

COMPORTAMIENTO DE CRUZAMIENTOS ENTRE LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ  
(*Zea mays L.*) CLASIFICADAS EN GRUPOS BASADOS EN INFORMACIÓN DE  
MARCADORES MOLECULARES.

Tesina

de la alumna

Alberti María Melisa

Director del Trabajo Final de Grado:

Ing. Agr. Guillermo H. Eyhérbide.

Este trabajo ha sido presentado como requisito para la obtención del título de:

INGENIERO AGRÓNOMO

Carrera: Ingeniería Agronómica

Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales.

Universidad Nacional de Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.

Pergamino, 27 de Febrero de 2015

COMPORTAMIENTO DE CRUZAMIENTOS ENTRE LÍNEAS ENDOCRIADAS  
DE MAÍZ (*Zea mays* L.) CLASIFICADAS EN GRUPOS BASADOS EN  
INFORMACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES.

Tesina

de la alumna

Alberti María Melisa

Aprobada por el Tribunal Evaluador de Tesinas

.....

.....

Ing. Agr. Guillermo Hugo Eyhérbide

Director.

Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales.

Universidad Nacional de Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.

## **Agradecimientos**

En el presente trabajo se agradece a mi tan querida universidad, a Guillermo Eyhérbide, a mi familia y amigos.

## Índice

<b>Introducción</b>	5
Generalidades e importancia del cultivo de maíz	5
Generación del rendimiento del cultivo de maíz.	8
Mejoramiento genético del cultivo de maíz. Definiciones.	9
Marcadores moleculares como herramienta para el mejoramiento genético del cultivo de maíz.	14
<b>Hipótesis</b>	17
<b>Objetivos</b>	18
<b>Materiales y métodos</b>	19
Material vegetal.	19
Condiciones experimentales.	23
Diseño experimental y procedimientos estadísticos.	24
<b>Resultados</b>	29
<b>Discusión</b>	39
<b>Conclusión</b>	43
<b>Resumen</b>	44
<b>Bibliografía</b>	46
<b>Anexo</b>	52

## **Introducción**

### **Generalidades e importancia del cultivo de maíz.**

El maíz (*Zea mays L.*) es una especie perteneciente a la familia de las Poaceas. Su centro de origen se encuentra en América Central y México, aunque existen varios centros de diversidad a lo largo de la Cordillera de los Andes. Se trata de una especie diploide que consta de diez pares de cromosomas ( $2n=10$ ). Se reproduce por semillas resultantes de la fecundación cruzada de óvulos dispuestos en espigas (inflorescencia femenina, generalmente única ubicada en posición axial), a partir de granos de polen originados en la panoja (inflorescencia masculina, ubicada en posición apical del tallo). La polinización es anemófila y el porcentaje de autofecundación en condiciones naturales es muy reducido (Eyhérbide, 2012).

El maíz cultivado es una planta completamente domesticada y el hombre y el maíz han convivido y evolucionado juntos desde tiempos remotos. El maíz no crece en forma salvaje y no puede sobrevivir en la naturaleza, siendo completamente dependiente de los cuidados del hombre (Wilkes, 1985).

Actualmente, el maíz es el segundo cultivo en importancia del mundo por su producción, después del trigo, mientras que el arroz ocupa el tercer lugar. La diversidad de los ambientes bajo los cuales es cultivado el maíz es mucho mayor que la de cualquier otro cultivo. Pese a haberse originado y evolucionado en la zona tropical, hoy día se cultiva hasta los 58° de latitud norte en Canadá y en Rusia y hasta los 40° de latitud sur en Argentina y Chile (Paliwal y col., 2001).

El grano de maíz tiene numerosas y diversas aplicaciones. En algunos países, sobre todo de Latinoamérica, se emplea como alimento humano en cantidades significativas (Rooney y Serna-Saldivar, 1987), aunque la mayor proporción se usa en alimentación animal (Watson, 1988). Por otra parte es una importante fuente de materia prima para producir almidón y derivados, edulcorantes, alcohol, etc., que se usan en muchas aplicaciones alimentarias y no alimentarias (Leath y Hill 1987). Existen productos del maíz que pueden ser utilizados en la industria química (Orthoeffer, 1987). Con el auge de los biocombustibles, el maíz tiene una importantísima participación de la producción de etanol.

En Argentina, actualmente, ocupa el segundo lugar en importancia después de la soja, con una producción cosechada de 29,8 millones de toneladas para la campaña 2013/2014, además, nuestro país es el tercer país exportador después de EEUU y Brasil, con un volumen de 19 millones de toneladas para la campaña 2013/2014 (SIIA, 2014).

Al ser una especie diclino-monoica (cuyas estructuras florales son unisexuales y se encuentran en la misma planta), ofrece la posibilidad de la aplicación de una variada gama de métodos de mejoramiento y producción de semillas.

Los trabajos de Shull (1908, 1909) y East (1908), determinaron la futura orientación del mejoramiento de maíz. Estos autores demostraron que una población o variedad de maíz está compuesta por una colección heterogénea de genotipos, a partir de los cuales era posible generar, mediante sucesivas autofecundaciones, líneas endocriadas homogéneas y homocigotas. Estas líneas mostraban disminución del

tamaño de planta y rendimiento de grano, pero los híbridos resultantes del cruzamiento entre las líneas recuperaban el vigor, y exhibían rendimientos que podían ser similares o superiores a los de las poblaciones de las que fueron derivadas. Este fenómeno es conocido como heterosis y su magnitud para el rendimiento determinó que el producto final por excelencia de los programas de mejoramiento sean los cultivares híbridos.

En nuestro país los primeros materiales que se cultivaron fueron las variedades de polinización abierta que presentaban una baja heterosis, pero a su vez, un bajo costo y fácil mantenimiento. El uso de híbridos dobles (integrados por cuatro líneas endocriadas) se consolidó en la década de los '70. En la década de los '80 se hizo masivo el uso de híbridos de tres vías (formados por tres líneas endocriadas). Finalmente en los '90 se inicia el uso masivo de los híbridos simples, integrados por dos líneas endocriadas, tecnología que perdura hasta la actualidad (Kandus, 2014).

Si bien los híbridos simples presentan una mayor heterosis que los híbridos dobles y triples, su uso masivo fue retrasado porque la semilla era de alto costo (escasa producción en la línea progenitora hembra) y resultaba inaccesible para el productor. En la medida que se obtuvieron y seleccionaron líneas parentales de mayor rendimiento y mejor comportamiento agronómico, fue posible el uso de esta tecnología (Kandus, 2014). A ello debe agregarse que el grado de adopción del riego complementario en los lotes de producción de la semilla comercial fue muy elevado y permitió asegurar los rendimientos de la semilla.

Gran parte del germoplasma de maíz que se utiliza en programas de mejoramiento se clasifica dentro de grupos heteróticos. Los grupos heteróticos son agrupamientos de

germoplasma, que generalmente pueden definirse por su fondo genético y adaptación ambiental. Cuando del cruzamiento de un par de grupos heteróticos se obtienen, con una frecuencia relativamente alta, híbridos que presentan elevados niveles de heterosis, se dice estar en presencia de dos grupos heteróticos que conforman entre sí un patrón de heterosis.

Los patrones de heterosis más comúnmente utilizados en zonas templadas son:

- Lancaster Surecrop x Reid Yellow Dent
- Dentado Americano X Flint Argentino
- Midland x Leaming

Mientras que para las zonas tropicales, uno de los patrones más comúnmente utilizado es:

- ETO x Tuxpeño (Eyhérabide, comunicación personal).

### **Generación del rendimiento del cultivo de maíz.**

La generación del rendimiento en el maíz es un proceso complejo que responde a diferentes factores que interaccionan a lo largo de todo el ciclo ontogénico. Debido a tal complejidad, su estudio se facilita cuando se aborda a través de sus dos componentes numéricos: el número de granos producidos y el peso medio de los mismos.

El número de granos producidos depende del número de granos por espiga y el número de espigas por unidad de superficie, y su principal determinante es la supervivencia de las estructuras florales fecundadas (Cirilo y Andrade, 1994). En el período de cuatro semanas centrado en la floración femenina, el cultivo de maíz es

particularmente sensible a cualquier estrés de crecimiento en cuanto al número final de granos logrados (Hall y col., 1981).

El peso de los granos resulta de la duración del período de llenado y de la tasa de acumulación de materia seca. A su vez, las modificaciones en la tasa de llenado del grano explican más estrechamente las variaciones en el peso final del grano de maíz que las variaciones en la duración de la etapa (Borrás y Otegui, 2001). De los dos componentes, el número de granos maduros es el que está más estrechamente relacionado con las variaciones en el rendimiento de maíz a campo (Cirilo y Andrade, 1994).

El aumento en el rendimiento del cultivo de maíz en las últimas décadas puede atribuirse, en gran medida, al mejoramiento genético y, en menor medida, a las mejoras en el manejo del cultivo (aumento en la densidad de siembra, uso de fertilizantes y agroquímicos, etc.). No obstante, los rendimientos medios que se alcanzan actualmente están aún distantes de los rendimientos máximos obtenibles. Estas brechas entre rendimientos reales y potenciales pueden reducirse a partir de un mejor entendimiento de los procesos y mecanismos involucrados en la determinación del rendimiento del cultivo (Cirilo y col., 2012).

### **Mejoramiento genético del cultivo de maíz. Definiciones.**

El concepto de heterosis (o vigor híbrido) fue reportado por primera vez en 1766 (Koelreuter, 1766) y se define como el exceso de vigor de la F1 (híbrido) con respecto al promedio de sus progenitores o al mejor progenitor (Gowen, 1952).

En forma operativa, (Falconer y Mackay, 1996) la heterosis media se calcula como la diferencia entre el valor fenotípico de la F1 y el valor fenotípico del padre medio (PM).

Puede expresarse también, en porcentaje del padre medio:

$$\text{Heterosis media}(\%) = \frac{F1 - PM}{PM} \times 100$$

Mientras que la heterosis máxima o heterobeltiosis, en valores absolutos se calcula como la diferencia entre el valor fenotípico de la F1 y del mejor padre (MP). En porcentaje se estima en relación al comportamiento del mejor padre:

$$\text{Heterosis máxima}(\%) = \frac{F1 - MP}{MP} \times 100$$

En realidad, a los fines prácticos, lo que interesa es que la F1 supere al mejor de los padres, de lo contrario, no tendría sentido producir híbridos con destino comercial.

En cuanto a los valores promedios de heterosis, Hallauer y Miranda (1981), realizaron una recopilación de trabajos de diferentes autores, desde 1893 a 1979, los cuales sumaron un total de 1394 cruzamientos entre poblaciones o entre líneas de maíz y para los cuales se calcularon los promedios de heterosis media y heterosis máxima del carácter rendimiento. Estos resultaron ser 19,2% y 8,2% respectivamente.

Existen dos teorías principales que intentan explicar la heterosis:

-La primer teoría es conocida como teoría de la dominancia, propuesta en 1910 (Bruce, 1910). Según esta, los alelos dominantes contribuyen al vigor, mientras que los recesivos tienden a ser neutrales, dañinos o deletéreos. Dicho efecto suele representarse como  $(AA \sim Aa) > aa$ . Según esta teoría, el cruzamiento entre dos líneas homocigóticas manifestará heterosis por la complementación de alelos dominantes de ambos progenitores en la F1, de acuerdo al siguiente esquema.

$$AABBccdd \times aabbCCDD$$

↓

$$AaBbCcDd$$

En dicho esquema, los dos progenitores llevan diferentes genes homocigotas dominantes, dos cada uno, mientras que la F1 los lleva todos, un alelo dominante en cada locus, de modo que tiene mayor vigor que cualquiera de los padres siempre que exista algún nivel de dominancia en al menos una parte importante de los pares de alelos involucrados.

-La segunda es la teoría de la sobredominancia, propuesta por Shull (1908). Establece que la heterosis en sí se debe a la superioridad del genotipo heterocigótico sobre ambos homocigóticos. Dicho en otras palabras, esta teoría sugiere que la combinación heterocigota de alelos en un locus dado, será genotípicamente superior que cualquier otra combinación homocigota de alelos para dicho locus.

La mayor aceptación a la primer teoría es debida a que los niveles de dominancia (parcial y completa) han sido ampliamente observados para caracteres cuantitativos, mientras que existe una limitada cantidad de evidencia para la expresión de la sobredominancia (Hallauer y Miranda, 1981).

No obstante, se han planteado objeciones acerca de la teoría de la dominancia (Hallauer y Miranda, 1981), siendo la principal, que si AaBbCcDd tiene el mismo valor que AABBCcDD, entonces debe ser posible obtener líneas endogámicas que igualen en vigor al híbrido, lo cual en la práctica no se ha obtenido. La respuesta a este planteamiento deriva de que la probabilidad de obtener una línea endogámica con el 100 por ciento de homocigocis dominante, es de  $\frac{1}{2}^n$  donde, n es el número de loci. Es claro que conforme aumenta el número de loci, la probabilidad de encontrar el genotipo va disminuyendo, hasta niveles que para fines prácticos lo hacen imposible. Hay que considerar además que algunos genes favorables (dominantes) pueden probablemente, estar ligados con genes recesivos, impidiendo la obtención del genotipo ideal con 100% de homocigocis.

A partir de las evidencias y objeciones a favor y en contra de ambas teorías, podría decirse que es probable que este fenómeno se manifieste por diferentes causas en diferentes especies y para diferentes características (Sedcole, 1980).

Falconer (1970), muestra un análisis que concluye que para que exista manifestación de heterosis es necesario que los progenitores tengan diferencias en sus frecuencias génicas y que exista algún grado de dominancia.

Sin embargo, Goodnight, (1999), dice que “la heterosis podría ocurrir incluso en

ausencia de dominancia, y que tradicionalmente se han considerado solamente las interacciones intra-locus (teorías de la dominancia y de la sobredominancia) aunque, la epistasis (fenómeno en el cual la acción de un gen depende de la presencia de un gen de otro locus) sería una tercer causa posible de heterosis”.

Algunos autores, destacan también, la importancia de ciertos estudios moleculares, bioquímicos y fisiológicos en un mejor entendimiento de la heterosis. “Durante las autofecundaciones se produce una metilación gradual en el ADN, que es evidenciada cuando las líneas endocriadas se cruzan para generar híbridos. Esto sugiere, que algunas modificaciones epigenéticas del ADN como tal, podrían ser heredables cuando ocurren en células germinales (generadoras de gametas) y podrían actuar como un importante regulador de la heterosis.” (Stuber, 1999).

La heterosis se puede representar mediante la siguiente fórmula, asumiendo ausencia de epistasis:

$h = \sum d_i y^2$ ; donde “ $d_i$ ” es el efecto de la dominancia, e “ $y$ ” es la diferencia en la frecuencias alélicas en los loci que controlan el carácter de interés en los progenitores.

Hay muchos métodos para el cálculo de distancias entre genotipos, uno de los más utilizados es el propuesto por Nei y Li (1979), el cual ha demostrado ser adecuado para el análisis de marcadores moleculares microsatélites (Takezaki y Nei, 2008), cuya fórmula es:

$$D_N^{ij} = 1 - \frac{2N^{ij}}{N^i + N^j}$$

Donde  $D_N^{ij}$  es el coeficiente de distancia genética entre el genotipo  $i$  y el  $j$ ;  $N^i$  es el

número de bandas en el genotipo  $i$  y  $N^j$  es el número de bandas en el genotipo  $j$ .

A pesar de la carencia de un completo entendimiento de las causas de este fenómeno, los mejoradores han sido bastante exitosos manipulando la heterosis para incrementar el vigor y el rendimiento de grano en muchas especies domesticadas (Nathan y Stupar, 2007).

### **Marcadores moleculares como herramienta para el mejoramiento genético del cultivo de maíz.**

Los mejoradores tienen como principal objetivo el hallazgo de líneas que al cruzarlas, generen híbridos con niveles crecientes de heterosis. Si bien el desarrollo y obtención de las posibles líneas parentales es relativamente fácil, los fuertes efectos de dominancia del carácter rendimiento hacen muy difícil la predicción con certeza del comportamiento del híbrido a partir del comportamiento de las líneas puras (Ornella y col., 2004).

Cada híbrido experimental debe ser evaluado en numerosos y extensos ensayos de campo que consumen gran parte de los recursos de los programas de mejoramiento. La gran cantidad de cruzamientos posibles entre un número de líneas endocriadas y los costos involucrados hacen en la mayoría de los casos imposible caracterizar todas las líneas obtenidas, por lo que resulta de gran utilidad disponer de metodologías que permitan predecir el comportamiento de los híbridos de maíz. De tal modo el fitomejorador puede concentrar esfuerzos en la realización de los cruzamientos que obtienen las predicciones más altas y posteriormente evaluar sólo a ellos en costosos

ensayos a campo (Ornella y col., 2004).

Los datos experimentales indican que la heterosis es función de la heterocigosidad en un gran número de loci, y que el incremento de la heterocigosidad a partir del cruzamiento de líneas o poblaciones genéticamente distantes, aumenta el nivel de heterosis en las cruzas (Mladenović y col., 2001).

Basado en este supuesto, Hallauer y col. (1988), propusieron que la magnitud de la heterosis podría ser estimada en base a diferencias establecidas a través de marcadores moleculares. Existen varios tipos de marcadores moleculares que pueden ser utilizados para estimar la diversidad genética en el germoplasma de maíz.

Los marcadores de ADN también pueden ser empleados para la selección asistida si están ligados a genes de interés, y pueden ser empleados para detectar la presencia de variaciones alélicas en éstos. Esta estrategia de selección podría tener mayor eficiencia y precisión que los métodos clásicos de selección (Alvarez Gil, 2011).

Los marcadores de ADN presentan además, otras ventajas con respecto a otros marcadores genéticos: Son abundantes y están uniformemente distribuidos en el genoma, no son afectados por el ambiente y se pueden detectar en cualquier estado de desarrollo de la planta.

Los marcadores moleculares microsatélites o SSR (*Simple Sequence Repeats*) consisten en pequeñas secuencias de 2 a 5 pares de bases repetidas en tandem y flanqueadas por regiones conservadas. Estas regiones pueden ser amplificadas

mediante técnicas de PCR (*Polimerase Chain Reaction*) que utilizan secuencias específicas que reconocen las regiones flaqueantes. Los SSR tienen expresión co-dominante y son multialélicos por lo que tienen el nivel más elevado de polimorfismo. Otra ventaja de los SSR es que son muy frecuentes y están distribuidos a azar en todo el genoma, siendo su ubicación cromosómica conocida (Maize Data Bank), (Schlatter y Eyherabide, 2008). De tal modo resultan sumamente útiles para caracterizar diferencias en cuanto a su fondo genético entre grupos de germoplasma de interés.

Si la distancia genética guarda relación con la heterosis (Falconer y Mackay, 1996), los marcadores moleculares de ADN podrían servir para analizar la distancia genética entre genotipos, y de alguna manera poder predecir el rendimiento de los cruzamientos, al menos en términos relativos. Esta capacidad predictiva podría reducirse si la epistasis contribuyera de modo importante a la heterosis.

El procedimiento para analizar la distancia genética en los materiales vegetales se basa en la extracción de ADN de los distintos genotipos, la amplificación de los marcadores y la observación de su electroforesis. La interpretación de este tipo de datos se realiza de manera simple: bandas en común entre genotipos representan similitudes genéticas, mientras que bandas no comunes representan diferencias genéticas. En la mayoría de los modelos analizados, cada marcador es analizado como un carácter fenotípico distinto e independiente de los demás. En general los datos son expresados en forma de una matriz de datos compuesta por un cierto número de genotipos, construida de acuerdo a la presencia o ausencia de bandas en la sección correspondiente a cada genotipo. Luego se procede al análisis estadístico de los datos y al cálculo de distancias (Ferreira y Grattapaglia, 1996).

## **Hipótesis**

Los cruzamientos entre líneas pertenecientes a distintos grupos basados en matrices de distancia (o de similitud) a nivel molecular, se comportan mejor que los cruzamientos entre líneas genéticamente más relacionadas (pertenecientes al mismo grupo).

## **Objetivos**

- Evaluar las características productivas (rendimiento de grano y sus componentes) de cruzamientos entre líneas pertenecientes a un mismo o a diferentes grupos de clasificación basados en medidas de distancia obtenidas a partir de datos de marcadores microsatélites.
- Determinar si existe correspondencia (y su magnitud), entre la clasificación de las líneas y el comportamiento productivo de sus cruzamientos.
- Determinar si la estructura poblacional a nivel molecular puede tener implicancias prácticas para la planificación de cruzamientos y el desarrollo de híbridos promisorios.

## **Materiales y métodos**

Para el cumplimiento de los objetivos mencionados, se obtuvo y utilizó la información generada a partir de dos ensayos conducidos en la Estación Experimental Agropecuaria Pergamino – INTA (EEA Pergamino – INTA) durante la campaña 2012-2013.

### **Material vegetal.**

En el presente trabajo, se utilizaron once líneas (Tabla 1) generadas por el programa de mejoramiento genético de maíz de la EEA Pergamino – INTA (excepto la línea B73, desarrollada en Estados Unidos). Las mismas fueron previamente clasificadas mediante el programa STRUCTURE 2.3.3 (Pritchard y col, 2000), a partir de marcadores moleculares microsatélites en un trabajo llevado a cabo en 2014 en la EEA Pergamino – INTA (Olmos y col. 2014). En el mismo, se realizó la caracterización de 111 líneas con 74 microsatélites.

A partir de dicho software, las líneas fueron asignadas a través de un modelo probabilístico bayesiano, a grupos o subpoblaciones definidas, (a partir de sus características moleculares distintivas) o conjuntamente a dos o más grupos, si es que las características moleculares indicaban estar combinadas.

Para asignar las líneas a los grupos, aquellas con probabilidad de pertenencia  $\geq 60\%$  a sólo uno de los grupos, fueron consideradas pertenecientes a un grupo definido, mientras que las líneas con probabilidades de pertenencia máxima menores al 60% fueron clasificadas en grupos mixtos.

Como resultado, se obtuvieron tres grupos o subpoblaciones definidas, cuyas denominaciones fueron:

- P465;
- Stocks Derivados de Argentino x Caribeño (ACDS);
- BS13-BSSS.

A su vez, se encontró un cuarto grupo o subpoblación mixta, formado por las líneas que comparten información molecular en proporciones variables de dos o tres de los grupos distintivos definidos anteriormente (Tabla 1).

**Tabla 1:** Líneas generadas por el programa de mejoramiento genético de maíz de la EEA Pergamino – INTA, participantes de los cruzamientos. LP.: Línea Pergamino.

LÍNEA	ORIGEN	AÑO DE LIBERACIÓN	TEXTURA	GRADOS DÍA A FLORACIÓN	CLASIFICACIÓN SEGÚN STRUCTURE
LP122-2	(L3178XL196)F <sub>2</sub>	2001	FLINT	910	P465
LP613	SEL. REC. EN (P465 X D)F <sub>2</sub>	2000	FLINT	852	ARGENTINO X CARIBEÑO
LP2542	COMP. BS13	2005	DENT	882	BS13-BSSS
LP179	SUWAN	2001	FLINT	946	MIXTA
LP612	SEL. REC. EN (P465 X D)F <sub>2</sub>	1999	FLINT	871	P465
LP221	CRUZAMIENTO FXD F <sub>2</sub>	2006	SEMIFLINT	884	ARGENTINO X CARIBEÑO
LP1513	COMP II	2007	FLINT	852	ARGENTINO X CARIBEÑO
LP126	(LP125R X L196)F <sub>2</sub>	2004	FLINT	852	P465
LP661	(LP662 X LP611)F <sub>2</sub>	2008	FLINT	ND	MIXTA
B73	BSSS	1972	DENT	ND	BS13-BSSS
CMLP	CML327 (CIMMYT) X BS13 <sup>2</sup>	NO FUE LIBERADA	DENT	ND	BS13-BSSS

El material vegetal empleado en los ensayos fue el siguiente:

- Treinta y tres híbridos obtenidos a partir de líneas (Tabla 1);
- Tres híbridos genéticamente modificados, experimentales, generados por el programa de mejoramiento genético de maíz de la EEA Pergamino – INTA;
- Tres híbridos testigos comerciales;

**Tabla 2:** Genotipos evaluados en los ensayos. Híbridos simples producto de los cruzamientos entre las líneas (de 1 a 33), híbridos genéticamente modificados (de 34 a 36) e híbridos comerciales testigos (de 37 a 39).

CÓDIGO	PEDIGREE	CÓDIGO	PEDIGREE
1	LP122-2/LP221	21	LP612/LP1513
2	LP1513/LP221	22	LP612/LP221
3	LP126/LP221	23	LP613/LP122-2
4	LP1513/LP179	24	LP661/LP221
5	LP1513/CMLP	25	LP661/B73
6	LP1513/LP2542	26	LP612/B73
7	LP126/LP179	27	LP613/B73
8	LP122-2/LP179	28	LP613/LP179
9	B73/LP221	29	LP612/CMLP
10	CMLP/LP221	30	LP661/LP2542
11	LP2542/LP221	31	LP612/LP2542
12	CMLP/LP179	32	LP613/CMLP
13	B73/LP179	33	LP612/LP179
14	LP2542/LP179	34	4015BT XLP122-2
15	LP612/LP126	35	4015BT X LP661
16	LP126/LP122-2	36	4015BT X LP126
17	LP613/LP126	37	TESTIGO 1: Monsanto DK7210 VT3p
18	LP613/LP1513	38	TESTIGO 2: Arvales ARV2194 HXRR
19	LP613/LP221	39	TESTIGO 3: Nidera AX7822 TDMAX
20	LP661/LP126		

Independientemente de la clasificación final que realizó el STRUCTURE, se utilizó además, información sobre la distancia genética de los genotipos empleados.

A partir de los datos generados se construyeron dos matrices de distancias genéticas de las líneas participantes de los cruzamientos. Una de las matrices (Tabla 3) incluyó a todos los alelos (cualquiera fuera su frecuencia), y otra excluyó los alelos raros (Tabla 4), aquellos cuya frecuencia poblacional es menor a 0.01% (Cavalli-Sforza y Bodmer, 1971), para comprobar si la inclusión o exclusión de los mismos, podría tener algún tipo de impacto en el resultado.

**Tabla 3:** Matriz de similitud (incluyendo alelos raros), entre cada par de líneas que fueron cruzadas durante los ensayos.

	LP613	LP122-2	LP2542	LP179	LP612	LP221	LP1513	LP126	CMLP	LP661	B73
LP613	1,000										
LP122-2	0,774	1,000									
LP2542	0,767	0,801	1,000								
LP179	0,738	0,724	0,744	1,000							
LP612	0,9	0,764	0,774	0,761	1,000						
LP221	0,761	0,761	0,794	0,751	0,771	1,000					
LP1513	0,764	0,831	0,777	0,767	0,761	0,751	1,000				
LP126	0,754	0,801	0,767	0,764	0,738	0,734	0,817	1,000			
CMLP	0,757	0,797	0,824	0,754	0,757	0,791	0,774	0,771	1,000		
LP661	0,880	0,721	0,754	0,757	0,874	0,761	0,771	0,748	0,744	1,000	
B73	0,751	0,779	0,813	0,765	0,737	0,779	0,782	0,751	0,913	0,744	1,000

**Tabla 4:** Matriz similitud (no incluyendo alelos raros), entre cada par de líneas que fueron cruzadas durante los ensayos.

	LP613	LP122-2	LP2542	LP179	LP612	LP221	LP1513	LP126	CMLP	LP661	B73
LP613	1,000										
LP122-2	0,780	1,000									
LP2542	0,769	0,806	1,000								
LP179	0,743	0,728	0,744	1,000							
LP612	0,906	0,762	0,769	0,763	1,000						
LP221	0,761	0,759	0,792	0,753	0,761	1,000					
LP1513	0,776	0,846	0,785	0,779	0,769	0,755	1,000				
LP126	0,757	0,806	0,768	0,767	0,731	0,726	0,833	1,000			
CMLP	0,758	0,8	0,826	0,757	0,75	0,787	0,782	0,769	1,000		
LP661	0,899	0,734	0,765	0,773	0,89	0,771	0,790	0,76	0,754	1,000	
B73	0,754	0,784	0,813	0,768	0,732	0,776	0,792	0,75	0,918	0,757	1,000

### Condiciones experimentales.

Las fechas de siembra de los ensayos de la primera y segunda época fueron el 13 de octubre de 2012 y el 12 de noviembre de 2012, respectivamente. La siembra se realizó en forma mecánica con sembradora de parcelas experimentales, con una densidad de 70.000 plantas por hectárea.

Para el manejo de malezas en pre-siembra fueron aplicados 2 litros/ hectárea de sulfosato y 2 litros / hectárea de atrazina al 50 %, mientras que en pre-emergencia se aplicaron 2 litros/hectárea de atrazina al 50% y 1,4 litros/ hectárea de metalaclor.

En cuanto a la fertilización se utilizaron 150 Kg de mezcla fosforada, (de 7 unidades

de nitrógeno y 40 de fósforo) y 180 Kg de urea/ hectárea.

Se implementó riego por aspersión a razón de 25 mm, 15 días antes de la floración para el ensayo de la primer época, debido a condiciones severas de estrés hídrico.

La cosecha se realizó en forma manual un mes después de madurez fisiológica. Las muestras cosechadas fueron mantenidas en bolsas de rafia y ventiladas en galpón hasta humedad de equilibrio.

### **Diseño experimental y procedimientos estadísticos.**

Se realizaron dos ensayos comparativos de rendimiento. Estos siguieron un diseño de bloques incompletos, tipo látice 6 x 7 con dos repeticiones.

La unidad muestral se correspondió con parcelas que tuvieron un tamaño de 5 metros de largo, con dos surcos distanciados a 0,7 metros.

En cada parcela se cosecharon manualmente las espigas de diez individuos que crecieron en competencia completa y las determinaciones de las variables se realizaron en forma individual en todas las parcelas y luego fueron promediadas por parcela.

Las variables analizadas fueron:

**-Índice de prolificidad:** Fue calculado como el cociente entre el número total de espigas cosechables de las 10 plantas cosechadas, dividido por 10.

**-Longitud de espiga:** Fue calculado como el promedio de la distancia lineal abarcada por 10 espigas, dispuestas en posición horizontal y de forma continua sobre una regla graduada. Medido en milímetros (mm).

**-Diámetro de espiga:** Fue calculado como el promedio de la distancia lineal abarcada por 10 espigas, dispuestas en posición vertical y de forma continua sobre una regla graduada. Medido en milímetros, (mm).

**-Número de hileras:** Fue calculado como el promedio del número de hileras de 10 espigas.

**-Peso de 250 granos:** Fue medido en gramos (g), con una balanza electrónica. Marca comercial: Ohaus. CL201. Portable Scale.

**-Coeficiente de desgrane:** Fue estimado como el cociente entre el peso de los granos de 10 espigas y el peso de 10 espigas (previo al desgrane).

**-Rendimiento por planta:** Fue calculado en gramos (g) a partir del peso de los granos de diez plantas que crecieron en competencia perfecta y corregido a una humedad constante de 15%. Se utilizó la siguiente fórmula:

$$\text{Rendimiento por planta} = \frac{\text{Peso de Grano (g)} / (100 - \text{Humedad})}{(85)}$$

**-Humedad:** Fue calculado con un humidímetro digital, (%). Marca comercial: Dickey John Multigrain.

-**Número de granos:** Fue calculada a partir de la siguiente fórmula:

$$\text{Número de Granos/Planta} = \frac{\text{Rendimiento} \times 250}{\text{Peso de 250 Granos}}$$

Se analizaron los datos mediante el software Agrobases 2000. Se analizó la normalidad (Ver ANEXO) de las variables a partir del programa estadístico Agrobases. Se realizaron análisis de varianza (por ensayo y combinado) para todas las variables en estudio (Ver ANEXO). Debido a que la eficiencia del látice no superó la del diseño en bloques completos a continuación se presentan los esquemas de ANOVA considerados:

Esquema de ANOVA por ambiente:

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS
REPETICIONES	1	SC3	CM3
HÍBRIDOS	41	SC2	CM2
ERROR EXP.	41	SC1	CM1
TOTAL	83		

El cálculo de F, para las pruebas de significancia de “Híbridos” en el ANOVA por ambiente se realizó a partir de:

$$F = \frac{CM_2}{CM_1}$$

Esquema de ANOVA combinado:

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS
AMBIENTES	1		
REPETICIONES (AMBIENTE)	1		
HÍBRIDOS	41	SC3	CM3
HÍBRIDOS X AMBIENTE	41	SC2	CM2
ERROR COMB.	82	SC1	CM1
TOTAL	166		

El cálculo de F, para las pruebas de significancia de “Híbridos x Ambiente” en el ANOVA combinado se realizó a partir de:

$$F = \frac{CM_2}{CM_1}$$

El cálculo de F para las pruebas de significancia de “Híbridos”, se realizó a partir de:

$$F = \frac{CM_3}{CM_1}; \text{ cuando "Híbridos por Ambiente" no resultó significativo.}$$

Y como de  $F = \frac{CM_3}{CM_2}$  cuando “Híbridos por Ambiente” resultó significativo.

Además, se calcularon los coeficientes de correlación lineal de Pearson entre los valores promedios de todas las variables analizadas anteriormente. Con los coeficientes obtenidos, se construyó una matriz que fue denominada “Matriz de Correlación”.

Asimismo se calcularon el Coeficiente de correlación de Pearson, y el Coeficiente de

determinación, entre los Rendimientos promedios por planta del ensayo combinado, y los coeficientes de similitud ( $1 - \text{coeficiente de distancia}$ ) entre las líneas progenitoras de cada híbrido. Al realizar dicho análisis, se usaron dos tipos de coeficientes de similitud, una a partir de las matrices generadas con la información de todos los alelos (cualquiera fuera su frecuencia) y otra excluyendo los alelos raros.

## Resultados

En el ensayo de la primera fecha de siembra, se produjo la floración promedio el día 26 de diciembre y la madurez fisiológica el día 24 de febrero, la duración total del ciclo desde siembra a madurez fisiológica fue de 133 días.

En el ensayo de la segunda fecha de siembra, la floración promedio y la madurez fisiológica fueron el día 20 de enero y 15 de marzo respectivamente, resultando en un ciclo de 122 días.

Las condiciones meteorológicas de precipitaciones y temperaturas se presentan en la tabla 5.

**Tabla 5.** Precipitaciones acumuladas para el ciclo total y precipitaciones acumuladas en el período crítico (PC, quince días centrados en floración), temperaturas promedio máximas, temperaturas promedios mínimas y temperaturas medias para los ensayos de primera y segunda fecha de siembra.

ÉPOCA DE SIEMBRA	PREC. TOTALES (mm)	PREC. PC (mm)	TEMP. MÁX. (°C)	TEMP. MÍN. (°C)	TEMP. MED. (°C)
ENSAYO I	363	80	29	15	22
ENSAYO II	319	13	29	15	22

La tabla de medias y coeficientes de variación para cada una de las variables en cada ensayo individual y en el ensayo combinado fue la siguiente:

**Tabla 6:** Medias y coeficientes de variación para cada una de las variables analizadas, correspondientes al ensayo de la primer época (1), segunda época (2) y al

combinado. Prol.: prolificidad; Esp.: espigas; Pl.; planta; Long.: longitud; Diam.: diámetro; Coef.: coeficiente; Hum.: humedad; Rend.: rendimiento.

ENSAYO		ÍNDICE DE PROL. (esp/pl)	LONG. DE ESP. (mm)	DIÁM. DE ESP. (mm)	Nº DE HILERAS (Hileras)	PESO DE 250 GRANOS (g)	COEF. DE DESGRANE	HUM. (%)	REND/ PLANTA (g)
1	Media	1,04	178,50	45,6	15,50	63,10	0,81	12,7	147,00
	CV (%)	7,03	4,42	3,23	3,30	7,63	4,03	3,43	13,49
2	Media	1,52	177,60	48,50	15,20	82,40	0,83	13,70	184,00
	CV (%)	2,88	3,34	3,67	2,64	5,96	1,95	2,85	11,50
COMBINADO	Media	1,28	178,10	47,10	15,30	72,80	0,82	13,20	166,00
	CV (%)	4,95	4,17	3,56	3,14	6,85	3,17	3,15	12,83

### ***Índice de prolificidad:***

Los híbridos simples evaluados en el ensayo I presentaron valores promedio extremos de 0,95 espigas/ planta y 1,70 espigas/ planta. La media general fue 1,04 espigas/ planta, y el desvío estándar de 0,07.

Para el ensayo II, los valores extremos fueron de 1,31 espigas/ planta y 1,74 espigas/ planta. La media general fue de 1,52 espigas/ planta, con un desvío estándar de 0,10.

Para el experimento combinado, la media general de 1,28 espigas/ planta y el CV de 4,95%.

### ***Longitud de espiga:***

Para el ensayo I la variable *Longitud de espiga* presentó valores extremos de 211,9 mm y 148,6 mm, una media general de 178,5 mm, un desvío estándar de 8,4.

Mientras que para el ensayo II, los valores máximos y mínimos fueron de 207,4 mm y 142,6 mm, respectivamente, la media general fue de 177,6 mm, y el desvío estándar

de 6,30. Para el experimento combinado, la media general resultó ser 178,1mm y el CV 4,17%.

***Diámetro de espiga:***

Para la variable *Diámetro de espiga* los híbridos simples evaluados en el ensayo I mostraron valores extremos máximos y mínimos de 50,1mm y 42,2mm, respectivamente. La media general fue de 45,6mm y el desvío estándar fue 1,56. Para el ensayo II, los valores extremos para dicha variable fueron de 55,7 mm y 39, 8 mm, mostrando una media general de 48,5 mm, y un desvío estándar de 1,78. El ensayo combinado resultó, por lo tanto, tener una media general de 47,1 mm, y un CV de 3,56%.

***Número de hileras:***

La variable *Número de hileras* para el ensayo I, presentó valores extremos de 17,8 hileras y 13,7 hileras; la media general fue de 15,5 hileras y el desvío estándar fue 0,53.

Dicha variable presentó para el ensayo II, valores extremos de 17, 5 hileras y 13,2 hileras, con una media general de 15,2 hileras y un desvío estándar de 0,42 %.

Para el ensayo combinado el valor de media general fue de 15,3 hileras, y el CV de 3,14%.

***Peso de 250 granos:***

En el ensayo I, la variable *Peso de 250 granos*, mostró un valor máximo de 79,3 g, y un valor mínimo de 43,9 g; una media general de 63,1 g, y un desvío estándar de 5,01.

En el ensayo 2, dicha variable mostró valores máximos y mínimos de 100,2 g y 68,1 g respectivamente; una media general de 82,4 g, y un desvío estándar de 4,9.

Para el ensayo combinado, la media general para el *Peso de 250 granos* fue de 72,8 g y el CV de 6,85%.

### ***Coefficiente de desgrane:***

Los híbridos simples del ensayo I, mostraron valores máximos de *Coefficiente de desgrane* de 0,81, y valores mínimos de 0,66. La media general fue de 0,81 y el desvío estándar de 0,04.

Dichos híbridos, para el ensayo II, mostraron valores máximos y mínimos de 0,89 y 0,78 respectivamente; una media general de 0,83 y un desvío estándar de 0,02.

Para el experimento combinado, la media general fue de 0,82 y el CV de 3,17%.

### ***Humedad:***

Para la variable *Humedad*, en el ensayo I, se registraron valores máximos y mínimos de 13,43% y 11,60%, respectivamente. La media general fue de 12,7%, y el desvío estándar 0,43.

En el ensayo II, la variable *Humedad* arrojó valores máximos de 14,6% y mínimos de 12,9%. La media general fue de 13,7% y el desvío estándar 0,39.

Para el ensayo combinado, la media general fue 13,2%, y el CV de 3,15%.

### ***Rendimiento por Planta:***

En el ensayo I, se registraron valores máximos de *Rendimiento por Planta* de 221 g/planta y mínimos de 107 g/planta, la media general fue de 147 g/planta y el desvío

estándar fue 0,21.

En el ensayo II los valores máximos y mínimos de *Rendimiento por Planta* registrados fueron 268 g/planta y 131 g/planta, respectivamente. La media general fue de 184 g/planta, y el desvío estándar 0,22.

Para el ensayo combinado, la media general fue 166 g/ planta y el CV fue 12,8%.

En cuanto a los híbridos que más rindieron (Ver ANEXO), en el ensayo I, se destacaron los cruzamientos LP126/LP221; LP122-2/LP179 y B73/LP179, con *Rendimientos por planta* de 221 g, 214 g, y 185 g, respectivamente. En el ensayo II, los tres híbridos destacados fueron LP1513/LP2542; LP2542/LP179 y 4015BT/LP126, presentado *Rendimientos por planta* de 268 g, 231 g y 224 g, respectivamente. En ambos ensayos, los híbridos más rendidores no estuvieron representados por los híbridos testigos comerciales.

**Tabla 7:** Cuadrados Medios y significancia estadística (NS: no significativo; \* significativo al 5%; \*\* significativo al 1%), para cada una de las variables analizadas, correspondientes a los dos ensayos individuales y al ensayo combinado. Prol.: prolificidad; Esp.: espigas; Pl.: planta; Long.: longitud; Diam.: diámetro; Coef.: coeficiente; Hum.: humedad; Rend.: rendimiento.

FUENTE DE VARIACIÓN	ENSAYO	ÍNDICE DE PROL. (esp/pl) <sup>2</sup>	LONG. DE ESP. (mm) <sup>2</sup>	DIÁM. DE ESP. (mm) <sup>2</sup>	Nº DE HILERAS (Hileras) <sup>2</sup>	PESO DE 250 GRANOS (g) <sup>2</sup>	COEF. DE DESGRANE	HUM. (%) <sup>2</sup>	REND/ PLANTA (g) <sup>2</sup>
HÍBRIDOS	I	0,032**	359,423**	8,148**	2,594**	109,025**	0,002**	0,280 <sup>NS</sup>	0,121**
	II	0,020**	329,115**	17,544**	1,883**	104,866**	0,001**	0,287*	0,123**
	COMB.	0,020 <sup>NS</sup>	528,659**	18,989**	4,163**	150,251**	0,003**	0,403**	0,107 <sup>NS</sup>
HÍBRIDOS X AMBIENTE		0,031**	169,658**	6,335**	0,320 <sup>NS</sup>	61,496**	0,001 <sup>NS</sup>	0,161 <sup>NS</sup>	0,130**

En cuanto a la significancia de los cuadrados medios (Tabla 7) se encontraron, tanto para el ensayo I como para el ensayo II, diferencias altamente significativas ( $p \leq 0,01$ ) entre híbridos y para todas las variables analizadas, excepto para la variable *Humedad*, la cual mostró diferencias no significativas ( $p > 0,05$ ) en el ensayo I, y diferencias significativas ( $p \leq 0,05$ ) en el ensayo II.

En el análisis combinado Híbridos, se encontraron diferencias altamente significativas para casi todas las variables, excepto para las variables *Índice de prolificidad* y *Rendimiento*.

La interacción Híbridos por ambiente, resultó altamente significativa para casi todas las variables analizadas, excepto para *Número de hileras*, *Coefficiente de desgrane*, y *Humedad*.

**Tabla 8:** Matriz de coeficientes de correlación lineal (por encima de la diagonal), y su significancia (por debajo de la diagonal), entre las medias de las variables analizadas a través de los ensayos. Prol.: prolificidad; Esp.: espigas; Pl.; planta; Long.: longitud; Diam.: diámetro; Coef.: coeficiente; Hum.: humedad; Rend.: rendimiento.

MEDIAS	DIÁM. DE ESP.	LONG. DE ESP.	Nº DE HILERAS	PESO DE 250 GRANOS	REND/ PLANTA	COEF. DE DESGRANE	ÍNDICE DE PROL.	HUM.	NÚMERO DE GRANOS
DIÁM. DE ESP.	-	0,64	0,80	0,86	0,36	0,36	0,34	0,75	-0,57
LONG. DE ESP.	**	-	0,33	0,91	-0,046	-0,04	-0,06	0,30	-0,67
NÚMERO DE HILERAS	**	*	-	0,60	0,84	0,84	0,83	0,99	-0,18
PESO DE 250 GRANOS	**	**	**	-	0,17	0,17	0,15	0,56	-0,69
REND/ PLANTA	**	NS	**	NS	-	0,99	0,99	0,88	0,26
COEF. DE DESGRANE	**	NS	**	NS	**	-	0,99	0,88	0,22
ÍNDICE DE PROL.	*	NS	**	NS	**	**	-	0,87	0,27
HUM.	**	*	**	**	**	**	**	-	-0,13
NÚMERO DE GRANOS	**	**	NS	**	*	NS	*	NS	-

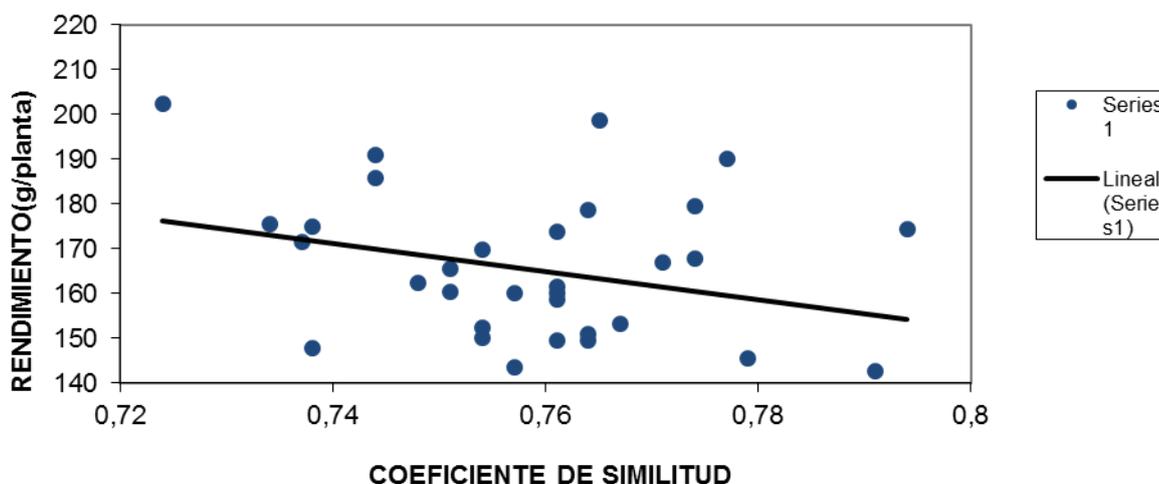
A partir de las correlaciones lineales y su significancia (Tabla 8), se puede decir que el *Rendimiento por Planta* estuvo correlacionado de manera altamente significativa ( $p \leq 0,01$ ) y positiva con el *Diámetro de espiga* (0,36), de la misma manera que con el *Número de hileras* (0,84), el *Coeficiente de desgrane* (0,99), el *Índice de prolificidad* (0,99), y la *Humedad* (0,88). A su vez, el *Rendimiento por Planta* se relacionó de manera no significativa ( $p > 0,05$ ) con el *Longitud de espiga*. En cuanto a los dos componentes numéricos principales del rendimiento, *Número de granos* y *Peso de granos*, el primero se asoció de manera significativa con el rendimiento, y el segundo lo hizo de manera no significativa ( $p > 0,05$ ).

**Tabla 9:** Coeficiente de similitud entre líneas progenitoras (con y sin alelos raros), rendimiento medio sus híbridos simples y grupos de clasificación de las líneas según Structure. Coef.: coeficiente; Rend.: rendimiento.

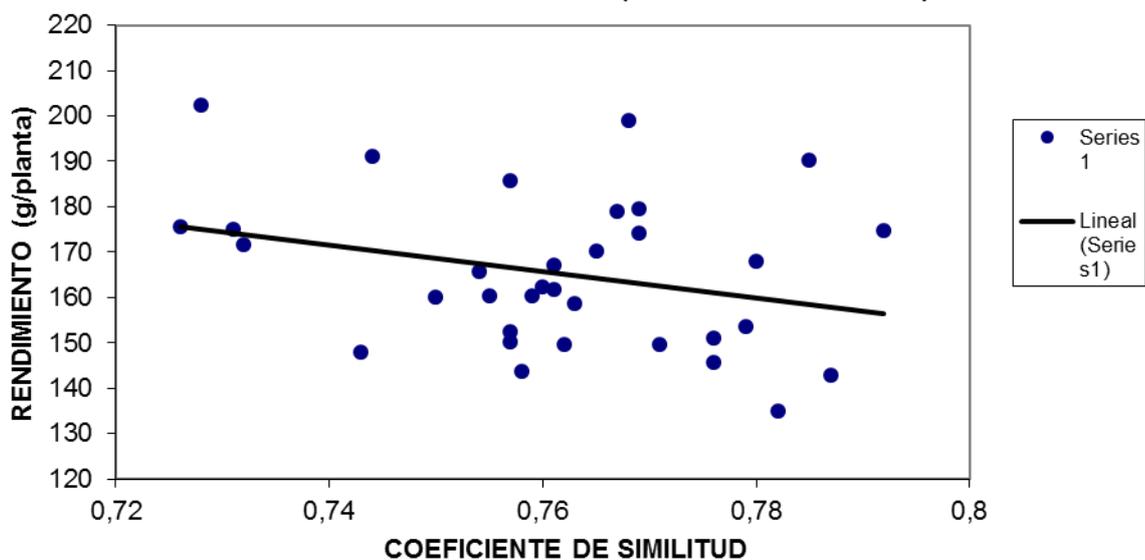
HÍBRIDO	COEF. DE SIMILITUD		CLASIFICACIÓN SEGÚN STRUCTURE	REND/PLANTA (g)
	CON ALELOS RAROS	SIN ALELOS RAROS		
LP122-2/LP179	0,724	0,728	P465/MIXTA	202,4
B73/LP179	0,765	0,768	BS13-BSSS/MIXTA	198,9
LP2542/LP179	0,744	0,744	BS13-BSSS/MIXTA	191
LP1513/LP2542	0,777	0,785	ARGENTINO X CARIBEÑO / BS13-BSSS	190,3
LP661/B73	0,744	0,757	MIXTA/ BS13-BSSS	185,9
LP612/LP2542	0,774	0,769	P465/BS13-BSSS	179,6
LP126/LP179	0,764	0,767	P465/MIXTA	178,9
LP126/LP221	0,734	0,726	P465/ARGENTINO X CARIBEÑO	175,7
LP612/LP126	0,738	0,731	P465/P465	175
LP2542/LP221	0,794	0,792	BS13-BSSS/ARGENTINO X CARIBEÑO	174,6
LP612/LP1513	0,761	0,769	P465/ARGENTINO X CARIBEÑO	174,1
LP612/B73	0,737	0,732	P465/BS13-BSSS	171,7
LP661/LP2542	0,754	0,765	MIXTA/BS13-BSS	170,1
LP613/LP122-2	0,774	0,78	ARGENTINO X CARIBEÑO / P465	168
LP612/LP221	0,771	0,761	P465/ARGENTINO X CARIBEÑO	167,2
LP613/B73	0,751	0,754	ARGENTINO X CARIBEÑO / BS13-BSSS	165,6
LP661/LP126	0,748	0,76	MIXTA/P465	162,4
LP613/LP221	0,761	0,761	ARGENTINO X CARIBEÑO / ARGENTINO X CARIBEÑO	161,8
LP1513/LP221	0,751	0,755	ARGENTINO X CARIBEÑO / ARGENTINO X CARIBEÑO	160,5
LP122-2/LP221	0,761	0,759	P465 / ARGENTINO X CARIBEÑO	160,3
LP612/CMLP	0,757	0,75	P465 /BS13-BSSS	160,1
LP612/LP179	0,761	0,763	P465/ MIXTA	158,7
LP1513/LP179	0,767	0,779	ARGENTINO X CARIBEÑO/ MIXTA	153,5
LP613/LP126	0,754	0,757	ARGENTINO X CARIBEÑO /P465	152,6
LP613/LP1513	0,764	0,776	ARGENTINO X CARIBEÑO/ ARGENTINO X CARIBEÑO	151,2
CMLP/LP179	0,754	0,757	BS13-BSSS/ MIXTA	150,1
LP661/LP221	0,761	0,771	MIXTA/ARGENTINO X CARIBEÑO	149,7
LP612/LP122-2	0,764	0,762	P465/P465	149,6
LP613/LP179	0,738	0,743	ARGENTINO X CARIBEÑO/ MIXTA	147,9
B73/LP221	0,779	0,776	BS13-BSSS/ARGENTINO X CARIBEÑO	145,7
LP613/CMLP	0,757	0,758	ARGENTINO X CARIBEÑO/BS13-BSSS	143,8
CMLP/LP221	0,791	0,787	BS13-BSSS/ ARGENTINO X CARIBEÑO	142,9
LP1513/CMLP	0,774	0,782	ARGENTINO X CARIBEÑO/ BS13-BSSS	134,9

A partir de los datos de coeficiente de similitud entre las líneas progenitoras y rendimiento por planta de los híbridos se construyeron los siguientes gráficos:

**GRÁFICO 1: ASOCIACIÓN ENTRE RENDIMIENTO POR PLANTA DE LOS HÍBRIDOS Y COEFICIENTE DE SIMILITUD ENTRE SUS LÍNEAS PROGENITORAS (CON ALELOS RAROS).**



**GRÁFICO 2: ASOCIACIÓN ENTRE RENDIMIENTO POR PLANTA DE LOS HÍBRIDOS Y COEFICIENTE DE SIMILITUD ENTRE SUS LÍNEAS PROGENITORAS (SIN ALELOS RAROS).**



Los coeficientes de correlación entre el Rendimiento por planta de los híbridos y la similitud entre sus líneas progenitoras fueron  $r = -0,298$  ( $p= 0,10$ ) y  $- 0,295$  ( $p=0,09$ ), considerando la matriz de coeficientes de similitud que incluye y excluye alelos raros, respectivamente.

## **Discusión:**

A partir de los ensayos conducidos en la EEA Pergamino – INTA, se pudo determinar un mayor rendimiento promedio en el ensayo II (184 g/planta), en comparación con el ensayo I (147 g/planta). Las causas de esta situación, pueden atribuirse a las diferentes condiciones edáficas y de fertilidad propias de los lotes en los que se realizaron ambos ensayos, ya que no es posible concluir nada respecto a las condiciones meteorológicas, de temperatura y precipitaciones (Tabla 5) que estuvieron presentes.

El mayor rendimiento promedio registrado en el ensayo II, se vio reflejado, en mayores valores promedios de las variables: *índice de prolificidad, diámetro de espiga, peso de 250 granos, coeficiente de desgrane y humedad*, respecto del ensayo de primera época.

A partir del análisis de los cuadrados medios, puede decirse que todos los cruzamientos de ambos ensayos, presentaron diferencias significativas para todas las variables analizadas asociadas de alguna manera al rendimiento. Por el contrario, para la variable *humedad* sólo hubo diferencias significativas para el ensayo II, y hubo diferencias no significativas en el ensayo I, lo cual puede explicarse, por el tiempo de secado relativamente prolongado de las muestras, que permitió que alcancen humedad de equilibrio.

En Híbridos por ambiente, todas las variables demostraron interacción con el ambiente, a partir de diferencias altamente significativas, excepto las variables, *Número de hileras, Coeficiente de desgrane y humedad*.

En cuanto a los dos componentes numéricos principales del rendimiento, *Número de granos* y *Peso de granos*, el primero se relacionó de manera significativa con el

rendimiento ( $p < 0,05$ ), y el segundo lo hizo de manera no significativa, ( $p > 0,05$ ).

Esto puede deberse a que, de los dos componentes, el *Número de granos maduros* es el que está más estrechamente relacionado con las variaciones en el rendimiento de maíz. Además, en zonas productoras de maíz de clima templado y en condiciones normales de cultivo los granos por lo general alcanzan su peso potencial, quedando definidos los rendimientos por el número de granos que el cultivo fue capaz de fijar (Cirilo y col., 2012).

A partir del cálculo del coeficiente de correlación lineal de Pearson, se puede decir que existe una correlación negativa entre los coeficientes de similitud y el rendimiento, y que dicha correlación no mostró diferencias entre las matrices que incluyeron alelos raros y las que no los incluyeron.

El Coeficiente de Determinación entre rendimiento por planta y coeficientes de similitud entre los padres incluyendo alelos raros, es:

$$R^2 = (-0,98)^2 = 0,09;$$

Y entre rendimiento por planta y coeficientes de similitud entre los padres excluyendo alelos raros es:

$$R^2 = (-0,95)^2 = 0,09$$

El coeficiente de determinación calculado, indica que el 9% de las variaciones en el rendimiento por planta entre híbridos, se debe a la similitud de los padres. Este reducido valor puede ser indicativo que la epistasis podría desempeñar un papel importante en el comportamiento de los híbridos. Esta acción génica ya ha sido señalada como importante en el caso de híbridos de maíz por diversos autores

(Melchinger y col., 2007) y sería causal de limitaciones en la utilidad de las matrices de distancia (o similitud) entre híbridos, ya que éstas se calculan para cada locus en uno y otro padre, con independencia de lo que ocurre en otros loci.

Otra posible causa de la baja asociación encontrada, podría ser el número de marcadores utilizados para obtener medidas de distancia o similitud. El valor de correlación obtenido podría ser mayor, si se aumenta el número de marcadores utilizados, siendo que para que haya una alta correlación entre distancia genética y heterosis, debe utilizarse un gran número de marcadores (Drinic y Konstantinov, 1998).

A su vez, la selección de los marcadores moleculares microsatélites empleados para determinar el grado de similitud genética entre padres, fue realizada de manera arbitraria, es decir, que no se corroboró previamente relación alguna entre dichos marcadores y los caracteres ligados al rendimiento. La ausencia de ligamiento entre dichos marcadores y los genes que involucrados en la generación del rendimiento, sería probablemente otra manera de aumentar el nivel de correlación observado. De acuerdo a Charcosset y col. (1991), la predicción de heterosis basada en marcadores moleculares, va a ser más eficiente si esos marcadores son seleccionados por hallarse relacionados a los alelos implicados en caracteres del rendimiento. Las matrices de similitud asumen que todos los alelos tendrían igual importancia en el control del carácter. Dicho en otros términos, algunas distancias para ciertos loci podrían tener mayor efecto en el rendimiento que otras.

A los efectos de determinar la asociación entre rendimiento y similitud entre los progenitores de los híbridos resulta más conveniente utilizar los coeficientes de similitud obtenidas por Structure, más que la clasificación bayesiana que resumió

dicho programa en tres grupos definidos y un grupo mezcla. Tal aseveración resulta de: si bien los híbridos que más rindieron resultaron del cruzamiento de líneas pertenecientes a diferentes grupos, éstos estuvieron integrados en su mayoría por grupos mixtos. Los grupos mixtos, estuvieron constituidos por líneas con probabilidad máxima de pertenencia a un grupo definido menor al 60%. Esto impide una estimación precisa acerca del nivel de similitud entre una línea perteneciente al grupo mixto y cualquier línea perteneciente a alguno de los grupos definidos.

## **Conclusión:**

Los resultados obtenidos confirman parcialmente la hipótesis planteada respecto de la asociación entre el rendimiento de los cruzamientos y los grupos basados en información de marcadores moleculares, entre los padres de los híbridos. Se sugiere la conveniencia de la utilización de los coeficientes de similitud obtenidos por Structure, y no basarse exclusivamente en el agrupamiento final ya que el proceso de clasificación implica una pérdida de información que en ciertos casos parecería importante.

Se puede decir que la metodología empleada en este trabajo es una herramienta válida para utilizar en la planificación de cruzamientos híbridos, pero de ninguna manera excluyente ya que los resultados sugieren la importancia que la epistasis podría tener en la determinación del rendimiento de los híbridos.

## **Resumen:**

El aumento en el rendimiento del cultivo de maíz (*Zea mays L.*) en las últimas décadas puede atribuirse, en gran medida, al mejoramiento genético. El producto final por excelencia de los programas de mejoramiento de maíz son los cultivares híbridos y cada híbrido experimental debe ser evaluado en numerosos y extensos ensayos de campo que hacen que resulte de gran utilidad disponer de metodologías que permitan predecir el comportamiento de los híbridos.

Los marcadores moleculares de ADN podrían servir para analizar la distancia genética entre genotipos, y de alguna manera poder predecir el rendimiento de los cruzamientos, al menos en términos relativos. Incluso, esta estrategia de selección podría tener mayor eficiencia y precisión que los métodos clásicos de selección.

En el presente trabajo, se realizaron dos ensayos comparativos de rendimiento con un diseño de bloques incompleto, tipo látice 6 x 7 con dos repeticiones.

Se utilizaron treinta y tres híbridos obtenidos a partir de líneas clasificadas mediante el programa STRUCTURE 2.3.3, a partir de marcadores moleculares microsatélites; tres híbridos genéticamente modificados, experimentales y tres híbridos testigos comerciales.

Las variables analizadas fueron: *Índice de prolificidad, Longitud de espiga, Diámetro de espiga, Número de hileras, Número de granos, Peso de 250 granos, Coeficiente de desgrane, Rendimiento por planta y Humedad.*

Se realizaron análisis de varianza (por ensayo y combinado) y se calcularon los coeficientes de correlación lineal de Pearson entre los valores promedios de todas las variables analizadas.

Los resultados obtenidos confirman que existe asociación entre el rendimiento de los

cruzamientos y la similitud (o distancia), calculada a partir de marcadores moleculares microsatélites, entre los padres de los híbridos. Esto permite decir que la metodología empleada en este trabajo podría ser una herramienta válida a desarrollar, para utilizar en la planificación de cruzamientos híbridos. Sin embargo, los resultados sugieren la importancia que la epistasia podría tener en la determinación del rendimiento de los híbridos y por lo tanto, la limitación del uso de matrices de distancia como las utilizadas.

## **Bibliografía:**

**AGROBASE 2000.** Agronomix Software Inc. Winnipeg, Manitoba. Canada.

**ALVAREZ GIL C. M., 2011.** Marker-assisted selection (MAS) in the genetic improvement of tomato (*Solanumlycopersicum L.*). Instituto Nacional de Ciencias agrícolas (INCA).

**BRUCE A. B., 1910.** The mendelian theory of heredity and the argumentation of vigor. Science 32:627-628 pp.

**BORRÁS L. Y OTEGUI M. E., 2001.** Maize kernel weight response to postflowering source sink- ratio. Crop. Science, 41: 1816-1823 pp.

**CAVALLI-SFORZA L.L. Y BODMER W. F., 1971.** Teratology. The genetics of human populations. Freeman, San Francisco. 966 pp.

**CHARCOSSET A., LEFORT-BUSON M. Y GALLAIS A. 1991.** Relationship between heterosis and heterocigosity at marker loci. Theo. Appl. Genet.81: 571-575 pp.

**CIRILO A. G. Y ANDRADE F. H., 1994.** Sowing Date and maize productivity: I. Crop growth and dry matter partitioning. CropSci. 34: 1039-1043 pp.

**CIRILO A. G., ANDRADE F., OTEGUI M., MADDONNI G., VEGA C. Y VALENTINUZ O., 2012.** Bases para el manejo del cultivo de maíz: Ecofisiología del cultivo de maíz. 2: 25-56 pp. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Pergamino, Bs As.

**DRINIC M. Y KONSTANTINOV K., 1998.** Genetic diversity and its relationship to heterosis in maize as revealed by PCR- based marker. Genetika 30: 227-237 pp.

**EAST E. M., 1908.** Inbreeding in corn. Connecticut Agric. Exp. Stn. Rep. 197: 419-428

pp.

**EYHÉRABIDE, G. H., 2012.** Bases para el manejo del cultivo de maíz: Mejoramiento genético del maíz. 3: 57-78 pp. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Pergamino, Bs As.

**FALCONER D. S. Y MACKAY T. F. C., 1996.** Introduction to Quantitative Genetics. Fourth Edition Longman. Essex, England. 254–256 pp.

**FALCONER D. S., 1970.** Introducción a la genética cuantitativa. Traducción al español de F. Marquez S. CECOSA. Méjico, 430 pp.

**FERREIRA M. E. Y GRATTAPAGLIA D., 1996.** Introdução ao uso de Marcadores Moleculares em Análise Genética. Ministerio da Agricultura e do Abastecimento. Brasilia, DF. 2:80 pp.

**GOWEN J. W., 1952.** Heterosis. Iowa State College Press, Ames. 552 pp.

**GOODNIGHT C. J., 1999.** Epistasis and heterosis. The genetics and exploitation of heterosis in crops. Ed. J. G. Coors, S. Pandey. ASA-CSSA; Madison, Wisconsin, EEUU, 6: 66-67 pp.

**HALL A. J., LEMCOFF J. H., TRAPANI N., 1981.** Water stress before and during flowering in maize and its effects on yield, its components, and their determinants. Maydica 26:19-18 pp.

**HALLAUER A. R. Y MIRANDA J. B., 1981.** Quantitative genetics in maize breeding. The Iowa State University Press. Ames. La. 468 pp.

**HALLAUER A. R., RUSSELL W.A., LAMKEY K.R., 1988.** Corn breeding pp. 463-

564 pp. In: G.E Sprague, J. W. Dudley (Eds) Corn and corn improvement 3rd. am. Soc. Agron. Madison WI.

**KANDUS M. V., 2014.** Mejoramiento tradicional del cultivo de maíz. Las herramientas tradicionales no han perdido su vigencia. Página web: [www.inta.gob.ar](http://www.inta.gob.ar). Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.

**KOELREUTER J. G., 1766.** Volaufigen Nachricht von einigen das Geschlecht der Pflanzenv betreffenden Versuchen und Beobachtungen Leipzig.

**LEATH M. N.Y HILL L. D., 1987.** Economics of production, marketing and utilization. En: Corn: Chemistry and Technology. S. A. Watson and P. E. Ramstad eds. AACC. St. Paul Minnesota USA. 201-252 pp.

**MELCHINGER A., UTZ H., PIEPHO H., ZENG Z., Y SCHÖN C. 2007.** Genetics. The role of Epistasis in the Manifestation of Heterosis: A Systems- Oriented approach. 177 (3): 1815-1825 pp. National institute of Health. US.

**MLADENOVIĆ DRINIĆ S., TRIFUNOVIĆ C., DRINIĆ G., KONSTANTINOV K., 2001.** Genetic divergence and its correlation to heterosis in maize as revealed by SSR-BASED markers. Maize Research Institute “ZennonPolje”. 11185 Belgrade, Yugoslavia.

**NATHAN M. Y STUPAR R.M., 2007.** Allelic variation and heterosis in maize: How do two halves more than a whole?. Cargill Center for Microbial and Plant Genomics, Department of Plant Biology, University of Minnesota. St. Paul. Minnesota 55108, USA.

**NEI M. Y LI W. H., 1979.** Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A,

vol.76, 5269-5273 pp.

**OLMOS S., DELUCCHI C., RAVERA M., NEGRI M., MANDOLINO C. Y EYHÉRABIDE G. 2014.** Genetic relatedness and population structure within the public. Argentinean collection of maize inbred lines. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Pergamino, Bs As. Revista Maydica vol. 59.

**ORNELLA L. A., BALZARINI M. G., EYHÉRABIDE G. H., DI RIENZO J. A., 2004.** Predicción de aptitud combinatoria de maíz [*Zea mays L.*] utilizando marcadores moleculares y teoría de modelos lineales mixtos. Universidad de Buenos Aires, Bs As. 58 pp.

**ORTHOEFFER F. T., 1987.** Corn starch modification and uses. En: Corn: Chemistry and Technology. S. A. Watson and P. E. Ramstad eds. AACC. St. Paul, Minnesota, USA. 479-499 pp.

**PALIWAL R. L., GRANADOS G., LAFITTE H. R., VIOLIC A. D. MARATHÉE J. P., 2001.** El maíz en los trópicos: mejoramiento y producción. Introducción al maíz y su importancia. Colección FAO: Producción y Protección Vegetal 28. Organización de las Naciones unidas para la Agricultura y la Alimentación. Roma: 1-3 pp.

**ROONEY L. Y SERNA-SALDIVAR S., 1987.** Food uses of whole corn and dry-milled fractions. En: Corn: Chemistry and Technology. S. A. Watson and P. E. Ramstad eds. AACC. St. Paul, Minnesota, USA. 399-429 pp.

**PRITCHARD J. K., STEPHENS M., DONNELLY P., 2000.** Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155:945–959 pp.

**SCHLATTER A. R. Y EYHERABIDE G., 2008.** Caracterización Molecular de Líneas de Maíz. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria EEA Pergamino. XXXVII Congreso Argentino de Genética. Universidad Nacional del Centro de Buenos Aires. Tandil, Bs As.

**SEDCOLE J. R., 1980.** A Review of the heterosis theories. Departamento de estadística, Snedecor Hall. Universidad del Estado de Iowa. Iowa 50011, USA.

**SHULL, G. H. 1909.** A pure line method of corn breeding. En: American Breeders' Association Report. Vol. 5: 51-59 pp.

**SHULL G. H., 1908.** The composition of a field of maize. American Breeders' Assoc. Rep. 4:296-301 pp.

**SIIA., 2014.** Sistema Integrado de Información Agropecuaria. Dirección Nacional de Información y Mercados. Boletín informativo, abril 2014.

**STUBER C. W., 1999.** Biochemistry, Molecular Biology, and Physiology of Heterosis. The genetics and exploitation of heterosis in crops. Ed. J. G. Coors, S. Pandey. ASA-CSSA; Madison, Wisconsin, EEUU, 16: 173-174 pp.

**TAKEZAKI N. Y NEI M., 2008.** Empirical tests of the reliability of phylogenetic trees constructed with microsatellite DNA. Genetics 178:385-392 pp.

**WATSON S. A., 1988.** Corn marketing, processing and utilization. En : Corn and Corn improvement. G. F. Sprague and W. J. Dudley, eds. American Society of America Inc., Crop Science Society of America. Inc., Soil Society of America, Inc. Madison, Wisconsin, USA. 881-940 pp.

**WILKES H. G., 1985.** Teosinte: the closest relative of maize revisited. *Maydica*, 30:

209-223 pp.

## **Anexo:**

### **1. Ensayo I**

#### **1.1. Análisis de Normalidad**

##### **1.1.1. *Índice de prolificidad***

**Tabla 10.** Análisis de normalidad para la variable *Índice de prolificidad* del ensayo I.

Variable	W	Valor p
ÍNDICE DE PROL.	0,43	<0,0001

##### **1.1.2. *Longitud de espiga***

**Tabla 11.** Análisis de normalidad para la variable *Longitud de espiga* del ensayo I.

Variable	W	Valor p
LONG. DE ESP.	0,98	0,6224

##### **1.1.3. *Diámetro de Espiga***

**Tabla 12.** Análisis de normalidad para la variable *Diámetro de Espiga* del ensayo I.

Variable	W	Valor p
DIÁM. DE ESP.	0,97	0,3676

##### **1.1.4. *Número de hileras***

**Tabla 13.** Análisis de normalidad para la variable *Número de hileras* del ensayo I.

Variable	W	Valor p
NÚM. DE HILERAS	0,95	0,0340

### 1.1.5. *Peso de 250 granos*

**Tabla 14.** Análisis de normalidad para la variable *Peso de 250 granos* del ensayo I.

Variable	W	Valor p
PESO DE 250 GRANOS	0,99	0,9669

### 1.1.6. *Coefficiente de desgrane*

**Tabla 15.** Análisis de normalidad para la variable *Coefficiente de desgrane* del ensayo I.

Variable	W	Valor p
COEF. DE DESGRANE	0,71	<0,0001

### 1.1.7. *Rendimiento por planta*

**Tabla 16.** Análisis de normalidad para la variable *Rendimiento por planta* del ensayo I.

Variable	W	Valor p
RE/ PLANTA	0,92	<0,0001

### 1.1.8. *Humedad*

**Tabla 17.** Análisis de normalidad para la variable *Humedad* del ensayo I.

Variable	W	Valor p
HUMEDAD	0,98	0,6157

## 1.2. Análisis de Varianza (ANOVA).

### 1.2.1. *Índice de prolificidad*

**Tabla 18.** Análisis de variancia para la variable *Índice de prolificidad* del ensayo I.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	0,030	0,030	5,690	0,021
HÍBRIDOS	41	1,312	0,032	5,980	0,000
BLOQUES	12	0,062	0,005		
ERROR EXP.	41	0,220	0,005		
TOTAL	83	1,562			

### 1.2.2. *Longitud de espiga*

**Tabla 19.** Análisis de variancia para la variable *Longitud de espiga* del ensayo I.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	439,772	439,772	5,800	0,021
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	14992,973	365,682	5,980	0,000
BLOQUES	12	1304,168	108,681		
ERROR INTRABLO.	29	1805,580	62,261		
TOTAL	83	18542,493			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		359,423	5,770	0,000

### 1.2.3. *Diámetro de Espiga*

**Tabla 20.** Análisis de variancia para la variable *Diámetro de Espiga* del ensayo I.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	7,863	7,863	2,98	0,0918
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	339,845	8,289	5,98	0,000
BLOQUES	12	45,387	3,782		
ERROR INTRABLO.	29	62,795	2,165		
TOTAL	83	455,890			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		8,148	3,76	0,0002

#### 1.2.4. Número de hileras

**Tabla 21.** Análisis de variancia para la variable *Número de hileras* del ensayo I.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	0,225	0,225	0,770	0,386
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	107,075	2,612	5,980	0,000
BLOQUES	12	4,468	0,372		0,747
ERROR INTRABLO.	29	7,575	0,261		
TOTAL	83	119,344			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		2,594	9,930	0,000

#### 1.2.5. Peso de 250 granos

**Tabla 22.** Análisis de variancia para la variable *Peso de 250 granos* del ensayo I.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	152,550	152,550	5,880	0,020
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	4500,443	109,767	5,980	0,000
BLOQUES	12	392,706	32,726		
ERROR INTRABLO.	29	671,723	23,163		
TOTAL	83	5717,423			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		109,025	4,710	0,000

### 1.2.6. Coeficiente de desgrane

**Tabla 23.** Análisis de variancia para la variable *Coeficiente de desgrane* del ensayo I.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	0,000	0,000	0,700	0,747
HÍBRIDOS	41	0,100	0,002	2,050	0,023
BLOQUES	12	0,010	0,000		
ERROR INTRABLO.	29	0,030	0,000		
TOTAL	83	0,140			

### 1.2.7. Rendimiento por planta

**Tabla 24.** Análisis de variancia para la variable *Rendimiento por planta* del ensayo I.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	0,475	0,475	10,270	0,003
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	5,037	0,123	5,980	0,000
BLOQUES	12	0,756	0,063		0,747
ERROR INTRABLO.	29	1,140	0,039		
TOTAL	83	7,407			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		0,012	3,070	0,001

### 1.2.8. *Humedad*

**Tabla 25.** Análisis de variancia para la variable *Humedad* del ensayo I.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	3,814	3,814	20,170	0,000
HÍBRIDOS	41	11,498	0,280	1,480	0,106
BLOQUES	12	2,183	0,182		
ERROR INTRABLO.	29	7,753	0,189		
TOTAL	83	23,065			

### 1.3. Rendimientos por planta medio de cada híbrido.

**Tabla 26.** Rendimientos por planta medios de cada híbrido del ensayo I.

CÓDIGO	HÍBRIDO	RENDIMIENTO (g)	CÓDIGO	HÍBRIDO	RENDIMIENTO (g)
3	LP126/LP221	221	33	LP612/LP179	146
8	LP122-2/LP179	214	41	TESTIGO 2	144
13	B73/LP179	185	24	LP661/LP221	144
7	LP126/LP179	179	36	4015BT X LP126	142
39	4015BT X LP126	172	34	4015BT XLP122-2	140
15	LP612/LP126	169	19	LP613/LP221	140
25	LP661/B73	166	29	LP612/CMLP	139
40	TESTIGO 1	164	2	LP1513/LP221	136
11	LP2542/LP221	157	12	CMLP/LP179	134
22	LP612/LP221	156	9	B73/LP221	133
26	LP612/B73	155	18	LP613/LP1513	131
42	TESTIGO 3	152	38	4015BT X LP661	131
21	LP612/LP151	152	10	CMLP/LP221	130
14	LP2542/LP179	151	4	LP1513/LP179	129
37	4015BT XLP122-2	151	32	LP613/CMLP	128
30	LP661/LP2542	150	1	LP122-2/LP221	120
27	LP613/B73	150	16	LP126/122-2	118
20	LP661/LP126	149	5	LP1513/CMLP	116
28	LP613/LP179	148	17	LP613/LP126	115
31	LP612/LP2542	148	6	LP1513/LP2542	112
23	LP613/LP122-2	147	35	4015BT X LP661	107

## 2. Ensayo II

### 2.1. Análisis de Normalidad

#### 2.1.1. *Índice de prolificidad*

**Tabla 27.** Análisis de normalidad para la variable *Índice de prolificidad* del ensayo II.

Variable	W	Valor p
ÍNDICE DE PROL.	0,97	0,195

#### 2.1.2. *Longitud de espiga*

**Tabla 28.** Análisis de normalidad para la variable *Longitud de espiga* del ensayo II.

Variable	W	Valor p
LONG. DE ESP.	0,97	0,4744

### 2.1.3. *Diámetro de Espiga*

**Tabla 29.** Análisis de normalidad para la variable *Diámetro de Espiga* del ensayo II.

Variable	W	Valor p
DIÁM. DE ESP.	0,99	0,9703

### 2.1.4. *Número de hileras*

**Tabla 30.** Análisis de normalidad para la variable *Número de hileras* del ensayo II.

Variable	W	Valor p
NÚM. DE HILERAS	0,97	0,1950

### 2.1.5. *Peso de 250 granos*

**Tabla 31.** Análisis de normalidad para la variable *Peso de 250 granos* del ensayo II.

Variable	W	Valor p
PESO DE 250 GRANOS	0,97	0,3648

### 2.1.6. *Coeficiente de desgrane*

**Tabla 32.** Análisis de normalidad para la variable *Coeficiente de desgrane* del ensayo

II.

Variable	W	Valor p
COEF. DE DESGRANE	0,93	<0,0001

### 2.1.7. Rendimiento por planta

**Tabla 33.** Análisis de normalidad para la variable *Rendimiento por planta* del ensayo II.

Variable	W	Valor p
REND/ PLANTA	0,96	0,0430

### 2.1.8. Humedad

**Tabla 34.** Análisis de normalidad para la variable *Humedad* del ensayo II.

Variable	W	Valor p
HUMEDAD	0,95	0,0088

## 2.2. Análisis de Varianza (ANOVA).

### 2.2.1. Índice de prolificidad

**Tabla 35.** Análisis de variancia para la variable *Índice de prolificidad* del ensayo II.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	0,000	0,000	0,37	0,5467
HÍBRIDOS	41	0,780	0,02	9,92	0,0001
ERROR EXP.	41	0,08	0,002		
TOTAL	83	0,860			

### 2.2.2. Longitud de espiga

Tabla 36. Análisis de variancia para la variable *Longitud de espiga* del ensayo II.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	528,004	528,004	12,270	0,001
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	13576,412	331,132		
BLOQUES	12	744,800	62,067		
ERROR INTRABLO.	29	1019,006	35,138		
TOTAL	83	15868,222			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		329,115	9,370	0,000

### 2.2.3. Diámetro de Espiga

Tabla 37. Análisis de variancia para la variable *Diámetro de Espiga* del ensayo II.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	1,547	1,547	0,490	0,488
HÍBRIDOS	41	719,318	17,544	5,540	0,000
BLOQUES	12	37,280	3,094		
ERROR INTRABLO.	41	129,743	3,164		
TOTAL	83	850,608			

### 2.2.4. Número de hileras

**Tabla 38.** Análisis de variancia para la variable *Número de hileras* del ensayo II.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	0,071	0,071	0,370	0,547
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	77,992	1,902	5,540	0,000
BLOQUES	12	3,201	0,267		
ERROR INTRABLO.	29	4,665	0,161		
TOTAL	83	85,929			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		1,883	11,710	0,000

### 2.2.5. *Peso de 250 granos*

**Tabla 39.** Análisis de variancia para la variable *Peso de 250 granos* del ensayo II.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	69,852	69,852	2,850	0,099
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	4.300,248	104,884	5,540	0,000
BLOQUES	12	304,048	25,337		
ERROR INTRABLO.	29	700,480	24,154		
TOTAL	83	5.374,628			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		104,866	4,340	0,000

### 2.2.6. *Coefficiente de desgrane*

**Tabla 40.** Análisis de variancia para la variable *Coefficiente de desgrane* del ensayo II.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	0,000	0,000	0,22	0,6394
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	0,043	0,001	5,54	0
BLOQUES	12	0,005	0,000		
ERROR INTRABLO.	29	0,008	0,000		
TOTAL	83	0,056			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		0,001	3,97	0,0001

### 2.2.7. Rendimiento por planta

**Tabla 41.** Análisis de variancia para la variable *Rendimiento por planta* del ensayo II.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	0,102	0,102	2,190	0,147
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	5,057	0,123		
BLOQUES	12	0,613	0,051		
ERROR INTRABLO.	29	1,302	0,045		
TOTAL	83	19,266			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		0,123	2,750	0,003

### 2.2.8. Humedad

**Tabla 42.** Análisis de variancia para la variable *Humedad* del ensayo II.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pf > F
REPETICIONES	1	1,063	1,063	6,780	0,013
HÍBRIDOS (No ajustado)	41	11,770	0,287		
BLOQUES	12	2,001	0,167		
ERROR INTRABLO.	29	4,432	0,153		
TOTAL	83	19,266			
HÍBRIDOS (Ajustado)	41		0,287	1,880	0,039

### **2.3. Rendimientos por planta medios de cada híbrido**

**Tabla 43.** Rendimientos por planta medios de cada híbrido del ensayo II.

<b>CÓDIGO</b>	<b>HÍBRIDO</b>	<b>RENDIMIENTO (g)</b>	<b>CÓDIGO</b>	<b>HÍBRIDO</b>	<b>RENDIMIENTO (g)</b>
6	LP1513/LP2542	268	27	LP613/B73	182
14	LP2542/LP179	231	15	LP612/LP126	181
36	4015BT X LP126	224	29	LP612/CMLP	181
13	B73/LP179	212	16	LP126/122-2	181
31	LP612/LP2542	211	7	LP126/LP179	179
42	TESTIGO 3	210	22	LP612/LP221	179
25	LP661/B73	206	4	LP1513/LP179	178
40	TESTIGO 1	203	35	4015BT X LP661	178
1	LP122-2/LP221	201	20	LP661/LP126	175
21	LP612/LP1513	196	33	LP612/LP179	171
41	TESTIGO 2	196	18	LP613/LP1513	171
11	LP2542/LP221	192	12	CMLP/LP179-1	166
37	4015BT XLP122-2	191	32	LP613/CMLP	159
8	LP122-2/LP179	190	9	B73/LP221	158
30	LP661/LP2542	190	10	CMLP/LP221	156
17	LP613/LP126	190	24	LP661/LP221	155
23	LP613/LP122-2	189	38	4015BT X LP661	155
34	4015BT XLP122-2	189	39	4015BT X LP126	154
26	LP612/B73	188	5	LP1513/CMLP	154
2	LP1513/LP221	185	28	LP613/LP179	148
19	LP613/LP221	184	3	LP126/LP221	131

### **3. Ensayo Combinado.**

#### **3.1. Análisis de Varianza (ANOVA).**

##### ***3.1.1. Índice de prolificidad***

**Tabla 44.** Análisis de variancia para la variable *Índice de prolificidad* del ensayo combinado.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pr>F
AMBIENTES	1	9,7	9,7	621,47	0
REPETICIONES (AMBIENTE)	1	0,03	0,03		
HÍBRIDOS	41	0,8	0,02	0,63	0,95
HÍBRIDOS X AMBIENTE	41	1,28	0,03	8,67	0
ERROR COMB.	82	0,3	0		
TOTAL	166	12,11			

### 3.1.2. Longitud de espiga

**Tabla 45.** Análisis de variancia para la variable *Longitud de espiga* del ensayo combinado.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pr>F
AMBIENTES	1	38,86	38,86	0,08	0,8
REPETICIONES (AMBIENTE)	1	967,78	967,78		
HÍBRIDOS	41	21675,02	528,66	3,12	0
HÍBRIDOS X AMBIENTE	41	6955,96	169,66	3,08	0
ERROR COMB.	82	4513,58	55,04		
TOTAL	166	34151,2			

### 3.1.3. Diámetro de espiga

**Tabla 46.** Análisis de variancia para la variable *Diámetro de espiga* del ensayo combinado.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pr>F
AMBIENTES	1	352,35	352,35	74,89	0,03
REPETICIONES (AMBIENTE)	1	9,41	9,41		
HÍBRIDOS	41	778,54	18,99	3	0
HÍBRIDOS X AMBIENTE	41	259,72	6,34	2,26	0
ERROR COMB.	82	230,03	2,81		
TOTAL	166	1630,05			

### 3.1.4. Número de hileras

**Tabla 47.** Análisis de variancia para la variable *Número de hileras* del ensayo combinado.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pr>F
AMBIENTES	1	3	3	20,26	0,05
REPETICIONES (AMBIENTE)	1	0,3	0,3		
HÍBRIDOS	41	170,68	4,16	12,99	0
HÍBRIDOS X AMBIENTE	41	13,14	0,32	1,38	0,11
ERROR COMB.	82	19,06	0,23		
TOTAL	166	206,17			

### 3.1.5. Peso de 250 granos

**Tabla 48.** Análisis de variancia para la variable *Peso de 250 granos* del ensayo combinado.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pr>F
AMBIENTES	1	15741,23	15741,23	141,56	0.0070
REPETICIONES (AMBIENTE)	1	222,4	222,4		
HÍBRIDOS	41	6061,29	150,25	2,44	0
HÍBRIDOS X AMBIENTE	41	2521,33	61,5	2,48	0
ERROR COMB.	82	2036,71	24,82		
TOTAL	166	26681,97			

### 3.1.6 Coeficiente de desgrane

**Tabla 49.** Análisis de variancia para la variable *Coeficiente de desgrane* del ensayo combinado.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pr>F
AMBIENTES	1	0,03	0,03	206,1	0
REPETICIONES (AMBIENTE)	1	0	0		
HÍBRIDOS	41	0,11	0	4,14	0
HÍBRIDOS X AMBIENTE	41	0,03	0	0,98	0,51
ERROR COMB.	82	0,06	0		
TOTAL	166	0,22			

### 3.1.7. Rendimiento por planta

**Tabla 50.** Análisis de variancia para la variable *Rendimiento por planta* del ensayo combinado.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pr>F
AMBIENTES	1	5,84	5,84	20,25	0,05
REPETICIONES (AMBIENTE)	1	0,58	0,58		
HÍBRIDOS	41	4,37	0,11	0,82	0,76
HÍBRIDOS X AMBIENTE	41	5,33	0,13	2,88	0
ERROR COMB.	82	3,7	0,05		
TOTAL	166	19,82			

### 3.1.8. *Humedad*

**Tabla 51.** Análisis de variancia para la variable *Humedad* del ensayo combinado.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	F	Pr>F
AMBIENTES	1	44,28	44,28	18,16	0,05
REPETICIONES (AMBIENTE)	1	4,88	4,88		
HÍBRIDOS	41	16,52	0,4	2,5	0
HÍBRIDOS X AMBIENTE	41	6,61	0,16	0,93	0,59
ERROR COMB.	82	14,17	0,17		
TOTAL	166	86,46			