Rodríguez H, H De León C, V Serrato (1997) Determinación de un patrón heterótico a partir de la evaluación de un dialelo de diez líneas de maíz subtropical. Agron. Mesoam. 8(1):1-7.
- Gerloff J E, O S Smith (1988) Choice of method for identifying germplasm with superior alleles. Theoretical results. Theor. Appl. Genet. 76:209-216.
- Hallauer A R, J B Miranda F O (1981) Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press. Ames, Iowa. 468 p.
- Hallauer A R (1990) Methods used in developing maize inbreds. Maydica 35:1-16.
- Hohls T, G P Clarke, P E Shanahan, H O Gevers (1995) An unbiased estimator for identifying lines useful for the improvement of elite single crosses, based on a combining ability model. Heredity 75:155-163.
- Jenkins M T, A M Brunson (1934) Methods of estimating the performance of double crosses in corn. J. Amer. Soc. Agron. 26:199-204.
- Martínez G A (1988) Diseños Experimentales. Métodos y Elementos de Teoría. Editorial Trillas. México, D.F. 756 p.
- Metz G (1994) Probability of net gain of favorable alleles for improving an elite single cross. Crop Sci. 34:668-672.
- Misevic D (1989a) Identification of inbred lines as a source of new alleles for improvement of elite maize single crosses. Crop Sci. 29:1120-1125.
- Misevic D (1989b) Evaluation of three test statistics used to Identify maize inbred lines with new favorable alleles not present in elite single cross. Theor. Appl. Genet. 77:402-408.
- SAS (1989) SAS Institute Inc. Statistical Analysis System.5. Cary, N. C. USA. 956 p.
- Sprague G F, S A Eberhart (1977) Corn Breeding. In: G F Sprague (ed). Corn and Corn Improvement. Agronomy 6 2nd Ed. Amer. Soc. Agron. Madison WI. USA. pp:305-363.
- Steel R G D, J H Torrie (1985) Bioestadística: Principios y Procedimientos. 2^a edición (1^a en español). McGraw-Hill Book Company. Colombia, 622 p.
- Srinivasan G, J L Torres, M Bazinger (1997) Heterosis and combining ability of elite highland maize lines under nitrogen-stress vs non-stress conditions. In: CIMMYT 1997. Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; An internacional symposium. México, D.F. pp: 288-289.
- Vasal S K, S Mc Lean, F San Vicente, S K Ramanujan (1995) Heterotic patterns and the choice testers. Overview. CIMMYT Maize Program Internally Managed External Review of Breeding Strategies and Methodologies. 1995. Briefing Document. pp: 92-113.
- Vergara A N, S K Vasal, S D McLean, G Srinivasan, S Rodríguez H (1997) Heterosis and combining ability among long and short-ear maize inbred lines. In: CIMMYT 1997. Book of Abstracts. The genetic and exploitation of heterosis in crops; An international symposium. Mexico, D.F. pp:198-199.
- Zanoni U, J W Dudley (1989) Comparison of different methods of identifying inbreds useful for improving elite maize hybrids. Crop Sci. 29:577-582.