



UNIVERSIDAD DE GUADALAJARA

Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias

**Determinación del número óptimo
de probadores para una eficiente
selección en híbridos de Maíz (*Zea
mays L.*)**

**Tesis
que para obtener el grado de
Maestro en Ciencias en Biosistemática
y Manejo de Recursos Naturales y
Agrícolas**

**Presenta
Adán Rojas Avendaño**

**DIRECTOR
Dr. José Ron Parra**

Zapopan, Jalisco

7 de Diciembre del 2012



UNIVERSIDAD DE GUADALAJARA

Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias

Determinación del Número Óptimo de Probadores Para Una Eficiente
Selección en Híbridos de Maíz. (*Zea Mays L.*)

Por

Adán Rojas Avendaño

Maestro en Ciencias en Biosistemática y Manejo de Recursos
Naturales y Agrícolas

Aprobado por:

Dr. José Ron Parra
Director de Tesis e integrante del Jurado

30/11/2012

Fecha

M.C. José Rafael Gómez González
Co-Director externo y Asesor del Comité Particular
e integrante del Jurado

30/11/2012

Fecha

Dr. José de Jesús Sánchez González
Asesor del Comité Particular e integrante del Jurado

30/11/2012

Fecha

Dr. Lino de la Cruz Larios
Asesor e integrante del Jurado

30/11/2012

Fecha

Dr. Moisés Martín Morales Rivera
Asesor e integrante del Jurado

30/11/12

Fecha

DEDICATORIA

A mis Padres:

Petronila Avendaño y Porfirio Rojas; los cuales me han brindado su gran amor incondicionalmente, además de darme una formación pero sobre todo que son un gran ejemplo de compromiso y perseverancia lo cual me ha inspirado a seguir adelante.

A mis dos mujeres, Esposa e Hija:

Zihomara Alvarez Salas y Danna Michelle; son parte vital en mi, y que hacen que las cosas sean mas fáciles de llevar; me inspiran e infunden aliento para continuar en mi vida profesional y que de una manera u otra se han portado a la altura sacrificando parte de su tiempo para que yo pueda lograr mis metas. Las amo mucho.

A mis Hermanos:

Francisco, Rigoberto, Zoila, Lucy, Samuel, Ely y Selene; por su colaboración y ayuda en parte de mi formación como profesionista, se les quiere y aprecia.

En el transcurso del camino hay muchas personas que nos forjan y ayudan sin pedir nada a cambio, y que si las nombráramos por sus nombres creo que no cabrían en un libro; mil gracias por ese grano de arena que hace la diferencia.

AGRADECIMIENTOS

Doy gracias al Ser divino, que me a dado la vida, que me da la fortaleza para seguir adelante y lograr lo que me he propuesto.

A mi segunda casa, Monsanto y al mejor equipo de Investigación que he conocido: tanto profesional como en persona, Diego Diz, Manuel Oyervides, Humberto Gutiérrez, Armando Rodríguez, José Gómez, Juan Cruz, Isidro Alvarez, Carlos Leon, Eduardo Hernández, Salvador Garcia y Bing Liu; su apoyo incondicional como profesionistas y amigos, que fueron parte importante en la decisión de seguir estudiando y que de una forma u otra me brindaron su tiempo que es un recurso invaluable y su experiencia acumulada de muchos años.

A José Gómez y su gran equipo de evaluación liderado por Francisco Aceves, gracias por el apoyo en la conducción de este experimento y por la aportación de información para llevar a cabo este proyecto.

A la Universidad de Guadalajara, especialmente al Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias por la oportunidad de me han brindado en realizar este proyecto y sobre todo la formación académica recibida.

Al Dr. Fernando Santa Cruz Ruvalcaba, por brindarme la oportunidad de llevar a cabo mi formación en la Universidad de Guadalajara.

Al Dr. José Ron Parra por sus aportaciones valiosas en esta investigación y su tiempo dedicado tanto en el aula como la revisión de esta tesis.

Al Dr. José de Jesús Sánchez González, que me ha brindado su confianza y sus aportaciones a este trabajo, así mismo su valioso tiempo que ha dedicado en la revisión puntual de la tesis.

A los Drs. Lino de La Cruz Larios, Moisés Martín Morales Rivera por su aporte durante mi estancia en la Universidad y por su apoyo en la asesoría en este trabajo.

A todos los maestros del programa de Posgrado en Ciencias Agrícolas y Pecuarias; por su compromiso y pasión para forjar ciudadanos responsables y preparados para un mejor futuro de México.

A las Secretarias, Ana, Jury y Carmen, por su apoyo durante mi estancia en la maestría, mil gracias.

RESUMEN

El seleccionar el mejor o los mejores probadores juega un papel importante en el éxito de programas de desarrollo de híbridos, debido a que ayuda a detectar las líneas en etapas tempranas de endocria que potencialmente se estarían utilizando para generar los nuevos híbridos. En este trabajo, los objetivos fueron 1) el cálculo de Aptitud Combinatoria General (ACG) en cruzas de prueba de 142 líneas (L) S_1 utilizando 6 probadores (T), 2) determinar el número óptimo de probadores para evaluar un gran número de líneas de diverso origen genético en etapas tempranas de endocria y 3) cual es el mejor probador en base a la selección de las líneas. Un total de 2,632 cruzas de prueba fueron evaluadas (LXT1) preliminarmente, de donde se seleccionaron las mejores 200 líneas en base a su rendimiento y datos agronómicos de sus cruzas, de las cuales se desarrollo este trabajo. Las 200 líneas fueron cruzadas con seis probadores; se cosecharon 852 cruzas las cuales se evaluaron en cinco localidades del estado de Sinaloa en el ciclo Otoño-Invierno del año 2009-2010 para las variables rendimiento de grano e Índice de Selección, utilizando el diseño bloques al azar. Se encontraron diferencias altamente significativas entre (L) en ACG, para rendimiento entre probadores y localidades, la interacción LXT no fue significativa, indicando que los probadores discriminan igual y cualquiera de ellos puede usarse como probador para las variables rendimiento, humedad y acame no así para índice de selección. Las correlaciones del rendimiento de las líneas a través de probadores muestran significancia alta, las correlaciones del T1 en el primer año vs el segundo año no fue significativa; el cálculo del mejor predictor lineal insesgado o BLUP, mostró ser muy útil en la selección de las mejores líneas, ya que la discriminación a través de probadores fue notoria, además que toma en cuenta los efectos genéticos de las líneas, elimina el efecto de los probadores y la variación ambiental. El número óptimo de probadores de acuerdo al análisis de correlación en este estudio son dos; el T3 es el mejor, debido a que muestra una alta correlación con respecto a la media general de los probadores de 0.657.

ABSTRAC

The success in the preliminary phases of a hybrid corn development program is the choice of a tester(s) to evaluate the performance in hybrid combination and the relative General Combining Ability (GCA) of large number of new inbred lines in the early stages of inbreeding and identification of inbred that have genetic potential to contribute superior yield and agronomic performance to new hybrids. The choice of tester(s) is an import decision. The objectives of the present study were 1) To test and determinate general combining ability of 142 S₁ new lines (L) crossed to six common testers (T); 2) To determine the optimum number of testers to evaluate a large number of lines of different origin in early stages of inbreeding and 3) to identify which is the best tester according to the selected lines. Preliminarily a total of 2,632 test crosses were evaluated (LXT1).Based on yield and agronomic information 200 best lines were selected. The 200 selected lines were crossed to six testers generating 852 crosses. These 852 hybrid combinations were evaluated within a randomized block design at five localities of Sinaloa state during the 2009-2010 autumn-winter season to estimate harvested yield grain and selection index. Highly significant differences in GCA for grain yield were found among (L), (T) and localities. LXT interaction was not significant, indicating that any one of the testers used discriminate effectively among the materials under test for the variables of yield, moisture and lodging but, not for selection index. Consequently any line used as tester can be used to measure of GCA. The correlations of yield performance of the lines through testers show high significance. The rank correlation of the T1 in the first year vs. the second year was not significant. The calculation of the best linear unbiased predictor or BLUP, proved to be very useful in the selection of the best lines, since the discrimination through testers was notorious. BLUP also takes into account the genetic effects of the lines and eliminates the effect of the testers and environmental variation. Correlation analysis of this study suggest to use 2 testers as optimum number, being T3 the best, since it shows a high correlation with respect to the overall average of testers 0.657.

ÍNDICE

RESUMEN	I
ABSTRAC	II
ÍNDICE	III
LISTA DE CUADROS	V
LISTA DE CUADROS DEL APÉNDICE	VIII
LISTA DE FIGURAS	VIII
I. INTRODUCCIÓN	1
1.1 Objetivos	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA	4
2.1 Breve reseña del mejoramiento de plantas.	4
2.2 Mejoramiento poblacional	7
2.3 Mejoramiento de líneas puras, evaluación en híbridos.	9
2.3.1 Simbología	12
2.4 Probadores y cruzas de prueba	13
2.5 Aptitud Combinatoria	18
2.6 Mejor predictor lineal insesgado o BLUP (Best Linear Unbiased Predictor)	20
III. MATERIALES Y MÉTODOS	22
3.1 Material genético.	22
3.2 Sitios de estudio	27
3.3 Variables medidas	27

3.4 Manejo agronómico	29
3.5 Diseño experimental	30
3.6 Análisis estadístico	30
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.	35
4.1 Análisis de varianza.	35
4.1.1 Aptitud Combinatoria General.	41
4.2 Probadores.	49
V. CONCLUSIONES.	57
VI. BIBLIOGRAFÍA.	58
VII. APÉNDICE.	64

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Métodos o procedimientos de selección de maíz que se han propuesto y utilizado para el desarrollo de línea pura y mejoramiento poblacional.	8
Cuadro 2. Coeficiente de similaridad estimada entre probadores.	23
Cuadro 3. Materiales utilizados en el segundo ciclo de evaluación, que fueron cruzados con 6 probadores incluyendo el probador utilizado un año anterior.	24
Cuadro 4. Localidades y fechas de siembra utilizadas en el Ciclo otoño-invierno 2009-2010 en el Estado de Sinaloa.	27
Cuadro 5. Principales aplicaciones durante la etapa de desarrollo del cultivo en el ciclo otoño-invierno 2009-2010.	29
Cuadro 6. Número de correlaciones posibles agrupando probadores.	32
Cuadro 7. Análisis de varianza para las diferentes características evaluadas en el ciclo otoño-invierno del año 2009-2010.	35
Cuadro 8. Análisis de varianza para líneas a través de localidades por probador.	36
Cuadro 9. Coeficientes de variación para líneas a través de localidades por probador.	37

Cuadro 10. Rendimiento y clasificación de cada una de las líneas por probador (T) a través de 5 localidades de evaluación.	38
Cuadro 11. Media de cada uno de los probadores a través de repeticiones para las diferentes características evaluadas.	41
Cuadro 12. MPLI en porcentaje para aptitud combinatoria general de las líneas S ₁ , para las diferentes características.	44
Cuadro 13. MPLI para Aptitud Combinatoria General de cada uno de los probadores, para las diferentes características	49
Cuadro 14. Coeficiente de correlación entre medias para rendimiento de grano, con diferente número de probadores y sus combinaciones posibles.	51
Cuadro 15. Coeficiente de correlación entre medias del índice de selección, con diferente número de probadores y sus combinaciones posibles.	51
Cuadro 16. Coeficiente de correlación entre los efectos del MPLI del índice de selección, con los diferentes probadores y sus combinaciones posibles.	53
Cuadro 17. Las mejores Líneas en cruzas de prueba, seleccionadas por diferentes probadores a través de todos los ambientes por índice de selección.	54

Cuadro 18. Coeficiente de correlación usando las mejores 17 líneas, entre los efectos del MPLI del índice de selección, con los diferentes probadores.

56

LISTA DE CUADROS DEL APÉNDICE

Cuadro A1. Aptitud Combinatoria General, Línea por probador por localidad.	64
Cuadro A2. Efectos del mejor predictor lineal insesgado para ACG, utilizando la variable índice de selección.	65
Cuadro A3. Calculo de ACG por el método del mejor predictor lineal insesgado, para líneas a través de probadores para cada una de las variables.	68
Cuadro A4. Correlaciones posibles para índice de selección, para todas las combinaciones posibles de los probadores.	72

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Proceso general del desarrollo de líneas, producción de cruizas de prueba y proceso de evaluación, llevado a cabo en este experimento.	26
Figura 2. Efectos de ACG utilizando el mejor predictor lineal insesgado, basado en el modelo de efectos mixtos.	48

I. INTRODUCCIÓN

El mejoramiento genético de maíz ha tenido una evolución constante en el último siglo; a inicios del siglo XX los mejoradores se enfocaban principalmente en la selección visual de las plantas, considerando un solo progenitor y sin llevar un control parental, con la finalidad de generar variedades de polinización libre; la ganancia en rendimiento era de tasas muy bajas. Posteriormente surge la idea de generar líneas por medio del método de pedigrí aplicando un proceso de endogamia al material deseado, seguido de un cruzamiento con su contraparte endogámica lo cual a la siguiente generación mostraba un rendimiento mayor comparado con las líneas originales. El número de líneas generadas era reducido y para llevar a cabo la evaluación se hacían cruza dialélicas (cruzas posibles entre líneas) para obtener un número razonable de híbridos a evaluar.

En el mejoramiento genético de plantas siempre a sido imprescindible utilizar los recursos de una manera eficiente, razón por la cual es necesario desarrollar estrategias eficientes para poder desarrollar, evaluar e identificar genotipos al menor costo posible, además de medir o monitorear periódicamente la ganancia genética obtenida en un periodo de tiempo dado (Fehr 1987), a medida que se incrementó el número de líneas en los programas de mejoramiento en maíz, se tornó más difícil la evaluación de las mismas debido al gran número de híbridos que se tendrían que evaluar y gran número de ellos con un bajo comportamiento. Con la introducción de la tecnología de doble haploides (DH), el número de líneas DH generadas por ciclo ha venido en gran medida incrementándose comparado con líneas desarrolladas a través del sistema convencional de autofecundación recurrente (Gallais y Bordes, 2007).

Por otro lado la replicación de ensayos de progenies ha venido a incrementar la ganancia genética en los cultivos como el maíz y también ha

habilitado a los mejoradores para tener un mejor entendimiento de la interacción Genotipo-Ambiente (G*A) en la selección y mejoramiento. En la actualidad existen innumerables métodos, diseños y modelos para dar soporte a las decisiones que se deben de tomar en los programas de mejoramiento y lograr mayor eficiencia balanceando ganancia en rendimiento y selección de genotipos sobresalientes.

La identificación precisa de los genotipos superiores en el mejoramiento de las poblaciones sigue siendo el objetivo principal de los mejoradores de maíz. Un procedimiento de evaluación ideal, sería aquel que permitiera hacer una identificación positiva de los genotipos elite al comienzo de un esquema de mejoramiento (líneas S_1) con el mínimo costo posible; esto ayudaría a descartar material poco prometedor en etapas tempranas y concentrarse en la proporción de material prometedor (Leo, 1968). La evaluación del comportamiento de cruzas de prueba es el primer criterio de selección en un programa de mejoramiento de maíz; el cálculo de Aptitud Combinatoria General (ACG) y Aptitud Combinatoria Específica (ACE) ha venido a ser uno de los parámetros importantes para seleccionar las mejores líneas, además en la mayoría de los programas de mejoramiento de maíz, existen varias opciones de líneas puras elite para utilizar como probadoras sin embargo, es necesario conocer cual de estas muestran mayor estabilidad para discriminar nuevas líneas a través de la diversidad genética que exista en los programas.

Un probador deseable se puede definir como aquel que combina la mayor simplicidad en uso, con la máxima información sobre el comportamiento que se espera de las líneas en prueba cuando también estas son usadas en otras combinaciones o evaluadas en otros ambientes, aunque es muy difícil que un solo probador pueda tener todas estas características (Rawlings y Thompson 1962).

De acuerdo a lo anterior, el presente trabajo plantea los siguientes objetivos:

1.1 Objetivos

- Determinar la Aptitud Combinatoria General de 142 líneas S_1 mediante cruza de prueba, generadas con 6 probadores de reducida base genética; utilizando el método de BLUP (Best Linear Unbiased Prediction por sus siglas en Inglés) o Mejor Predictor Lineal Inssegado.
- Determinar el número óptimo de probadores mediante prueba de correlaciones en la evaluación de líneas S_1 .
- Identificar cual es el mejor probador en base a la selección de las líneas.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1 Breve reseña del mejoramiento de plantas.

Nuestros antepasados domesticaron los cultivos que actualmente conocemos, basándose en la selección por el fenotipo de la hembra, utilizando la selección visual; los domesticadores esencialmente inventaron la agricultura y transformaron la civilización humana de ser cazadores nómadas a un estilo de vida sedentaria. De acuerdo a la sociedad de nuestros antepasados, es muy probable que los primeros mejoradores de plantas que existieron fueran las mujeres, mientras que el hombre se dedicaba a la cacería. Hace miles de años, sin ninguna comprensión de la genética y con el poder de selección visual, nuestra madre ancestral creó la base de germoplasma para la producción moderna de los alimentos. Tan profunda fue la importancia del maíz a principios de las civilizaciones Sudamericanas que se le dio un significado religioso con mucho peso. Es casi imposible imaginar el mundo moderno sin maíz domesticado, que se utiliza directa o indirectamente para producir gran parte de la comida en nuestras mesas, así como para generar combustible. Una vez domesticado el maíz, fue distribuido de su centro de origen a todo el mundo para alimentar y ser mejorado por todos los agricultores del mundo (Kendall y Lee, 2006).

En el mejoramiento de plantas han surgido grandes investigadores que han hecho historia con sus descubrimientos o propuestas, quizá a inicio de este siglo, había mucha polémica en sus metodologías sin embargo en la actualidad han mostrado ser de mucha utilidad y son las bases de muchos programas de mejoramiento.

A finales del siglo XIX, el mejoramiento era de tipo poblacional, en Estados Unidos, las variedades de polinización libre estaban en su apogeo, la selección era visual, el incremento en rendimiento de tasas muy bajas. Muchos de los agricultores se dedicaban a mejorar su propia semilla; sin embargo esta etapa de mucho esfuerzo en la selección de caracteres de alta heredabilidad sirvió para diferenciar o crear patrones heteróticos sin ser planeado (Troyer, 2009).

Es cierto que Darwin delineó los principios científicos de la hibridación y la selección. Mientras fue Mendel quien definió la asociación fundamental entre el genotipo y el fenotipo. Por medio de sus teorías fue posible hacer mejoramiento con un enfoque científico a inicios del siglo XX. Por ejemplo, Shull (1909) e East (1908) descubren una metodología del mejoramiento en maíz que hasta el día de hoy esta siendo utilizada y ha venido a quedar como un sistema moderno de mejoramiento en la generación de híbridos; aunque fue difícil utilizar híbridos simples en esta época debido a los costos de producción, sin embargo Jones (1918), propone una metodología para la producción de híbridos dobles.

Davis, mencionado por Hallauer y Miranda (1988) sugirió el procedimiento de "topcross" en 1927, el cual es un procedimiento de cruzas de prueba, para evaluar la aptitud combinatoria de líneas en un programa de hibridación de maíz. Años después Jenkins y Brunson (1931), reportaron la efectividad de usar dicho procedimiento, el cual fue ampliamente adoptado en los programas de mejoramiento. En 1942 se introduce el concepto de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE); y surgen nuevos enfoques del uso de pruebas de progenie entrando en juego el uso de un probador para la selección de líneas con aptitud combinatoria.

Vargas *et al.* (1999) mencionan que las evaluaciones en multi-ambientes juegan un papel importante en la selección de los mejores cultivares (o prácticas agronómicas) a ser usados en los años siguientes en diferentes localidades y en la evaluación de estabilidad de un cultivar a través de ambientes antes de llegar a una etapa comercial.

Coutiño y Vidal (2003) mencionan que la interacción genotipo-ambiente es una respuesta diferencial de los genotipos a través de condiciones ambientales cambiantes. Y es que también el fitomejorador desea cultivares estables con buen rendimiento en todas las condiciones de la región de producción de interés. La incorporación de la estabilidad en los programas de fitomejoramiento, con énfasis en la selección final de potenciales cultivares comerciales, sería benéfico para los productores.

A mediados del siglo XX, los mejoradores comienzan a involucrar diferentes modelos matemáticos y a explotar diferentes tipos de acción génica, varianza genética, reducción del tiempo de los ciclos, optimización de esquemas de cruzar, ensayos de rendimiento y búsqueda de una forma más económica para maximizar la ganancia genética.

La era de la biotecnología en plantas comienza a inicios de los años ochenta, con los conocidos reportes de producción de plantas transgénicas utilizando *Agrobacterium* a partir de entonces se desarrollaron sistemas de marcadores moleculares para crear mapas genéticos de alta resolución y así explotar la relación entre marcadores y características importantes de los cultivos. Para 1996 la comercialización de cultivos transgénicos demostró la exitosa integración de la biotecnología en el mejoramiento de plantas y en los programas de mejora de cultivos. La introgresión de uno, o algunos genes en un cultivo, comúnmente utilizando retrocruzas, es una práctica común de mejoramiento. Algunos métodos de retrocruza asistida por marcadores fueron

desarrollados rápidamente para hacer introgresión de características transgénicas y reducir el arrastre por ligamiento, en donde los marcadores moleculares se utilizaron para explorar el genoma y seleccionar aquellos individuos que contuvieran el transgen y la proporción más alta de alelos favorables del genoma parental recurrente. Tiessen *et al* (2009)

Durante los últimos 25 años, el desarrollo y aplicación continua de la biotecnología vegetal, marcadores moleculares y genómica, han establecido nuevas herramientas para la creación, análisis y manipulación de la variación genética, así como el desarrollo de cultivos mejorados.

2.2 Mejoramiento poblacional

El mejoramiento poblacional se utiliza para la mejora de variedades de polinización abierta, variedades sintéticas, y compuestos formados de una mezcla de razas, variedades y líneas puras. El mejoramiento de las poblaciones puede ser usado como fuente de poblaciones para las nuevas líneas puras o para su uso por el agricultor.

Los métodos de selección para el mejoramiento poblacional han evolucionado desde el tipo más simple como es la selección masal para el mejoramiento intrapoblacional a la complejidad de los procedimientos de selección recíproca recurrente para el mejoramiento interpoblacional. Obviamente, todos los métodos han tenido éxito para algún rasgo o característica en una determinada etapa del desarrollo de mejoramiento de maíz (Hallauer y Miranda 1988).

En el Cuadro 1, se resumen los principales métodos de selección en maíz a través de la historia, comenzando desde el mejoramiento

Intrapoblacional hasta el desarrollo de líneas por el método de pedigrí (Hallauer y Miranda 1988).

Selección Masal. Las plantas individuales son seleccionadas en base a su desempeño fenotípico. Se utilizan semillas a granel para producir la próxima generación. La selección en masa ha demostrado ser muy eficaz en el mejoramiento de maíz en las etapas iniciales. Pero su eficacia para la mejora del rendimiento fue objeto de severas críticas en los años 40 en Estados Unidos. Esto finalmente culminó en el perfeccionamiento de los métodos de selección para maíz. Esta selección no prevé ningún control sobre la matriz de polen durante la polinización. La fuente de polen no se conoce en una polinización cruzada. Como consecuencia, la selección se limita sólo a la madre. La estimación de heredabilidad se reduce a la mitad, ya que sólo el progenitor hembra se utiliza para la cosecha de semillas.

Cuadro 1. Métodos o procedimientos de selección de maíz que se han propuesto y utilizado para el desarrollo de línea pura y mejoramiento poblacional.

Mejoramiento Poblacional

Intrapoblacional	Interpoblacional	Desarrollo de Líneas
1.- Masal	1.-Medios Hermanos	1.- Pedigrí
2.- Medios Hermanos	Reciproca Recurrente	2.- Retrocruza
a) Mazorca/Surco	2.- Hermanos completos	3.- Descendencia de Semilla
b) Cruza de prueba	Reciproca Recurrente	única
3.- Hermanos completos	3.- Cruzas de prueba	4.- Selección de Gametos
4.- Progenie autofecundada		5.- Monoploides
		a) Doble Haploides
		Homocigotos – Maternal
		b) Androgenesis – Paternal
		c) Factor gametofito
		d) Cultivo de polen

Según Dudley y Moll (1969) el mejoramiento Genético puede dividirse en tres etapas:

- 1.- Creación de un pool de germoplasma (variabilidad)
- 2.- La selección de individuos superiores de dicho pool
- 3.- Y la utilización de dichos individuos para crear o generar variedades o híbridos superiores.

2.3 Mejoramiento de líneas puras, evaluación en híbridos.

Muchos investigadores coinciden en que una precisa identificación de genotipos superiores en el mejoramiento, sigue siendo el mayor objetivo de los mejoradores de maíz en la actualidad. Un procedimiento de evaluación ideal, podría permitir la identificación de material elite en etapa temprana a un costo mínimo. Esto permitiría a los mejoradores descartar material no prometedor en las primeras etapas y concentrarse en el material promisorio (Gender y Alexander 1962; Leo y Paul 1968; Tobias *et al*, 2010); Matzinger (1953) menciona que la fase práctica del mejoramiento del maíz está basada en el desarrollo de líneas y la evaluación de estas líneas en combinaciones híbridas. El comportamiento de las líneas *per se* no proveen enteramente una adecuada medida de su valor en combinaciones híbridas. Por lo tanto, los métodos simples y adecuados para la evaluación de nuevas líneas han sido clave en el desarrollo de nuevos híbridos.

El método de pedigrí es generalmente rápido y fácil para generar líneas puras. Sin embargo, este método es muy intenso en mano de obra. Los padres se cruzan y se genera una F_1 , que después se autofecunda para generar una población F_2 , que después deriva en familias de líneas F_3 , F_4 , etc. La selección de plantas con nuevas combinaciones de genes se hace en base a la

genealogía. La descendencia se somete repetidamente a la selección y siempre las plantas individuales se toman como fuente de nuevas familias descendientes (mazorca por sobre, mazorca por surco), hasta que se alcanza la uniformidad genética. Sólo entonces, las semillas de varias mazorcas se combinan y mezclan para tener más semillas para pruebas extensas de combinaciones híbridas. Es importante llevar un registro detallado del origen de las plantas o las líneas seleccionadas. La intensidad de selección puede ser variada, en la práctica, de acuerdo a la disponibilidad de infraestructura (espacio de campo, almacenaje de semilla, instalaciones, personal para desgrane, selección y preparación de ensayos, etc.).

En la primera fase se deben concentrar los alelos con mayor heredabilidad y favorables. En una fase posterior, cuando las unidades de evaluación son parcelas y ya no plantas individuales, se puede hacer selección para algunos rasgos con menor heredabilidad. Una objeción en contra de este método es que la variación genética disponible para la selección de los rasgos cuantitativos, se puede reducir drásticamente en las primeras generaciones. Es por ello que es importante tener una población de familias lo mas grande posible desde el inicio de la generación F_3 .

La eficiencia de la descendencia es uno de los objetivos para la generación de pruebas. Esto se hace por la identificación temprana de familias superiores. La eliminación rápida de las poblaciones inferiores y la posterior concentración de los esfuerzos de selección en las poblaciones superiores se traducen en un aumento de la eficiencia. Una evaluación precisa de genotipos es esencial para el éxito de este método.

Shull (1908) reporta que líneas de maíz homocigotas muestran deterioro en rendimiento y vigor, pero al cruzar dichas líneas, estas características son

completamente recobradas y en muchos casos el rendimiento excede a las variedades de donde las líneas fueron derivadas

Shull (1909) sugiere el método de línea pura para el mejoramiento de maíz, donde involucra tres pasos:

- 1.- La endogamia a gran escala con el fin de obtener líneas homocigotas o muy cerca de la homocigosis.
- 2.- Evaluar líneas seleccionadas con todas las cruza posibles.
- 3.- Utilización de las líneas puras en la producción de semilla para híbridos de crusa simple.

Sin embargo el método de Shull comenzó a mostrar limitaciones debido al número de líneas que se incrementaba, y era muy costoso evaluar $\frac{n(n-1)}{2}$ cruza posibles (Hallauer y Lopez-Perez 1979).

Sprague (1945) menciona que las pruebas tempranas para selección de líneas esta basada en dos suposiciones: 1) existen marcadas diferencias en aptitud combinatoria entre plantas de polinización abierta, 2) una muestra seleccionada en base a pruebas de aptitud combinatoria de plantas S_0 (variedad) o plantas S_1 (generaciones avanzadas de un híbrido) ofrecen una promesa de una larga proporción de líneas superiores en rendimiento que una endocría basada solo en una selección visual.

Brim (1966) señala que cuando la variación genética de un carácter es aditiva, las medias a través de las generaciones no cambian con la endogamia. Además, con la endogamia, la variación entre la progenie se incrementará mientras que la varianza dentro de las progenies disminuye. Brim, mostró esto en el cultivo de soya cuando seleccionó el 5% de lo más sobresaliente de las progenies autofecundadas, disminuyendo el rango de varianza aditiva entre ellas. Realizó una modificación del método de pedigrí, usaron el método de

SSD (Descendiente de una solo semilla) en soya, sembrando F_2 una semilla por cada vaina y avanzando generaciones de autofecundación hasta F_4 antes de evaluar la progenie.

Según Bauman (1981) de acuerdo a una encuesta realizada en Estados Unidos, el 51% los mejoradores hace pruebas tempranas de evaluación en las primeras tres generaciones de autofecundación (S_1 a S_3); sin embargo de acuerdo a estudios realizado por Bernardo (1992), la selección de líneas parcialmente homocigotas basadas en cruzas de prueba tempranas, envuelve un riesgo de perder líneas que pudieran tener un buen comportamiento en cruzas de prueba cuando estas fueran totalmente homocigóticas. Este autor propone un modelo para calcular las probabilidades de retener las líneas genéticamente superiores durante las evaluaciones tempranas, así mismo examina la intensidad de selección apropiada para diferentes generaciones de prueba y niveles de heredabilidad. Describe que los resultados de su experimento soportan las conclusiones de Jenkins en 1931 y Sprague en 1945 que la aptitud combinatoria de las líneas es determinada durante las primeras generaciones de autofecundación. Menciona que si la heredabilidad de la característica a evaluar es baja y se podría incrementar la probabilidad de retener líneas con buen comportamiento en homocigosis, si se realizan dos o tres avances generacionales autofecundando la línea antes de realizar las cruzas de prueba.

2.3.1 Simbología

Fehr (1987) en su libro titulado "Principios de Desarrollos de Cultivares" pone en claro las simbologías usadas en el mejoramiento de plantas, de las cuales estaremos usando algunas en este trabajo:

- F_1 : Se refiere a híbridos producidos provenientes de una cruce de progenitores homocigotos. La generación F_1 no deberá considerarse equivalente a una generación S_0 .
- $F_2 = S_0$: La primera generación segregante producida de una cruce de dos o más progenitores será considerada como generación F_2 o S_0 . Para los padres homocigotos, las poblaciones F_2 o S_0 se obtendrá por la autofecundación de plantas F_1 . La descendencia obtenida de la cruce directamente de los padres heterocigotos será designada como F_2 o S_0 porque es la primera generación después de la segregación de la cruce.
- $F_3 = S_1$ y generaciones avanzadas: Las generaciones F_3 o S_1 representan la descendencia generada de una autofecundación de las plantas F_2 o S_0 . Generaciones subsecuentes también pueden ser derivadas por autofecundación y la relación de F y S será: $F_2 = S_0$, $F_3 = S_1$, $F_4 = S_2$, $F_5 = S_3$.

2.4 Probadores y cruces de prueba

Lonquist y Lindsey (1964) comentan que la evaluación del comportamiento de cruces de prueba es el primer criterio de selección en un programa de mejoramiento de maíz. Los primeros trabajos en el desarrollo de los híbridos se basaron en la selección visual de las líneas, posteriormente se ensamblaron y evaluaron los híbridos y se hicieron selecciones entre cruzamiento simple y cruces dobles utilizando combinaciones de métodos de prueba y un manejo en el error experimental. Observaron que el uso de las cruces con un probador común reduce el rango de expresión entre las progenies en evaluación debido a que la contribución de cada progenitor se reduce a la mitad. Sin embargo este procedimiento está siendo usado por dos razones:

1.-Las líneas o progenitores están siendo seleccionados en base a su contribución en cruzas debido a que su última utilización será mayormente basada en su aptitud combinatoria.

2.- Ensayos de líneas puras que por lo general carecen de vigor, esto representa un riesgo considerable en muchas condiciones, debido a la susceptibilidad al estrés ambiental.

La evaluación de cruzas de prueba permite seleccionar los individuos genéticamente superiores, que muy difícilmente se puede realizar con una selección visual o evaluación *per se* de las líneas S_1 .

Jenkins y Brunson (1931) observaron que al cruzar líneas con un probador común, fue efectivo para eliminar las líneas que no tenían un buen comportamiento cuando sus híbridos eran evaluados; así podría descartarse hasta un 50% de líneas, sin el riesgo de perder individuos superiores, y con el otro 50% ser más cautelosos en la evaluación con otras combinaciones.

Davis (1934) fue uno de los primeros mejoradores en explorar el uso potencial de líneas S_2 en la producción de semilla de híbridos de maíz. El observó que híbridos de líneas S_2 , tenían rendimiento superior a las variedades cultivadas y la endocria de las líneas en la generación S_4 no presentaba una ventaja en rendimiento comparadas con las líneas S_2 cuando eran combinadas con una línea usada como probador.

Hull (1945) examinó teóricamente el valor relativo de los probadores, concluyendo que el probador más eficiente es aquel que tiene todos los alelos homocigotos recesivos y que el probador con alelos homocigotos dominante debería no utilizarse para discriminación de las líneas.

Rawlings y Thompson (1962) en su experimento, probaron seis líneas endogámicas agrupadas de acuerdo a su aptitud combinatoria general (bajo, intermedio y alto) sus resultados apoyan la teoría del uso de probadores de bajo rendimiento, lo que presumiblemente tienen una baja frecuencia de alelos favorables, en los loci importantes, estos son los probadores más eficaces.

En la mayoría de los programas de mejoramiento de maíz, existen varias opciones de líneas puras elite para utilizar como probador sin embargo es necesario conocer cual de estos muestran mayor estabilidad para discriminar nuevas líneas a través de la diversidad genética que exista en los programas.

Un probador deseable se puede definir como aquel que combina la mayor simplicidad en uso, con la máxima información sobre el comportamiento que se espera de las líneas en prueba cuando también estas son usadas en otras combinaciones o evaluadas en otros ambientes, aunque es muy difícil que un solo probador pueda tener todas estas características (Matzinger 1953; Rawlings y Thompson 1962).

Jenkins (1935) y Sprague (1939) sugirieron el método de evaluación de cruza de prueba en etapas tempranas en líneas S_0 , para evaluar la aptitud combinatoria general; con el objetivo de descartar líneas con comportamiento inferior y evitar invertir recursos de líneas que no servirían en un futuro. Otros autores ponen énfasis en cual es el mejor probador para detectar líneas superiores, haciendo comparaciones de probadores de una amplia base genética, híbridos, líneas elite y líneas con baja frecuencia de alelos favorables.

Hallauer y Lopez-Perez (1979) en un estudio realizado con el objetivo de identificar que probadores eran más eficientes para discriminar líneas en etapas tempranas de endogamia utilizando 5 diferentes probadores, concluyen que el uso de un probador con bajo comportamiento es teóricamente válida sin embargo sería muy difícil de aceptar en muchos de los programas de mejoramiento, señala que un probador de reducida base genética no relacionado con las poblaciones en prueba mostro ser igual de efectivo que un probador con baja frecuencia de alelos favorables con la ventaja de usarlo para producir híbridos, esta es la razón para seleccionar un probador.

Abel y Pollak (1991) evaluaron ocho probadores en accesiones de maíz no adaptadas, debido a la clasificación diferencial a través de probadores concluye que al menos dos probadores deberían usarse para tamizar dichos materiales evaluando características agronómicas relevantes.

Holland y Goodman (1995) evaluaron el comportamiento y aptitud combinatoria de 40 accesiones Latinoamericanas en ambientes templados. Ellos encontraron en las familias cruzadas con 2 probadores locales (Estados Unidos) sus rendimientos fueron altamente correlacionados a través de probadores ($r=0.78$) concluyendo que un solo probador templado podría ser suficiente para evaluar un número grande de accesiones Latinoamericanas.

De La Cruz *et al* (2008) menciona que la elección de probadores apropiados es un tema complejo en el mejoramiento genético de cultivos debido al tipo de herencia de los caracteres en estudio y a las interacciones entre genotipos y ambientes.

Fan *et al* (2010) menciona que cuando el número de líneas exóticas, híbridos y/u otro tipo de material genético es muy grande, los mejoradores de

maíz normalmente no se permiten hacer cruza dialélicas o usar varios probadores al mismo tiempo para calcular aptitud combinatoria de todo el material introducido; también, que se debería desarrollar un método de evaluación para reducir el número de probadores o cruza de prueba; en una investigación realizada en China, donde 25 líneas exóticas fueron cruzadas con cuatro probadores adaptados, con el objetivo de determinar el número óptimo de probadores, además de calcular si cada uno de ellos tenían la misma eficiencia de selección.

Para evaluar la eficiencia de los diferentes probadores, primero definieron el criterio para determinar si una línea era seleccionada o no; el rendimiento de grano de las 100 cruza fueron comparadas con un híbrido comercial local usado como testigo. Los resultados mostraron que el rendimiento de grano de 10 cruza no fue significativo con respecto al testigo comercial. Las líneas exóticas usadas para hacer estas cruza de prueba, se consideraron las mejores.

Después de haber detectado las mejores cruza de prueba, procedieron a realizar todas las combinaciones posibles entre los probadores, formando así 15 grupos de probadores con todas las combinaciones posibles; utilizando las mejores 10 líneas exóticas; aunque la clasificación de las líneas no fue muy consistente, con cada uno de los grupos de probadores, se hizo un análisis de coeficiente de correlación de rango, de los rangos de rendimiento entre los probadores y esta fue estadísticamente significativa para la mayoría de los coeficientes, después de analizar minuciosamente los resultados se encontró que las mejores tres líneas fueron seleccionadas por todos los probadores, lo que sugieren que un solo probador tiene la misma eficiencia de selección que dos o más probadores, en la selección de las mejores líneas; sugieren que un solo probador en la teoría sería suficiente para tamizar un gran volumen de líneas exóticas, pero dos probadores tendrían mayor oportunidad de identificar las de

mejor comportamiento; esta conclusión coincide con lo que describió Holland y Goodman (1995).

Fan, *et al* (2010) concluyen en su trabajo de evaluación de germoplasma tropical utilizando probadores templados que el propósito de tamizar un gran número de accesiones de germoplasma exótico, es por lo general para seleccionar las principales y mejores líneas potenciales que ayudarán a ampliar la base genética local o directamente hacer híbridos comerciales de maíz. Este estudio mostró que una sola línea como probador efectivamente seleccionaría la mayoría, si no todas, las mejores líneas de una gran cantidad de accesiones exóticas del germoplasma y estas pueden utilizarse para una detección preliminar. Dos líneas como probadores deberían tener una mejor oportunidad de identificar las mejores líneas. Esto no está muy claro si sería benéfico usar dos líneas de diferente grupo heterótico. Cuando la interacción, línea por localidad es significativa, múltiples años o localidades de prueba son necesarias para una correcta evaluación de líneas exóticas de maíz y se necesitarían diferentes probadores para llevar a cabo este propósito.

2.5 Aptitud Combinatoria

Las líneas puras se pueden valorar por caracteres de tipo morfológico, agronómico, fisiológico, patológico, etc. Pero además se valoran por su capacidad de producir híbridos cuando se cruzan unas contra otras.

Sprague y Tatum (1942) mencionan que las pruebas de aptitud combinatoria general y específica, normalmente se realizan cuando las líneas comercialmente aceptables tienen 2 o 3 generaciones de autofecundación y que en esta etapa es deseable conocer la importancia relativa que presentan en aptitud combinatoria. El término aptitud combinatoria general (ACG) es

usado para designar el comportamiento promedio de una línea en combinaciones híbridas, también menciona que Jenkins (1935) presentó datos indicando que la aptitud combinatoria, como medida de cruzas de prueba, es relativamente estable y es ligeramente influenciada por la selección durante el proceso de endocria.

El termino aptitud combinatoria específica es usado para designar aquellos casos en el cual ciertas combinaciones realizadas son relativamente mejor o peor de lo esperado en base al comportamiento promedio de las líneas involucradas.

Rojas y Sprague (1952) relacionan varianzas para ACG y ACE a los posibles tipos de acción génica envueltos; la varianza para ACG incluye la porción genética aditiva mientras que la varianza para ACE generalmente incluye la desviación por dominancia y epístasis. Así mismo señalan que estos estimados tienen mayor valor cuando existe mayor repetitividad en una serie de experimentos en años y localidades diferentes.

Bernardo (1995) concluyó que con los procedimientos BLUP (MPLI en español) se puede predecir la respuesta de cruzas simples de maíz usando datos desbalanceados de ensayos de rendimiento, y también sugirió que los métodos de modelo mixto se pueden aplicar en programas comerciales de mejoramiento de maíz, donde las líneas son cruzadas rutinariamente con diferentes líneas élite probadoras y evaluadas en diferentes ensayos de rendimiento en varias localidades y años.

Montesinos *et al* (2007) mencionan que en el mejoramiento de plantas y animales es común realizar la evaluación de tratamientos en diversas condiciones ambientales, lo que crea la necesidad de proyectar tales

investigaciones en una serie de experimentos similares. Estos diseños de análisis en serie han sido revisados por Yates 1938; Nelder 1963; McIntosh 1983 (autores mencionados por Montesinos), y el análisis de estos experimentos, incluyendo las cruzas dialélicas, en su mayoría de los casos se han efectuado con un modelo lineal de efectos fijos, a pesar de la naturaleza aleatoria de la aptitud combinatoria general y la aptitud combinatoria específica; es por eso que en su análisis incluye un modelo de efectos mixto para calcular el mejor predictor lineal e insesgado empírico para aptitud combinatoria general y específica, concluyendo que aún cuando no se conocen los componentes de varianza involucrados, los valores calculados son mejores que cuando se obtienen con el modelo de efectos fijos.

2.6 Mejor predictor lineal insesgado o BLUP (Best Linear Unbiased Predictor)

Bos y Caligari (1995) menciona que el mejor predictor lineal insesgado (MPLI) es un método de estimación de los efectos genéticos, el cual en un sentido trata de anticipar la disminución de los efectos con respecto a la media observada en la progenie. El MPLI es calculado mediante un análisis usando un modelo mixto, tomando los efectos de los genotipos como aleatorios. La suposición de aleatorización, puede estar justificada por el hecho de que en los programas de mejoramiento genético los genotipos son por lo general la progenie de una población segregante. Los genotipos realmente observados pueden ser vistos como una muestra aleatoria de una población hipotética que comprenda todos los genotipos potenciales que puedan encontrarse de acuerdo a las leyes de herencia mendelianas. Basados en esta premisa, es razonable considerar los genotipos como aleatorios. Esta suposición es la base de una

gran parte de la teoría de genética cuantitativa, incluyendo la teoría de selección.

López et al, (2007) indica que los modelos de efectos mixtos fueron ampliamente estudiados por Fisher hacia 1918, quien los denominó modelos de componentes de varianza. Estos modelos fueron de gran utilidad en los estudios de genética cuantitativa y mejoramiento animal; sin embargo, su aplicación en diferentes campos de la investigación científica se ha venido generalizando en las últimas décadas, en las cuales se han implementado nuevos desarrollos metodológicos que han contribuido a su estudio y aplicación.

En los estudios de modelos mixtos es fundamental que se tenga en cuenta los siguientes aspectos:

1. Estimación de efectos fijos.
2. Estimación de efectos aleatorios.
3. Estimación de los predictores lineales.

Este último aspecto no ha sido ampliamente difundido a pesar de que tiene diversas aplicaciones, principalmente en mejoramiento animal y programas de inseminación artificial, cuando se desean evaluar los méritos genéticos de los reproductores.

Mastache (1998) Aplicó la metodología del MPLI en los diseños de tratamientos de cruzas dialélicas parciales y completos, tanto como en los ensayos de cruzas recíprocas y directas, establecidos en bloques completos al azar, derivando así, los MPLI empíricos de los efectos de ACG y de efectos mixtos, utilizando la metodología desarrollada para la estimación de efectos aleatorios en el modelo de efectos mixtos. Encontró que los predictores obtenidos, tienen las propiedades de ser insesgado y de menor varianza que aquellos obtenidos mediante un modelo de efectos fijos.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Material genético.

En el presente estudio se derivaron líneas S_1 por el método de pedigrí y Doble Haploides, 1,867 y 765 líneas, respectivamente de un total de 98 poblaciones clasificadas como patrón heterótico hembra, con una madurez relativa de 130 días. En abril del 2008 se sembraron en un lote aislado en la localidad de Cortázar, Guanajuato; para realizar la cruce con un probador (T1), línea elite no relacionado de reducida base genética del programa de mejoramiento de maíz de Monsanto México; a floración se desespigaron las nuevas líneas hembras, asegurando que la cruce obtenida fueran con polen del probador, formando así 2,632 híbridos. Estos híbridos fueron evaluados en el estado de Sinaloa en nueve localidades, y se seleccionaron 200 por comportamiento en rendimiento y características agronómicas (presión de selección del 7%). Los resultados de este primer año de evaluación, no se mostrarán en este documento, solo se describirá el procedimiento seguido en la etapa de esta investigación y nos enfocaremos a los resultados que se llevaron a cabo en el segundo año de prueba de las líneas.

Una vez seleccionados estos híbridos, se procedió a identificar las líneas que formaban dichos híbridos. Las 200 líneas S_1 y algunas líneas generadas por el método de doble haploides (DH) que formaban los híbridos, se sembraron en junio del año 2009 en la localidad de San Miguel Cuyutlán, Municipio de Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco para realizar cruces con seis probadores de reducida base genética, incluyendo el probador (T1) de un año anterior. El probador T1 ha sido utilizado en los últimos cuatro años para cruces de prueba de primer año, T2 y T3 en los últimos dos años, T4 y T5 en el último año y el T6 es línea pura utilizada en este experimento como probador por primera vez; todos los probadores tienen una similaridad o un grado de

parentesco relativamente alto como se indica en el Cuadro 2. Los probadores con menor coeficiente de similaridad son T1 y T2, mientras que T5 y T6 presentan el mayor grado de parentesco con 0.8884. Esta similaridad fue determinada en base al uso de marcadores moleculares (SNP, por sus siglas en ingles); los polimorfismos de un solo nucleótido, son variaciones comunes de una sola base que ocurren en el ADN de cualquier ser vivo; estas variaciones se pueden emplear para rastrear patrones de herencia familiar. La mayoría de las variaciones entre individuos son de este tipo.

Cuadro 2. Coeficiente de similaridad estimada entre probadores.

	T1	T2	T3	T4	T5	T6
T1	-	0.7495	0.7676	0.7740	0.8021	0.7982
T2		-	0.7781	0.7701	0.8139	0.8245
T3			-	0.8534	0.8359	0.8294
T4				-	0.7830	0.7755
T5					-	0.8884
T6						-

Para tener un ensayo balanceado, se descartaron las líneas que no tuvieron suficiente semilla de la cruce de los seis probadores, quedando solo las cruces de 120 líneas S₁ y 22 líneas DH que se muestran en el Cuadro 3; obteniendo un total de 852 híbridos que se evaluaron en el segundo año.

Como testigos, se incluyeron tres híbridos comerciales; Puma y Bisonte de la marca Asgrow[®] y DK2020 de la marca Dekalb[®].

Cuadro 3. Materiales utilizados en el segundo ciclo de evaluación, que fueron cruzados con 6 probadores incluyendo el probador utilizado un año anterior.

Material #	Población	Línea	Generación	Material #	Población	Línea	Generación
1	A1	LINEA_1	S1	46	N1	LINEA_50	S1
2	A1	LINEA_2	S1	47	O1	LINEA_51	S1
3	A1	LINEA_3	S1	48	O1	LINEA_52	S1
4	A1	LINEA_4	S1	49	O1	LINEA_53	S1
5	B1	LINEA_5	DH	50	O1	LINEA_54	S1
6	C1	LINEA_6	S1	51	O1	LINEA_55	S1
7	D1	LINEA_7	S1	52	O1	LINEA_56	S1
8	D1	LINEA_8	S1	53	P1	LINEA_57	S1
9	D1	LINEA_9	S1	54	P1	LINEA_58	S1
10	E1	LINEA_10	DH	55	P1	LINEA_59	S1
11	E1	LINEA_11	DH	56	Q1	LINEA_60	S1
12	E1	LINEA_12	DH	57	Q1	LINEA_61	S1
13	E1	LINEA_13	DH	58	Q1	LINEA_62	S1
14	E1	LINEA_15	DH	59	Q1	LINEA_63	S1
15	F1	LINEA_16	S1	60	Q1	LINEA_64	S1
16	F1	LINEA_17	S1	61	R1	LINEA_65	S1
17	F1	LINEA_18	S1	62	R1	LINEA_66	S1
18	G1	LINEA_19	S1	63	R1	LINEA_67	S1
19	G1	LINEA_20	S1	64	R1	LINEA_68	S1
20	G1	LINEA_21	S1	65	R1	LINEA_69	S1
21	G1	LINEA_22	S1	66	R1	LINEA_70	S1
22	G1	LINEA_23	S1	67	R1	LINEA_71	S1
23	G1	LINEA_24	S1	68	R1	LINEA_72	S1
24	H1	LINEA_25	DH	69	S1	LINEA_73	S1
25	I1	LINEA_26	DH	70	S1	LINEA_74	S1
26	J1	LINEA_28	DH	71	S1	LINEA_75	S1
27	J1	LINEA_29	DH	72	S1	LINEA_76	S1
28	J1	LINEA_31	DH	73	S1	LINEA_77	S1
29	J1	LINEA_33	DH	74	S1	LINEA_78	S1
30	J1	LINEA_34	DH	75	S1	LINEA_79	S1
31	K1	LINEA_35	S1	76	S1	LINEA_80	S1
32	K1	LINEA_36	S1	77	S1	LINEA_81	S1
33	L1	LINEA_37	S1	78	S1	LINEA_82	S1
34	M1	LINEA_38	S1	79	S1	LINEA_83	S1
35	M1	LINEA_39	S1	80	T1	LINEA_84	S1
36	M1	LINEA_40	S1	81	U1	LINEA_85	S1
37	M1	LINEA_41	S1	82	V1	LINEA_87	DH
38	N1	LINEA_42	S1	83	V1	LINEA_88	DH
39	N1	LINEA_43	S1	84	W1	LINEA_89	S1
40	N1	LINEA_44	S1	85	X1	LINEA_90	S1
41	N1	LINEA_45	S1	86	X1	LINEA_91	S1
42	N1	LINEA_46	S1	87	X1	LINEA_92	S1
43	N1	LINEA_47	S1	88	X1	LINEA_93	S1
44	N1	LINEA_48	S1	89	X1	LINEA_94	S1
45	N1	LINEA_49	S1	90	Y1	LINEA_95	S1

Cuadro 3. Continuación...

Material #	Población	Línea	Generación	Material #	Población	Línea	Generación
91	Y1	LINEA_96	S1	117	H2	LINEA_122	S1
92	Z1	LINEA_97	S1	118	H2	LINEA_123	S1
93	A2	LINEA_98	S1	119	H2	LINEA_124	S1
94	B2	LINEA_99	S1	120	I2	LINEA_125	DH
95	B2	LINEA_100	S1	121	I2	LINEA_126	DH
96	B2	LINEA_101	S1	122	I2	LINEA_127	DH
97	B2	LINEA_102	S1	123	J2	LINEA_128	S1
98	B2	LINEA_103	S1	124	J2	LINEA_129	S1
99	C2	LINEA_104	S1	125	K2	LINEA_130	DH
100	C2	LINEA_105	S1	126	K2	LINEA_131	DH
101	D2	LINEA_106	S1	127	K2	LINEA_132	DH
102	D2	LINEA_107	S1	128	L2	LINEA_134	DH
103	D2	LINEA_108	S1	129	M2	LINEA_135	S1
104	D2	LINEA_109	S1	130	M2	LINEA_136	S1
105	D2	LINEA_110	S1	131	M2	LINEA_137	S1
106	D2	LINEA_111	S1	132	M2	LINEA_138	S1
107	D2	LINEA_112	S1	133	M2	LINEA_139	S1
108	E2	LINEA_113	S1	134	M2	LINEA_140	S1
109	E2	LINEA_114	S1	135	N2	LINEA_141	S1
110	F2	LINEA_115	S1	136	O2	LINEA_142	S1
111	F2	LINEA_116	S1	137	P2	LINEA_143	S1
112	G2	LINEA_117	S1	138	P2	LINEA_144	S1
113	H2	LINEA_118	S1	139	P2	LINEA_145	S1
114	H2	LINEA_119	S1	140	P2	LINEA_146	S1
115	H2	LINEA_120	S1	141	P2	LINEA_147	S1
116	H2	LINEA_121	S1	142	P2	LINEA_148	S1

Donde:

S1= Generación en que se encuentra dicha línea correspondiente a la generación filial F₃.

DH= Línea generada por la metodología de doble haploides.

Para simplificar el proceso seguido en la generación de líneas y el origen de las cruzas de prueba, se muestra en la Figura 1 un esquema general de cada una de las etapas llevadas a cabo en esta investigación, hasta la evaluación de las cruzas.

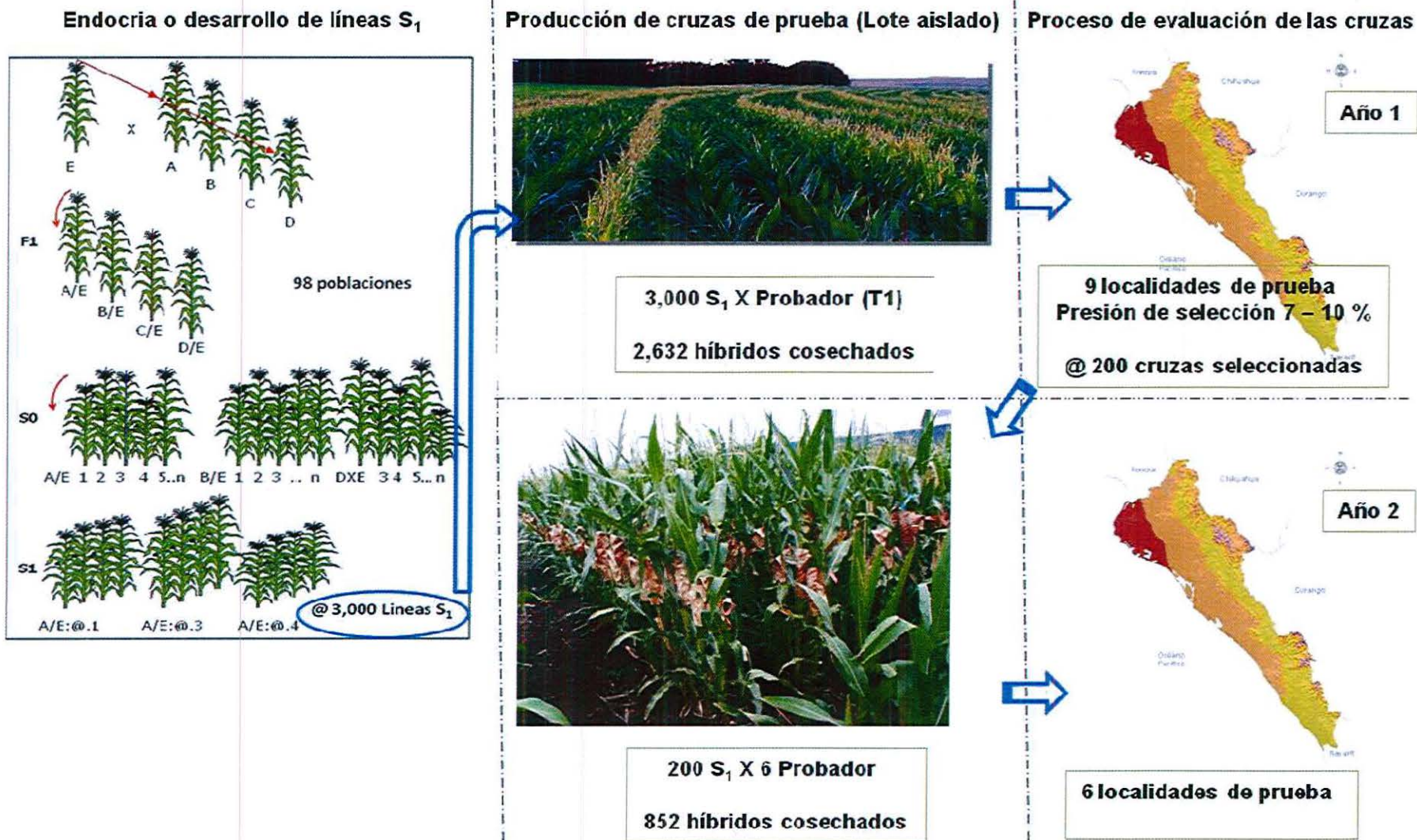


Figura 1. Proceso general del desarrollo de líneas, producción de cruzas de prueba y proceso de evaluación, llevado a cabo en esta investigación

3.2 Sitios de estudio

En este estudio cubriremos la segunda etapa de evaluación, llevada a cabo en el ciclo de invierno 2009-2010, en el estado de Sinaloa, situado en la parte Noroeste del territorio mexicano. La temperatura media anual del estado es de 25°C, la temperatura mínima promedio es de 10°C en el mes de enero y la máxima promedio alcanza 36°C durante los meses de mayo y julio; en las fechas donde se estableció el cultivo de maíz las lluvias son escasas en el periodo del cultivo y todas las localidades fueron sembradas durante el periodo del 14 de Noviembre al 9 de Diciembre, (Cuadro 4); debido a que no se registran precipitaciones en la época de Otoño-Invierno, fueron conducidas bajo la modalidad de riego.

Se realizaron evaluaciones en seis localidades, en modalidad de riego, sin embargo, una localidad se dio de baja, debido a problemas de acame por la presencia de fuertes vientos cercano a la cosecha.

Cuadro 4. Localidades y fechas de siembra utilizadas en el Ciclo otoño-invierno 2009-2010 en el Estado de Sinaloa.

Localidad	Región	Latitud	Longitud	F. Siembra	F. Cosecha
Guayparime - SIGA	Norte	25.420	-108.470	28-Nov-09	12-Jun-10
Mochicahui - SIMC	Norte	25.870	-108.850	9-Dic-09	19-Jun-10
Casas Grandes - SICG	Norte	25.390	-108.340	26-Dic-09	30-Jun-10
Costa Rica – SICR	C. Sur	24.350	-107.240	5-Dic-09	24-May-10
Caimanero - SICM	C. Sur	24.910	-107.750	14-Nov-09	20-May-10

3.3 Variables medidas

Las características que se evaluaron fueron:

- Rendimiento de grano, en kilogramos por parcela (SHW): convertido a

toneladas por hectárea ajustado al 14 % de humedad (MST) con siguiente formula:

$$\text{Rendimiento Toneladas/ha} = \left[\frac{(100 - MST)}{84.5} \times \frac{(SHW)}{1000} \times \frac{(10,000)}{(4.5 * 1.5)} \right]$$

Esta variable se tomó en campo, usando una trilladora mecánica, con báscula integrada y registrando los pesos en una memoria, para evitar la manipulación de datos y errores por manejo de los mismos.

- Porcentaje de humedad de grano a cosecha (MST); derivado de la

formula: $MST = \left[100 - \frac{(GDS)}{(GWS * 100)} \right];$

Donde:

GDS= Peso seco de la muestra.

GWS= Peso húmedo de la muestra.

- Porcentaje total de plantas acamadas (TDPP); utilizando la fórmula:

$$TDPP = \left[\frac{(STLC + RTALC)}{(FNCS)} \right] * 100$$

Donde:

STLC= número de plantas con acame de tallo,

RTLC= número de plantas con acame de raíz.

FNCS= Total de plantas contadas a cosecha.

Considerando estas variables observadas y registradas en el campo, se procedió a calcular un índice de selección en el cual van integradas a dicho índice; esta variable permite realizar una selección considerando características agronómicas aceptables.

- Índice de selección (SELIN); originado por el criterio de selección del mejorador, se calculó con la siguiente fórmula dándole un peso específico a cada característica por orden de importancia del mejorador:

$$100 + (1.0 * (YLD - YLD.testmean)) - (2.0 * (MST - MST.testmean)) - (0.75 * (TDPP - TDPP.testmean))$$

Donde:

YLD.testmean = media de rendimiento del ensayo.

MST.testmean = media de humedad de grano del ensayo.

TDPP= Media de total de plantas acamadas del ensayo.

3.4 Manejo agronómico

En el experimento, se llevó a cabo un manejo agronómico uniforme con diferentes dosis de fertilización de acuerdo a las necesidades de la zona (Cuadro 5). El control de insectos fue preventivo, realizándose aplicaciones periódicas evitando que el cultivo se afectara y pudiera crear variación por daño de plagas; en promedio se dieron 5 riegos desde la siembra hasta la cosecha.

Cuadro 5. Principales aplicaciones durante la etapa de desarrollo del cultivo en el ciclo otoño-invierno 2009-2010.

Localidad	Región	Fertilización ¹	Insecticida ²	Riegos
Guayparime - SIGA	Norte	493-34-34	3	5
Mochicahui - SIMC	Norte	408-00-00	3	6
Casas Grandes - SICG	Norte	348-40-00	2	4
Costa Rica – SICR	C. Sur	369-00-00	3	4
Caimanero - SICM	C. Sur	548-00-00	3	5

¹Fuentes en unidades: Amoniaco, 17-17-17, Urea, 33-15-10

² Número de aplicaciones: Ambush, Pounce y Talstar.

3.5 Diseño experimental

En este trabajo se utilizó el diseño experimental completamente al azar, y fueron evaluadas 852 cruzas, distribuidas en 25 grupos de 40 entradas, usando 3 testigos comerciales; las entradas o materiales se distribuyeron al azar en arreglo de 10 x 4 considerando dos surcos por parcela o entrada, el ancho de surco fue de 0.8 metros, y 5.5 metros de largo, quedando una área de parcela útil de 7.2 metros cuadrados debido al trazo de calles en los extremos de la parcela. La siembra se realizó mecánicamente, utilizando una sembradora de precisión de cuatro surcos, modelo Seed-Pro de Almaco; asegurando una densidad de población de 110,000 plantas por hectárea o 8.8 plantas por metro lineal. Estos grupos de cruzas de prueba fueron conducidos en 5 localidades a través del estado de Sinaloa, (Cuadros 4 y 5).

La cosecha se realizó cuando el maíz alcanzó un promedio de 16.42 % de humedad para poder diferenciar el ciclo de los híbridos, utilizando una cosechadora mecánica modelo TRR 98 fabricada por New Holland y adaptada para investigación por ALMACO, registrando el peso y humedad de cada parcela en un dispositivo electrónico y posteriormente grabado en una computadora para su análisis.

3.6 Análisis estadístico

Las cuatro variables, rendimiento de grano, porcentaje de humedad, porcentaje de acame e índice de selección fueron sometidas a un análisis de varianza, usando el procedimiento GLM del Sistema de Análisis Estadístico

SAS (SAS Institute, 2003); un modelo factorial fue utilizado para observar las interacciones de probadores por líneas, quedando de la siguiente manera:

$$Y_{ijk} = \mu + L_i + P_j + (LP)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

μ = Media General

L_i = Efecto de la i-ésima línea

P_j = Efecto del j-ésimo probador.

(LXP)= Efecto de interacción de la i-ésima línea y el j-ésimo probador y

ε_{ijk} = Error experimental.

Debido a que en esta evaluación se utilizaron seis probadores, fue necesario identificar si existieron diferencias cuando se utilizaron diferente número de probadores y diferentes combinaciones de probadores, con el objeto de realizar un tamiz en líneas S_1 o de evaluación en etapas tempranas; se realizó un análisis de correlaciones de Spearman, con los 6 probadores y sus combinaciones posibles, utilizando la media de rendimiento e índice de selección de cada uno de los grupos formando así 63 diferente combinaciones de probadores para cada una de las características anteriormente mencionadas; considerando todas las correlaciones posibles para cada uno de los probadores y en grupo, como se muestra en el Cuadro 6. De acuerdo al método de Spearman utilizando el procedimiento Proc Corr del sistema de análisis estadístico SAS (SAS Institute, 2003).

La fórmula del coeficiente de correlación de Spearman utilizada es la siguiente:

$$\rho = 1 - \frac{6 \sum D^2}{N(N^2 - 1)}$$

Donde:

D= es la diferencia entre los correspondientes estadísticos de orden de x - y.

N = es el número de parejas.

Cuadro 6. Número de correlaciones posibles agrupando probadores.

Combinaciones posible para los 6 probadores evaluados					
T1	T1T2	T1T2T3	T1T2T3T4	T1T2T3T4T5	T1T2T3T4T5T6
T2	T1T3	T1T2T4	T1T2T3T5	T1T2T3T4T6	
T3	T1T4	T1T2T5	T1T2T3T6	T1T2T3T5T6	
T4	T1T5	T1T2T6	T1T2T4T5	T1T2T4T5T6	
T5	T1T6	T1T3T4	T1T2T4T6	T1T3T4T5T6	
T6	T2T3	T1T3T5	T1T2T5T6	T2T3T4T5T6	
	T2T4	T1T3T6	T1T3T4T5		
	T2T5	T1T4T5	T1T3T4T6		
	T2T6	T1T4T6	T1T3T5T6		
	T3T4	T1T5T6	T1T4T5T6		
	T3T5	T2T3T4	T2T3T4T5		
	T3T6	T2T3T5	T2T3T4T6		
	T4T5	T2T3T6	T2T3T5T6		
	T4T6	T2T4T5	T2T4T5T6		
	T5T6	T2T4T6	T3T4T5T6		
		T2T5T6			
		T3T4T5			
		T3T4T6			
		T3T5T6			
		T4T5T6			
6	15	20	15	6	1

La formula utilizada para calcular el número de combinaciones posibles fue:

$${}_n C_r = \frac{n!}{(n-r)! r!}$$

Donde:

Combinación de r objetos tomados de entre n objetos

Con el propósito de calcular la Aptitud Combinatoria General, utilizamos el método de BLUP, (*Best Linear Unbiased Predictor*, por sus siglas en Inglés) que es un modelo lineal de efectos fijos y aleatorios, se derivan los mejores predictores lineales e insesgado combinados de los efectos de aptitud combinatoria general, con base en la metodología de estimación de efectos aleatorios en un modelo de efectos mixtos, dicha metodología es muy utilizada en mejoramiento genético de animales y actualmente se está incorporando a programas de mejoramiento de maíz para dicho cálculo.

En este estudio se utilizó el Sistema de Análisis Estadístico SAS (SAS Institute, 2003).

En términos matriciales, el modelo lineal de efectos mixtos se representa como:

$$y = X\beta + Z\mu + \varepsilon$$

Donde:

y = Es el vector de observaciones fenotípicas (Rendimiento, Índice de Selección, Humedad de grano y Total de plantas acamadas)

X = Simboliza la matriz de incidencia de los efectos fijos.

β = Es el vector de los efectos fijos debido a los sitios.

Z = Simboliza la matriz de incidencia de los efectos aleatorios.

μ = Es el vector de los efectos aleatorios, Línea, Probador, Línea X Probador.

ε = Es el vector aleatorio de residuos.

Con el fin de hacer más fácil las selecciones con el método de BLUP, (de aquí en adelante lo llamaremos como el Mejor Predictor Lineal Insesgado) los efectos se convirtieron en porcentaje utilizando la siguiente fórmula:

$$\text{MPLI \%} = \left[\frac{(\text{Intercepto} + \text{MPLI})}{(\text{Intercepto})} \right] * 100$$

Donde: Intercepto = Muy parecido a la media general de todos los datos.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.

4.1 Análisis de varianza.

Los resultados del análisis de varianza se presentan en el Cuadro 7; en dicho análisis se detectaron diferencias altamente significativas ($P < 0.01$) entre líneas, entre probadores, cruzas y no se detectaron diferencias para la fuente de variación línea por probador. Los resultados indican que el rendimiento, índice de selección, porcentaje de humedad del grano y total de plantas acamadas de las cruzas de prueba fueron diferentes; así mismo los probadores mostraron diferencias en cada una de las líneas en que se cruzó. La interacción debido a que no mostro significancia, indica que usando cualquiera de los probadores evaluados discrimina igual para cada una de las características, excepto para la variable índice de selección que muestra significancia al $P < 0.01$.

Cuadro 7. Análisis de varianza para las diferentes características evaluadas en el ciclo otoño-invierno del año 2009-2010.

Fuentes de Variación	G.L.	Cuadrados Medios			
		Rendimiento Ton/ha	Índice de Selección	Humedad %	Total de plantas
Cruzas	851	3.597	421.530 **	6.654 **	65.610 **
Linea	141	6.262 **	773.409 **	13.174 **	118.224 **
Probador	5	87.834 **	5,325.122 **	549.211 **	1,562.346 **
Linea X Probador	705	2.467	316.387 **	1.502	44.472
Error	3,408	4.292	248.794	1.878	43.909

** Significativo ($P < 0.01$)

En el análisis de varianza para la fuente de variación líneas, a través de localidades por probador que se muestra en el Cuadro 8, se observa que no hay significancia para la variable rendimiento en cada uno de los probadores,

esto nos confirma que cualquier línea incluida en los probadores puede usarse como tal, si la variable rendimiento es el principal parámetro, para la selección o descarte de las líneas S₁ usadas como hembras. El probador T1, no muestra significancia en ninguna de las características, lo cual indica, que no discrimina a las líneas en dicha prueba, por lo tanto no muestra ser un candidato para usarlo como probador, no así T2, T3, T4, T5 y T6 que mostraron significancia (P < 0.01) para las características índice de selección y porcentaje de humedad, solamente T3 y T5 muestran diferencias altamente significativas para la variable total de plantas acamadas, siendo estos los límites superior e inferior de acame respectivamente. Así mismo se muestra en el Cuadro 9, el coeficiente de variación para este análisis; donde este oscila entre 7.557 a 16.707 para las variables rendimiento, índice de selección y porcentaje de humedad; la variable total de plantas acamas presenta coeficientes de variación entre 137.705 y 203.431.

Cuadro 8. Análisis de varianza para líneas a través de localidades por probador.

Fuente de Variación	Variable	G.L	Cuadrados Medios					
			T1	T2	T3	T4	T5	T6
Lineas	Rendimeinto	141	2.473	3.564	3.520	3.326	2.518	3.193
	Indice de Selección	141	297.043	437.148 **	523.311 **	453.254 **	290.868 **	353.721 **
	Humedad	141	2.392	4.505 **	3.572 **	3.918 **	3.456 **	2.840 **
	Total de plantas acamadas	141	47.594	38.511	128.590 **	58.371	15.990 **	51.527

** Altamente Significativo. * Significativo

Cuadro 9. Coeficientes de variación para líneas a través de localidades por probador.

Fuente de Variación	Variable	G.L	Coeficiente de Variación					
			T1	T2	T3	T4	T5	T6
Lineas	Rendimeinto	141	15.740	14.827	16.140	14.648	15.175	14.571
	Indice de Selección	141	16.638	14.297	16.707	14.698	11.696	13.939
	Humedad	141	8.872	7.557	8.099	9.041	8.341	8.259
	Total de plantas acamadas	141	167.84	203.43	152.64	137.71	163.25	161.67

En el Cuadro 10, se muestran el rendimiento promedio de cada una de las líneas a través de localidades de evaluación por probador, las líneas fueron clasificadas en base a su rendimiento en forma diferente, con cada uno de los probadores usados en este experimento; las mejores 10 líneas clasificadas de acuerdo a rendimiento a través de localidades y probadores fueron: LINEA_83, LINEA_42, LINEA_47, LINEA_49, LINEA_50, LINEA_107, LINEA_136, LINEA_20, LINEA_72 y LINEA_56, con una ventaja en rendimiento entre 1.97 y 2.90 toneladas por hectárea o 16% a 23.6% sobre la media de los testigos (12.29 ton/ha).

Cuadro 10. Rendimiento y clasificación de cada una de las líneas por probador (T) a través de 5 localidades de evaluación.

Líneas	Probador T1		Probador T2		Probador T3		Probador T4		Probador T5		Probador T6		Media de Líneas	
	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición
LINEA_1	12.149	130	14.063	23	14.624	36	13.506	96	13.455	93	12.695	126	13.415	100
LINEA_2	12.599	115	13.380	70	14.573	42	14.461	30	14.003	52	13.609	74	13.771	53
LINEA_3	13.193	71	12.236	127	14.333	63	14.186	40	13.556	86	12.482	132	13.331	108
LINEA_4	12.797	101	11.917	132	15.076	15	14.541	25	13.253	109	13.482	80	13.511	88
LINEA_5	13.517	42	13.497	62	14.461	53	13.711	74	13.498	89	14.054	47	13.790	50
LINEA_6	12.716	107	14.951	3	12.934	129	13.773	70	14.202	33	14.036	50	13.769	54
LINEA_7	11.677	139	13.408	67	14.570	44	14.486	29	12.768	131	12.855	122	13.294	112
LINEA_8	13.514	44	12.969	97	13.995	90	13.584	87	13.349	100	12.450	133	13.310	111
LINEA_9	13.673	33	13.121	84	14.770	31	13.994	54	14.024	51	14.111	42	13.949	30
LINEA_10	12.851	97	13.538	54	13.818	96	13.232	113	14.291	26	12.781	123	13.419	99
LINEA_11	13.435	53	13.093	86	13.892	93	13.995	53	14.253	28	13.351	91	13.670	67
LINEA_12	12.648	113	13.901	29	13.379	118	13.618	83	14.599	17	12.911	119	13.509	89
LINEA_13	13.555	36	11.808	134	12.594	138	12.905	120	14.424	22	13.021	115	13.051	128
LINEA_15	12.475	119	13.083	88	14.412	58	13.769	71	14.215	30	13.194	103	13.525	83
LINEA_16	13.542	37	12.601	114	13.478	110	13.697	76	12.948	128	13.048	114	13.219	117
LINEA_17	13.687	31	12.483	118	14.106	81	12.550	130	14.096	45	13.225	100	13.358	104
LINEA_18	14.262	6	12.581	116	13.402	116	12.881	122	14.481	20	13.786	65	13.565	78
LINEA_19	13.536	39	13.969	28	14.240	73	14.184	41	13.519	88	14.384	26	13.972	28
LINEA_20	15.045	2	14.368	14	14.877	22	13.467	99	13.731	71	14.158	37	14.274	8
LINEA_21	13.530	40	13.997	27	13.435	115	13.552	91	14.703	14	14.062	46	13.880	42
LINEA_22	13.036	88	13.400	68	16.085	2	13.977	57	13.465	91	14.760	11	14.120	21
LINEA_23	13.419	57	13.482	63	14.583	40	12.927	119	14.033	50	13.012	116	13.576	76
LINEA_24	12.963	93	13.769	38	14.602	38	13.599	86	13.131	117	13.176	104	13.540	81
LINEA_25	13.682	32	12.060	131	12.690	136	11.663	142	13.132	116	13.169	105	12.733	138
LINEA_26	13.176	73	10.783	142	12.747	134	12.252	134	12.592	135	12.124	138	12.279	142
LINEA_28	13.107	80	12.212	128	12.711	135	12.893	121	13.710	73	12.036	139	12.778	136
LINEA_29	13.164	74	12.656	112	13.549	107	12.747	125	14.801	10	13.731	67	13.441	95
LINEA_31	12.681	111	12.591	115	13.393	117	13.514	94	13.707	74	12.909	120	13.132	123
LINEA_33	13.141	76	11.776	137	14.413	57	13.540	93	14.087	47	10.990	142	12.991	131
LINEA_34	13.477	47	11.752	138	13.440	113	11.853	141	13.145	114	12.541	130	12.701	139
LINEA_35	13.813	24	12.670	110	14.069	86	13.642	80	13.544	87	13.292	95	13.505	90
LINEA_36	13.423	55	12.713	107	13.943	92	12.644	129	12.669	133	13.113	110	13.084	125
LINEA_37	13.404	58	14.158	19	14.029	88	14.282	35	12.977	125	13.275	97	13.688	64
LINEA_38	14.068	14	13.579	50	14.341	62	13.850	63	13.705	75	13.694	68	13.873	43
LINEA_39	13.145	75	12.928	100	14.521	47	13.008	117	13.078	121	13.347	92	13.338	106
LINEA_40	13.001	90	13.549	53	14.809	29	13.369	106	14.189	36	13.246	99	13.694	61
LINEA_41	13.343	61	14.055	24	14.155	78	13.709	75	13.433	95	13.267	98	13.661	70
LINEA_42	15.300	1	13.280	72	14.269	72	14.983	10	15.175	6	15.370	4	14.729	2
LINEA_43	13.483	45	14.427	13	15.113	14	13.602	85	13.690	76	14.548	17	14.144	18
LINEA_44	12.633	114	14.538	10	14.989	18	13.628	82	14.785	11	14.087	45	14.110	22
LINEA_45	14.356	5	13.202	80	13.674	102	13.886	60	15.063	8	13.905	58	14.014	26
LINEA_46	14.005	19	14.625	9	14.844	25	13.375	105	13.073	122	14.534	19	14.076	23
LINEA_47	13.917	21	14.044	25	15.155	12	15.689	1	14.322	24	14.606	15	14.622	3
LINEA_48	13.236	68	13.829	33	14.291	68	12.714	126	13.414	96	13.954	54	13.573	77
LINEA_49	12.735	106	15.691	1	15.397	8	14.555	23	15.461	1	13.436	84	14.546	4
LINEA_50	14.030	15	14.185	18	14.942	21	14.530	27	14.581	19	14.658	13	14.488	5
LINEA_51	13.115	79	13.061	90	15.539	6	13.335	110	13.681	78	13.324	93	13.676	66
LINEA_52	13.317	63	13.505	59	13.580	105	14.052	50	13.863	59	14.182	34	13.750	55
LINEA_53	11.771	138	12.689	108	14.099	83	13.575	89	14.840	9	13.874	60	13.475	91
LINEA_54	12.306	124	13.270	75	13.876	94	13.614	84	14.094	46	13.935	55	13.516	85
LINEA_55	12.372	123	12.664	111	14.835	26	13.862	61	13.309	104	13.570	78	13.435	96
LINEA_56	14.005	18	14.073	22	14.495	51	14.553	24	15.268	3	13.159	106	14.259	10
LINEA_57	12.464	120	13.181	83	13.222	121	13.475	97	13.108	118	13.433	86	13.147	121
LINEA_58	13.257	67	14.460	12	14.729	33	13.786	68	13.997	54	14.553	16	14.131	19
LINEA_59	12.009	134	14.849	6	14.608	37	12.408	133	13.658	79	14.304	28	13.639	72
LINEA_60	13.223	70	12.246	126	13.443	112	13.749	72	13.354	99	13.599	76	13.269	114
LINEA_61	13.312	64	12.487	117	14.390	61	14.444	31	13.683	77	13.814	63	13.688	63
LINEA_62	13.395	60	12.743	106	14.099	82	14.442	32	14.148	39	13.465	81	13.715	59
LINEA_63	13.105	81	13.836	32	14.563	46	13.426	103	12.898	130	15.552	1	13.897	40

Cuadro 10. Continuación...

Líneas	Probador T1		Probador T2		Probador T3		Probador T4		Probador T5		Probador T6		Media de Líneas	
	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición
LINEA_64	12.738	105	13.524	56	14.392	60	14.859	13	13.813	64	14.155	38	13.914	36
LINEA_65	11.847	137	12.682	109	14.512	49	14.875	11	13.361	98	13.389	89	13.444	94
LINEA_66	13.810	25	13.065	89	13.984	91	13.634	81	13.582	85	13.058	112	13.522	84
LINEA_67	13.091	85	12.848	102	13.678	101	13.676	78	14.181	38	13.880	59	13.559	79
LINEA_68	12.275	125	13.278	73	13.694	100	14.161	42	13.800	66	14.288	30	13.583	75
LINEA_69	12.091	131	12.938	99	13.180	124	14.838	14	14.135	40	12.551	129	13.289	113
LINEA_70	12.554	117	14.126	20	14.848	24	13.853	62	14.707	13	12.908	121	13.833	46
LINEA_71	12.066	133	13.054	92	13.600	104	14.050	51	13.880	57	14.092	44	13.457	93
LINEA_72	13.660	34	12.895	101	15.138	13	15.552	2	14.265	27	14.109	43	14.270	9
LINEA_73	12.969	92	14.949	4	14.443	55	13.842	64	15.152	7	13.601	75	14.160	16
LINEA_74	12.165	128	13.646	47	12.799	131	14.595	22	14.437	21	14.320	27	13.660	71
LINEA_75	13.818	98	13.261	76	14.289	69	14.698	18	14.250	29	14.269	31	13.931	31
LINEA_76	12.586	116	14.282	15	15.452	7	13.984	55	15.181	5	13.816	62	14.217	12
LINEA_77	12.998	91	12.212	129	15.580	5	14.113	46	14.586	18	15.402	3	14.149	17
LINEA_78	13.873	22	13.770	37	14.799	30	12.530	131	14.214	31	14.392	25	13.930	32
LINEA_79	13.480	46	13.239	77	13.295	120	14.101	48	13.984	55	13.915	57	13.669	69
LINEA_80	12.757	103	13.086	87	13.505	109	14.196	37	14.000	53	15.296	5	13.807	47
LINEA_81	13.305	65	13.646	46	14.810	28	15.001	9	13.447	94	14.547	18	14.126	20
LINEA_82	12.671	112	14.535	11	14.959	20	13.344	109	14.060	48	14.816	9	14.064	24
LINEA_83	14.397	4	15.347	2	16.015	4	15.107	5	15.232	4	15.031	6	15.188	1
LINEA_84	12.683	110	13.520	57	14.854	23	14.192	38	13.824	63	14.477	21	13.925	33
LINEA_85	13.452	50	13.774	36	13.642	103	13.459	101	14.190	35	13.778	66	13.716	58
LINEA_87	12.897	96	13.611	49	12.986	127	15.086	6	14.045	49	14.171	35	13.799	49
LINEA_88	11.907	136	12.771	104	14.519	48	14.287	34	13.832	62	12.644	128	13.327	109
LINEA_89	14.118	13	12.382	121	14.569	45	13.463	100	14.212	32	14.702	12	13.908	37
LINEA_90	12.543	118	13.339	71	13.181	123	13.686	77	13.269	108	11.933	141	12.992	130
LINEA_91	12.241	126	12.346	123	11.986	142	14.609	21	13.329	101	13.434	85	12.991	133
LINEA_92	13.066	86	14.851	5	14.467	52	12.080	137	13.038	123	13.811	64	13.552	80
LINEA_93	11.515	141	13.723	42	13.218	122	13.301	112	13.479	90	14.127	41	13.227	116
LINEA_94	12.422	122	13.497	61	14.188	74	14.107	47	13.170	113	12.125	137	13.252	115
LINEA_95	12.710	108	13.212	79	12.767	132	12.857	123	13.585	84	13.686	69	13.136	122
LINEA_96	13.096	83	13.763	39	13.526	108	14.781	16	14.295	25	12.952	117	13.735	56
LINEA_97	13.458	48	13.054	91	14.177	76	13.473	98	13.799	68	15.431	2	13.899	38
LINEA_98	14.004	20	11.780	136	14.505	50	13.100	115	14.188	37	14.438	23	13.669	68
LINEA_99	13.444	52	13.634	48	13.699	99	13.774	69	13.461	92	14.044	49	13.676	65
LINEA_100	13.039	87	14.229	16	12.377	139	13.676	79	14.637	16	13.115	109	13.512	87
LINEA_101	12.926	95	14.769	7	14.093	84	14.869	12	14.328	23	14.293	29	14.213	13
LINEA_102	12.812	100	12.268	125	14.734	32	13.455	102	13.800	67	13.195	102	13.378	102
LINEA_103	14.223	8	12.640	113	14.285	70	13.980	56	12.277	139	13.686	70	13.515	86
LINEA_104	13.700	29	13.113	85	14.188	75	13.309	111	12.964	127	13.053	113	13.388	101
LINEA_105	14.218	9	12.277	124	13.783	98	13.842	65	12.464	136	13.484	79	13.345	105
LINEA_106	13.402	59	13.276	74	13.579	106	15.086	7	13.806	65	14.781	10	13.988	27
LINEA_107	12.790	102	13.567	52	15.320	11	15.374	4	14.102	44	15.013	7	14.361	6
LINEA_108	13.332	62	13.191	82	14.061	87	14.160	43	13.754	69	14.137	40	13.772	52
LINEA_109	13.537	38	13.381	69	15.335	10	14.641	20	12.910	129	13.984	53	13.965	29
LINEA_110	13.447	51	13.749	40	15.074	16	15.051	8	13.749	70	14.403	24	14.246	11
LINEA_111	13.139	77	11.781	135	14.175	77	13.098	116	13.092	119	13.638	73	13.154	120
LINEA_112	12.237	127	12.763	105	14.274	71	14.813	15	11.521	142	12.753	124	13.060	127
LINEA_113	13.021	89	14.088	21	13.863	95	13.363	108	12.373	138	13.829	61	13.423	98
LINEA_114	13.523	41	13.824	34	14.132	80	14.530	26	13.313	103	14.022	52	13.891	41
LINEA_115	14.189	10	12.979	95	14.330	64	13.715	73	13.283	107	13.661	71	13.693	62
LINEA_116	12.962	94	13.679	43	14.142	79	14.025	52	14.124	41	13.461	82	13.732	57
LINEA_117	13.720	28	13.858	31	13.034	126	13.576	88	12.975	126	11.995	140	13.193	119
LINEA_118	13.823	23	13.664	44	16.052	3	13.903	58	13.976	56	12.951	118	14.062	25
LINEA_119	11.910	135	11.871	133	14.626	35	13.837	66	13.179	112	12.515	131	12.990	134
LINEA_120	13.767	26	13.450	66	14.444	54	12.670	128	14.698	15	14.521	20	13.925	34
LINEA_121	13.093	84	13.051	93	14.394	59	13.384	104	13.724	72	13.152	108	13.466	92
LINEA_122	11.667	140	11.442	141	13.435	114	14.210	36	13.654	80	13.652	72	13.010	129
LINEA_123	11.488	142	12.970	96	14.309	66	11.922	140	12.436	137	13.315	94	12.740	137

Cuadro 10. Continuación...

Líneas	Probador T1		Probador T2		Probador T3		Probador T4		Probador T5		Probador T6		Media de Líneas	
	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición	Ton/ha	Posición
LINEA_124	13.454	49	13.214	78	16.285	1	14.188	39	14.730	12	13.289	96	14.193	15
LINEA_125	12.814	99	13.462	65	13.074	125	12.857	124	12.991	124	12.749	125	12.991	132
LINEA_126	14.025	16	13.193	81	14.317	65	12.941	118	13.141	115	12.389	135	13.335	107
LINEA_127	13.258	66	13.468	64	12.617	137	11.978	139	13.405	97	13.923	56	13.108	124
LINEA_128	14.016	17	14.193	17	12.904	130	13.572	90	13.249	110	12.654	127	13.431	97
LINEA_129	13.562	35	14.700	8	12.749	133	14.495	28	13.833	61	14.155	38	13.916	35
LINEA_130	13.696	30	11.507	140	12.226	140	12.185	136	13.295	106	13.080	111	12.665	140
LINEA_131	12.151	129	12.375	122	13.810	97	11.979	138	14.109	43	13.208	101	12.939	135
LINEA_132	13.724	27	13.528	55	13.448	111	13.364	107	15.319	2	13.419	88	13.801	48
LINEA_134	12.425	121	12.469	119	13.306	119	12.461	132	12.626	134	12.425	134	12.619	141
LINEA_135	12.702	109	12.965	98	14.826	27	14.116	44	12.211	141	13.428	87	13.375	103
LINEA_136	14.241	7	13.011	94	14.586	39	15.480	3	14.192	34	14.168	36	14.280	7
LINEA_137	13.138	78	13.822	35	14.442	56	13.892	59	13.875	58	14.215	33	13.897	39
LINEA_138	12.742	104	13.659	45	14.028	89	14.115	45	13.860	60	14.644	14	13.841	45
LINEA_139	14.150	11	12.113	130	12.972	128	13.544	92	13.320	102	12.344	136	13.074	126
LINEA_140	12.068	132	12.430	120	14.633	34	13.145	114	12.692	132	14.228	32	13.199	118
LINEA_141	13.515	43	11.712	139	14.571	43	13.832	67	13.296	105	14.886	8	13.635	73
LINEA_142	14.147	12	13.516	58	11.993	141	14.413	33	12.239	140	13.587	77	13.316	110
LINEA_143	13.177	72	12.812	103	14.076	85	13.509	95	13.617	82	14.028	51	13.537	82
LINEA_144	13.104	82	13.571	51	14.987	19	14.692	19	13.634	81	13.157	107	13.858	44
LINEA_145	13.229	69	13.504	60	14.307	67	12.697	127	13.594	83	14.458	22	13.632	74
LINEA_146	14.409	3	14.029	26	15.393	9	14.744	17	13.201	111	13.443	83	14.203	14
LINEA_147	13.419	56	13.877	30	15.043	17	12.208	135	14.119	42	14.050	48	13.786	51
LINEA_148	13.424	54	13.746	41	14.574	41	14.085	49	13.079	120	13.372	90	13.713	60
Media por Probador	13.169	6	13.284	5	14.139	1	13.757	2	13.739	3	13.653	4	13.624	

Aunque no hubo diferencias significativas entre las medias de probadores, para las diferentes características (Cuadro 11), se puede ver que el T3 es el probador con mayor rendimiento sacando una ventaja con respecto al segundo lugar T4 de 382 kilogramos equivalente a 3% más en rendimiento de grano, comparando el T3 con el probador T1 que fue el que en promedio rindió menos, el T3 es 970 kg o 7 % mayor que el probador T1 menos rendidor.

Para el caso de la característica de acame total de planta, el probador con menor acame fue el probador T5 con 2.075 % en promedio de todas las observaciones o cruza de prueba, el probador T3 fue el que mayor porcentaje de acame presentó con un valor de 6.101% a través de todas las pruebas, aunque esta característica mostró diferencias altamente significativas en la fuente de interacción Línea X Probador, esto indica que diferencias de acame

para cada una de las líneas y es donde podemos enfocar la selección para mejorar esta característica.

Cuadro 11. Media de cada uno de los probadores a través de repeticiones para las diferentes características evaluadas.

Probador	Rendimiento Ton/ha	Índice de Selección	Humedad de grano %	Total de plantas acumadas %
T1	13.17	108.36	15.30	3.72
T2	13.28	101.16	17.68	2.72
T3	14.14	108.33	17.14	6.10
T4	13.76	107.40	16.13	5.04
T5	13.74	107.10	16.49	2.08
T6	13.65	107.58	15.77	4.26

En general, podemos observar que aunque los probadores son de reducida base genética e incluso existe cierto grado de parentesco en cada uno de ellos, de acuerdo a los datos de similaridad mostrados en la sección de material genético, sin embargo sus cruces de prueba presentan una gran diversidad en las características evaluadas desde diferencias en rendimiento hasta las diferencias en humedad de grano a cosecha y acame total de planta.

4.1.1 Aptitud Combinatoria General.

Uno de los parámetros más importantes en el mejoramiento genético es la Aptitud Combinatoria General y la Aptitud Combinatoria Específica; en el Cuadro 7, pudimos observar los cuadrados medios para las diferentes características en evaluación, a través de todos los sitios; los cuales muestran una significancia alta ($P < 0.01$), tanto para líneas como probadores; en la interacción línea por probador; para el caso de rendimiento no es significativo; por lo cual usaremos el índice de selección como mejor parámetro para

seleccionar las mejores líneas, debido a que este involucra todas las características en un solo valor, esto nos ayudará a descartar genotipos que agronómicamente no son muy deseables, manteniendo así un equilibrio en rendimiento y características agronómicas deseadas.

Como la fuente de probadores y líneas mostró ser altamente significativo para todas las características, indicándonos que las líneas tienen un comportamiento diferente cuando se usan diferentes probadores, así mismo los probadores se comportan diferente cada uno de ellos.

Los análisis de ACG, mediante el método del mejor predictor lineal insesgado (MPLI), se muestran en el Cuadro 12; valores de ACG para cada línea a través de localidades en cada una de las variables medidas; donde el índice de selección se encuentra sorteado de forma ascendente y transformado en porcentaje para facilitar el manejo de la información en general.

Si consideramos los mejores genotipos; para el caso de rendimiento e índice de selección, debemos seleccionar los efectos del MPLI que se encuentran arriba de 100, que en valores no transformados a porcentaje estos se muestran como efectos positivos (ver datos de MPLI en el apéndice) y para el caso de humedad de grano y acame de tallo los valores deben ser menores a 100 o al menos no muy lejanos hacia arriba. Si consideramos los datos del testigo, en rendimiento 89, índice de selección 91, humedad de grano 95, y plantas totales acamadas 94, tenemos la posibilidad de seleccionar de 20 a 25 genotipos con alta ACG comparados con el testigo.

Los efectos que se muestran para ACG, son efecto puramente aditivos de las líneas S_1 , debido a que los efectos de interacción línea por probador y efectos ambientales supone que son nulos; usando el método MPLI, según Hidalgo (2003).

Los mejores 10 genotipos para GCA son LINEA_83, LINEA_47, LINEA_124, LINEA_136, LINEA_49, LINEA_56, LINEA_43, LINEA_2, LINEA_50 Y

LINEA_110, estas se encuentran en rangos de rendimiento de 101 a 107, índice de selección de 104 a 107, contenido de humedad del grano oscilando de 95 a 101 y para el caso de la variable total de plantas acamadas entre -6 y 131; esta variable muestra un gran diferencia a través de los genotipos.

La LINEA_146 presenta buenos datos de rendimiento, índice de selección y acame, sin embargo ligeramente con ciclo más tardío, LINEA_44 muestra buen comportamiento en rendimiento, índice de selección y madurez, sin embargo un valor muy alto en acame con valor de 141.

Cuadro 12. MPLI en porcentaje para aptitud combinatoria general de las líneas S₁, para las diferentes características.

Mejor Predictor Lineal Insesgado (%)				
Genotipo	Rendimiento	Indice de selección	Humedad de grano	Total de plantas acamadas
LINEA_83	107	107	100	93
LINEA_47	104	105	97	86
LINEA_124	102	105	101	28
LINEA_136	103	105	100	-6
LINEA_146	104	105	102	25
LINEA_49	104	105	99	88
LINEA_56	102	104	96	84
LINEA_44	103	104	99	141
LINEA_43	102	104	95	115
LINEA_2	101	104	95	94
LINEA_50	104	104	99	131
LINEA_110	103	104	100	95
LINEA_42	105	104	102	313
LINEA_58	103	104	98	145
LINEA_51	100	103	97	99
LINEA_144	101	103	99	57
LINEA_11	100	103	99	110
LINEA_15	100	103	99	121
LINEA_72	103	103	96	67
LINEA_37	100	103	98	55
LINEA_137	101	103	99	41
LINEA_114	101	103	95	65
LINEA_12	99	103	96	171
LINEA_38	100	103	100	78
LINEA_46	102	103	97	75
LINEA_129	101	103	98	35
LINEA_52	100	102	100	94
LINEA_40	100	102	99	74
LINEA_24	100	102	98	46
LINEA_138	101	102	100	25
LINEA_3	99	102	98	-8
LINEA_104	99	102	96	82
LINEA_101	102	102	99	223
LINEA_6	101	102	98	101
LINEA_53	99	102	101	57
LINEA_76	102	102	101	16

Cuadro 12. Continuación...

Mejor Predictor Lineal Insesgado (%)				
Genotipo	Rendimiento	Indice de selección	Humedad de grano	Total de plantas acamadas
LINEA_18	100	102	100	86
LINEA_59	100	102	98	78
LINEA_29	100	102	103	137
LINEA_108	101	102	101	120
LINEA_39	99	101	94	114
LINEA_107	103	101	104	102
LINEA_4	99	101	100	56
LINEA_97	101	101	100	190
LINEA_45	102	101	99	139
LINEA_96	101	101	99	131
LINEA_63	101	101	102	-7
LINEA_82	102	101	100	109
LINEA_106	101	101	102	63
LINEA_77	101	101	100	43
LINEA_147	101	101	102	4
LINEA_19	101	101	97	143
LINEA_20	102	101	98	181
LINEA_35	99	101	99	77
LINEA_73	102	101	100	52
LINEA_92	100	101	96	145
LINEA_116	100	101	102	55
LINEA_1	99	101	98	49
LINEA_21	101	101	96	119
LINEA_22	102	101	97	154
LINEA_148	102	101	98	63
LINEA_120	102	101	102	57
LINEA_99	99	101	97	259
LINEA_115	100	100	99	137
LINEA_118	102	100	102	81
LINEA_61	100	100	101	-10
LINEA_64	101	100	103	75
LINEA_89	101	100	105	109
LINEA_109	101	100	104	108
LINEA_10	99	100	99	83
LINEA_62	101	100	100	38
LINEA_85	100	100	102	157
LINEA_93	98	100	99	34
LINEA_143	99	100	101	75
LINEA_31	98	100	102	66
LINEA_17	99	100	102	110

Cuadro 12. Continuación...

Mejor Predictor Lineal Insesgado (%)				
Genotipo	Rendimiento	Índice de selección	Humedad de grano	Total de plantas acamadas
LINEA_98	100	100	105	104
LINEA_16	99	100	99	103
LINEA_87	101	100	97	114
LINEA_9	102	100	95	248
LINEA_145	101	100	103	107
LINEA_81	102	100	102	182
LINEA_55	99	100	101	118
LINEA_48	100	99	98	132
LINEA_75	101	99	106	12
LINEA_128	100	99	100	106
LINEA_33	97	99	100	26
LINEA_54	99	99	103	94
LINEA_100	99	99	95	273
LINEA_41	100	99	100	154
LINEA_113	99	99	99	67
LINEA_13	97	99	98	220
LINEA_102	98	99	95	135
LINEA_103	100	99	97	151
LINEA_70	101	99	99	117
LINEA_28	96	99	101	20
LINEA_121	99	99	99	60
LINEA_78	101	99	102	129
LINEA_5	100	99	99	113
LINEA_57	98	99	99	87
LINEA_23	100	99	97	88
LINEA_94	98	99	100	135
LINEA_84	101	99	104	86
LINEA_117	98	99	100	76
LINEA_95	98	99	97	173
LINEA_135	99	98	107	46
LINEA_80	101	98	104	85
LINEA_111	98	98	99	50
LINEA_74	100	98	104	16
LINEA_142	99	98	98	170
LINEA_141	100	98	110	43
LINEA_90	97	98	94	138
LINEA_7	99	98	93	97
LINEA_36	98	98	100	134

Cuadro 12. Continuación...

Mejor Predictor Lineal Insesgado (%)				
Genotipo	Rendimiento	Indice de selección	Humedad de grano	Total de plantas acamadas
LINEA_91	98	98	98	114
LINEA_140	98	98	106	21
LINEA_66	100	98	96	60
LINEA_68	100	98	101	90
LINEA_65	99	98	99	62
LINEA_67	100	98	99	92
LINEA_112	98	98	103	39
LINEA_60	99	97	100	87
LINEA_71	99	97	99	63
LINEA_132	100	97	108	293
LINEA_25	96	97	97	92
LINEA_139	98	97	98	85
LINEA_8	99	97	94	149
LINEA_79	100	97	102	146
LINEA_34	96	97	102	64
LINEA_69	98	97	99	14
LINEA_119	97	97	99	63
LINEA_126	100	96	100	122
LINEA_122	98	96	102	81
LINEA_127	99	96	105	168
LINEA_88	99	96	104	92
LINEA_131	97	96	104	207
LINEA_105	99	96	102	223
LINEA_123	96	95	102	38
LINEA_125	98	93	106	115
LINEA_134	96	93	104	243
LINEA_130	96	92	109	226
LINEA_26	94	89	113	41
Testigos	89	91	95	94
Intercepto	13.18958	103.41172	17.29973	1.75106

En la Figura 2, se observa la dispersión y el grado de separación de cada uno de los genotipos de acuerdo a los efectos calculados con el MPLI para ACG; la grafica muestra los genotipos superiores en la parte del circulo verde de la

gráfica y al inverso, los genotipos con baja ACG, en valores negativos, y la media de los testigos comerciales en el cirulo rojo en la parte inferior.

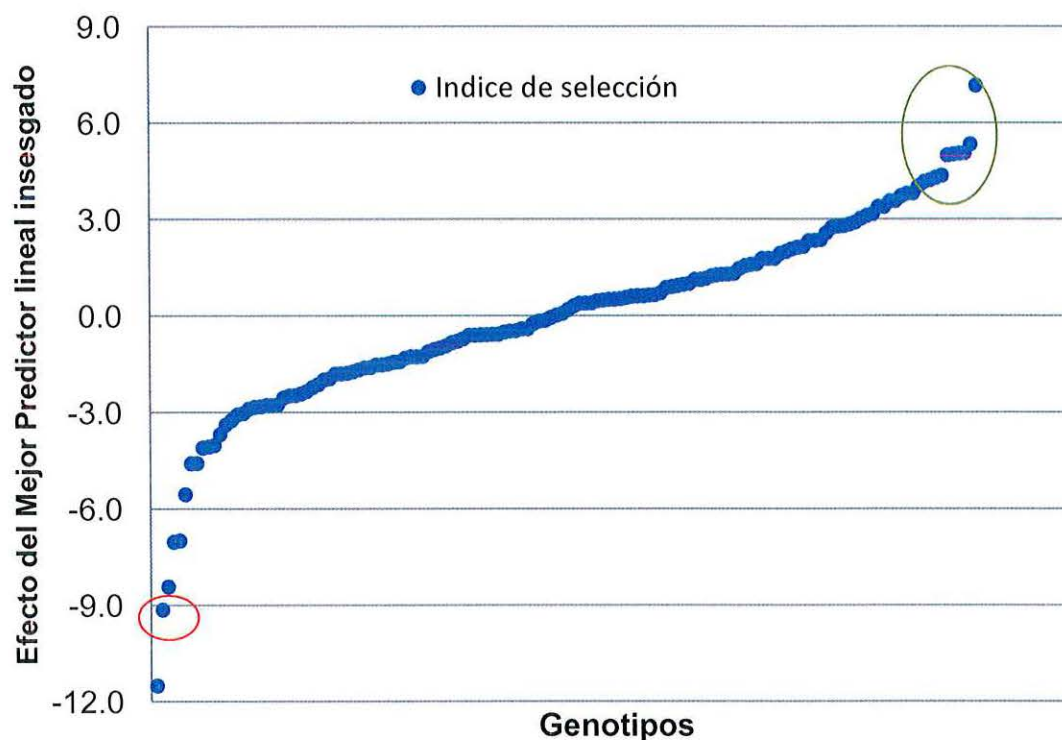


Figura 2. Efectos de ACG utilizando el mejor predictor lineal inesgado, basado en el modelo de efectos mixtos.

La aptitud combinatoria para el caso de probadores se muestra en el Cuadro 13, el probador con mayor ACG para la variable índice de selección es T1 y el de efecto mas bajo es el T2; estos mismos ocupan el sexto y quinto lugar para el caso de la variable rendimiento, respectivamente. El probador que tiene un mejor balance en rendimiento e índice de selección es el T3 debido a que tiene el mayor valor en rendimiento y el segundo en índice de selección

Cuadro 13. MPLI para Aptitud Combinatoria General de cada uno de los probadores, para las diferentes características.

Probador	MPLI				MPLI %			
	Índice de selección	Rendimiento	Humedad	Total de plantas acamadas	Índice de selección	Rendimiento	Humedad	Total de plantas acamadas
T1	5.35	0.06	-0.95	-0.45	105.17	100.48	94.51	74.17
T2	-4.34	-0.15	1.39	-1.12	95.81	98.87	108.05	36.29
T3	3.15	0.71	0.86	1.89	103.05	105.35	104.98	207.95
T4	1.61	0.32	-0.14	1.11	101.56	102.39	99.17	163.37
T5	1.39	0.31	0.22	-1.65	101.35	102.32	101.26	5.74
T6	1.97	0.21	-0.51	0.32	101.91	101.62	97.05	118.10
Intercepto	103.41	13.19	17.30	1.75				

4.2 Probadores.

Se calcularon correlaciones de rango con los resultados obtenidos en el año 2008-2009 y 2009-2010, con el probador T1 y sus 142 cruzas para ambos años; y no existe correlación alguna (0.221); esto nos hace ver que existe interacción ambiental a través de años y las cruzas se comportan diferentes a través de los años.

Debido a que la información generada de correlaciones fue muy extensa, se presenta en el apéndice, solo se presentan los resultados de probadores individuales comparada con la media de todos los probadores. En el Cuadro 14, se muestran los coeficientes de correlación obtenidos para probadores individuales comparados con la media general de rendimiento de los 6 probadores, utilizando las 142 observaciones de cada línea, las correlaciones son muy bajas cuando comparamos probadores individuales, T2 contra T3 y T5 igual a 0.241; sin embargo cuando se compara con la media de todos los probadores el valor incrementó a 0.599 y con significancia alta < 0.01 ; lo mismo sucede con el probador T3, con una correlación alta, T4 y T6 y con una correlación de 0.582 y 0.680 respectivamente y con una alta significancia.

Los probadores que tuvieron mayor correlación para rendimiento de grano, con la media total de los probadores en orden descendente, fueron, T6 = 0.680**, T2 = 0.599**, T3 = 0.582**, T5 = 0.540**, T4 = 0.502** y el que menor correlación presentó fue el T1 = 0.328**.

En el Cuadro 15, se presentan las correlaciones considerando la variable índice de selección, donde la tendencia de correlaciones entre probadores es ligeramente mas alta que para rendimiento, las correlaciones más altas las presenta los probadores, T3 = 0.657**, T6 = 0.640**, T2 = 0.635**, T4 = 0.563**, y los que presenta baja correlación, T5 = 0.372** y T1= 0.275**. Los probadores que ocupan los primeros 3 lugares en correlación alta en ambas características son T2, T3 y T6, para el caso del probador T1, fue el que menor correlación tubo para las dos características; considerando la correlación de las 142 cruza de prueba.

El probador T4, mostro ser el de menor aptitud combinatoria general, en rendimiento e índice de selección.

Cuadro 14. Coeficiente de correlación entre medias para rendimiento de grano, con diferente número de probadores y sus combinaciones posibles.

	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T1T2T3T4T5T6
T1	1.000	0.038	0.032	-0.034	0.031	0.133	0.328
	-	0.653	0.706	0.692	0.713	0.115	<.0001
T2		-	0.241	0.183	0.241	0.302	0.599
			0.004	0.030	0.004	0.000	<.0001
T3			-	0.238	0.118	0.299	0.582
				0.004	0.162	0.000	<.0001
T4				-	0.201	0.247	0.502
					0.016	0.003	<.0001
T5					-	0.285	0.540
						0.001	<.0001
T6						-	0.680
							<.0001
T1T2T3T4T5T6							-

T1T2T3T4T5T6 = Incluye la media de rendimiento de todos los probadores.

Cuadro 15. Coeficiente de correlación entre medias del índice de selección, con diferente número de probadores y sus combinaciones posibles.

	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T1T2T3T4T5T6
T1	-	0.016	-0.025	-0.095	0.063	0.058	0.275
		0.849	0.772	0.259	0.455	0.497	0.001
T2		-	0.282	0.314	0.166	0.315	0.635
			0.001	0.000	0.049	0.000	<.0001
T3			-	0.375	0.015	0.367	0.657
				<.0001	0.860	<.0001	<.0001
T4				-	0.071	0.304	0.563
					0.402	0.000	<.0001
T5					-	0.115	0.372
						0.172	<.0001
T6						-	0.640
							<.0001
T1T2T3T4T5T6							-

T1T2T3T4T5T6 = Incluye la media de rendimiento de todos los probadores.

Sin embargo, se buscan probadores que detecten las mejores líneas para ACG, y al mismo tiempo estas tengan características agronómicas deseables (menor acame de raíz y tallo, de ciclo de madures intermedio) es decir con un alto índice de selección y que sobresalgan en comportamiento de los testigos comerciales. Se calcularon correlaciones de rango con la variable índice de selección con efectos de MPLI para ACG, es decir eliminando los efectos ambientales y considerando solo los efectos genéticos, dichos resultados se muestran en el Cuadro 16. T1 y T4 tuvieron una correlación de -.435 y <0.01 , lo que muestra que la clasificación que realiza cada uno de estos probadores es completamente opuesta y por lo tanto la discriminación que realizan es diferente. Si se observa el probador T1, sus correlaciones con los demás probadores (aunque en valores bajos) son negativos, incluyendo los efectos del grupo formado por todos los probadores; si relacionamos el ANOVA, este probador no presentó significancia para todas las variables medidas, lo cual nos indica que no es un probador que nos ayude a discriminar en dichas variables.

El probador T5, también presenta correlaciones negativas con cada uno de los probadores, y es el único probador que no muestra correlación con el grupo total de probadores. Los probadores que mostraron mayor correlación con el grupo total de probadores son: T3 = 0.471**, T2 = 0.420**, T4 = 0.373**, T6 = 0.349**.

Cuadro 16. Coeficiente de correlación entre los efectos del MPLI del índice de selección, con los diferentes probadores y sus combinaciones posibles.

	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T1T2T3T4T5T6
T1	-	-0.281	-0.296	-0.435	-0.089	-0.243	-0.215
		0.001	0.000	<.0001	0.290	0.004	0.010
T2		-	0.033	0.027	-0.141	0.017	0.420
			0.697	0.747	0.094	0.842	<.0001
T3			-	0.178	-0.291	0.067	0.471
				0.034	0.001	0.428	<.0001
T4				-	-0.172	0.027	0.373
					0.041	0.750	<.0001
T5					-	-0.172	0.018
						0.041	0.835
T6						-	0.349
							<.0001
							-

T1T2T3T4T5T6 = Incluye la media de rendimiento de los probadores T1, T2, T3, T4, T5 y T6.

Normalmente los mejoradores, ponen como punto de referencia un testigo o grupo de testigos conocido en sus experimentos de evaluación y seleccionan considerando al menos 20 puntos porcentuales en rendimiento o índice de selección arriba del punto de referencia, en este estudio las mejores cruzas se muestran en el Cuadro 17, estas fueron seleccionadas en base a mejor ACG, considerando todos los probadores, características agronómicas deseables; posteriormente, se detectaron las mejores cruzas de cada uno de los probadores, y en el Cuadro de doble entrada (Cuadro 19) se muestran a la izquierda las líneas que mostraron mayor ACG y en la parte superior los probadores que seleccionaron dicha línea.

Los probadores T3 y T4 fueron los que más líneas seleccionaron, ocho cada uno y solamente dos líneas coincidieron con cada uno de ellos; el probador T2, seleccionó 5 Líneas y 4 de ellas coinciden con al menos uno de

los dos probadores anteriores; los probadores T1, T5 y T6, solamente seleccionaron entre una y dos líneas.

Cuadro 17. Las mejores Líneas en cruzas de prueba, seleccionadas por diferentes probadores a través de todos los ambientes por índice de selección.

Genotipo	T1	T2	T3	T4	T5	T6
LINEA_83		S	S			
LINEA_47				S		
LINEA_124			S			
LINEA_136				S		
LINEA_146	S		S			
LINEA_49		S	S			
LINEA_56				S		
LINEA_44					S	
LINEA_43		S	S			
LINEA_2			S			
LINEA_50				S		S
LINEA_110			S	S		
LINEA_58		S				S
LINEA_144			S	S		
LINEA_72				S		
LINEA_137						
LINEA_114		S		S		
Selecciones	1	5	8	8	1	2

Según Rawling y Thomson (1962), donde agrupó probadores de acuerdo a su nivel de aptitud combinatoria, encontró que un probador con baja aptitud combinatoria era el más eficiente para seleccionar o discriminar, sin embargo en este trabajo no se cumple, ya que el probador T2 es el que tiene menor aptitud combinatoria y de acuerdo a los resultados de la selección de las mejores líneas no muestra ser el mejor probador.

Por otro lado las correlaciones entre probadores, está dada por la presión de selección a la que son sometidas las cruzas de prueba, debido a que a mayor presión de selección la tendencia de correlaciones entre probadores se

pierde; este punto coincide con Bernardo (1992), donde hace énfasis al examinar la intensidad de selección apropiada al grado de homocigosis en que se encuentran las líneas en evaluación, con el objetivo de evitar perder líneas genéticamente superiores.

En un programa de mejoramiento para detectar híbridos con un alto potencial de rendimiento, es conveniente usar una presión de selección de moderada a alta, debido a que se requieren tasas de ganancias ya sea genéticas o en rendimiento altas. Si calculamos correlaciones de las mejores 17 líneas arriba mencionadas, los coeficientes de correlación disminuyen drásticamente, incluso cuando hacemos comparaciones con el grupo total de probadores, como se muestra en el Cuadro 18, cuando se comparan los probadores T2 contra T4 y T3 contra T6, los coeficientes son altos y negativos -0.689** y -0.627** respectivamente, cuando vemos las selecciones de estos probadores, estas tienden a complementarse pero sus selecciones son muy pocas.

Los probadores T3 y T4 que fueron los que más selecciones de líneas en las cruzas de prueba mostraron y que ambos se complementan seleccionando hasta un 82% del total de las líneas más sobresalientes en ACG, no muestran correlación y el coeficiente es el más bajo de todas las observaciones, lo que nos muestra que no hay una relación y ambas tienen comportamiento diferente.

Podemos decir que estos 2 probadores son los que presentaron una selección más efectiva, debido a que cada uno selecciono cerca del 50% del total de las mejores líneas.

Cuadro 18. Coeficiente de correlación usando las mejores 17 líneas, entre los efectos del MPLI del índice de selección, con los diferentes probadores.

	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T1T2T3T4T5T6
T1	-	-0.130	-0.299	-0.218	-0.172	-0.199	-0.164
		0.619	0.244	0.400	0.510	0.445	0.529
T2		-	-0.054	-0.689	0.279	-0.044	-0.054
			0.837	0.002	0.277	0.867	0.837
T3			-	-0.012	-0.034	-0.627	0.397
				0.963	0.896	0.007	0.115
T4				-	-0.324	0.162	-0.020
					0.205	0.535	0.941
T5					-	-0.243	0.409
						0.348	0.103
T6						-	-0.216
							0.406
T1T2T3T4T5T6							-

Desde el punto de vista de un programa de mejoramiento el mejor probador es aquel que al evaluar las cruzas de prueba tiene la capacidad de 1) ser el mejor discriminador lo que es igual a más discriminativo o que genera más variabilidad entre de las cruzas de prueba, 2) el que tenga mayor rendimiento y/ó mejor índice de selección, 3) el más fácil de usar en cuestión de rendimiento *per se*, buen polinizador y adaptabilidad a las regiones de producción y 4) que sus híbridos tengan mayor adaptabilidad.

V. CONCLUSIONES.

Se identificaron dos probadores (T3 y T4) que mostraron ser más efectivos en la selección de las mejores líneas S_1 , aunque en el análisis de varianza el rendimiento no mostro ser significativo entre probadores, estos fueron los que presentaron el rendimiento más alto.

Dado que con dos probadores se seleccionó el 82% de las mejores líneas, este muestra ser el número óptimo de probadores a utilizar en un programa de mejoramiento; aunque económicamente puede ser no muy factible.

El mejor probador identificado es el T3 debido a que muestra la mas alta correlación en con respecto a la media de todos los probadores.

El probador T1, deberá ser reemplazado por otro probador, debido a que los datos muestran una dominancia en las cruza de prueba no mostrando ser capas de discriminar a través de líneas.

El probador T2, es el que muestra menor ACG, sin embargo en este estudio no mostró ser el mejor probador para discriminar las líneas.

Dado que las líneas muestran diferencia en comportamiento entre localidades, es recomendable utilizar dos o más localidades de prueba para minimizar el riesgo de descartar líneas genéticamente sobresalientes por variación ambiental.

La variable índice de selección facilita la visualización de las mejores líneas, debido a que considera variables agronómicas de valor, y no solo rendimiento.

VI. BIBLIOGRAFÍA.

Abel B. C., L. M. Pollak. 1991. Rank comparisons of unadapted maize population by testers and *per se* Evaluation. *Crop Sci.* 31: 650-656.

Bauman L. E. 1981. Review of methods used by breeders to develop superior inbreds. *Proc. Annu. Corn and Sorghum Ind. Res. Conf. Chicago IL*36:199-208

Bernardo R. 1992. Retention of genetically superior lines during early-generation testcrossing of maize. *Crop Sci.* 32:933-937

Bernardo, R. 1995. Genetic models for predicting maize single cross performance in unbalanced yield trial data. *Crop Sci.*35:141-147.

Bos I., Calgari P. 1995. *Selection Methods in Plant Breeding.* Chapman and Hall, London.

Brim C. A. 1966. A modified pedigree method of selection in soybeans. *Crop Sci.* 6:220.

Coutiño E. B. y V. A. Vidal M. 2003. Estabilidad del rendimiento de grano de híbridos de maíz usando mejores predictores lineales insesgados. *Agrociencia* 37:605-616

Davis R. L. 1934. Maize crossing values in second generation lines. *J. Agric. Res.* 48:339-359.

De La Cruz L. L., J. J. Sanchez G., J. Ron P., F. Santacruz R., E. Rodriguez G., J. A. Ruiz C., M.R. Morales R. 2008. Probadores de maíz para factores de incompatibilidad gametofítica. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 31:341-349.

Dudley J. W, Moll R. H. 1969. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. *Crop Sci*. 9:257-262.

East, E. M. 1908. Inbreeding in corn Connecticut Agric. Exp. Stn. Rep. 1907:419-428

Fan X. M., Zhang Y., Liu L., Chen H. M., Yao W. H., Kang M. S. and Yang J. Y. (2010) Improving grain yield and yield components of temperate maize using tropical germplasm, *Journal of New Seeds* 11:28–39

Fan X. M., Zhang Y., Liu L., Chen H. M., Yao W. H., Kang M. S. and Yang J. Y. (2010) Screening tropical germplasm by temperate inbred tester, *Maydica*, 55: 55-63.

Fehr W. R. 1987. *Principles of Cultivar Development*. McGraw-Hill, Inc.

Gallais A., J. Bordes. 2007 The use of double haploids in recurrent selection and hybrid development in maize. *Crop Sci*. 47:190-201.

Gender C. F. and M. W. Alexander 1962. Comparative performance of S1 progenies and test-Crosses of corn. *Crop Sci*. 6:516-519.

Hallauer A. R., E. Lopez-Perez. 1979. Comparison among testers for evaluating lines of corn. *Proc. Annu. Corn and Sorghum Ind. Res. Conf*. 34:57-75.

Hallauer A. R., Miranda J. B. 1988. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press, Ames.

Holland J. B., and M. M. Goodman. 1995. Combining ability of tropical maize accessions with US germplasm. *Crop Sci.* 35:767–773.

Hull F. H. 1945. Recurrent selection for especific combaining ability in corn. *J. Am. Soc. Agron.* 37:134-145.

Jenkins M. T. and A. M. Brunson. 1931. Methods of testing inbred lines of maize en crossbred combinations. *J. Am. Soc. Agron.* 24:523-530.

Jenkins, M.T. 1935. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon hybrids made after successive generations of selfing. *Iowa State Col. J. Sci.* 9:429-450.

Jones, D. F. 1918. The Effects of Inbreeding and Crossbreeding Upon Development. *Corn Agric Exp Stn Bull.* 207:5-100.

Kendall R. L. and M. Lee. 2006. Plant Breeding: The Arnel R. Hallauer International Symposium. Blackwell Publishing.

Leo A. D. and Paul L. C. 1968. Comparative performance of top crosses and S₁ progeny for improving populations of corn (*Zea mays* L.) *Crop Sci.* 8:191-194

Lonnquist J. H., Lindsey M. F. 1964. Topcross versus S₁ line performance in corn (*Zea Mays* L.) *Crop Sci.* 6:580-585.

López L. A., D. C. Franco, S. P. Barreto, 2007. Sobre la construcción del mejor predictor lineal insesgado (BLUP) y restricciones asociadas. *Revista Colombiana de Estadística*. 30:13-36.

Martínez G. A., A. A. Mastache L., J. V. Hidalgo C., y G. Rendón S. 2003. Mejor predictor lineal insesgado para aptitud combinatoria general y análisis combinado de los diseños II y IV de Griffing. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 26: 319–329.

Mastache L. A. A. 1998. Los mejores predictores lineales e insesgados en diseños de cruza dialélicas. Tesis Doctoral. Colegio de Postgraduados, Montecillo, Texcoco, Edo. De México.

Matzinger D. F. 1953. Comparison of three types of testers for the evaluation of inbred lines of corn. *Agronomy Journal*. 493-495.

Montesino L.A.O., A.A. Mastache L., I. Luna E. y J.V. Hidalgo C. 2007. Mejor predictor lineal e insesgado combinado para aptitud combinatoria general y análisis combinado de los diseños I y III de Griffing. *Téc. Pecu.* 45:131-146.

Rawlings J. O., D. L. Thompson, 1962 Performance level as criterion for the choice of maize tester. *Crop Sci.* 2:217-220

Rojas B. A. and G. F. Sprague. 1952 A comparison of variance components in corn yield trials III. General and specific combining ability and their interactions with locations and years. *Agron. Jour.* 44:462-466.

SAS Institute (2003). SAS proprietary software release 9.1. SAS Institute Inc., Cary, NC.

Shull G. H., 1908 The composition of a field of maize. Am. Breeders Assoc. Rep. 4: 296–301.

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

Sprague G. F., 1939 An estimation of the number of top-crossed plants required for adequate representation of a corn variety. Journal of the American Society of Agronomy. 31:11-16.

Sprague G. F. and Tatum L. A. 1942 General vs specific combining ability in single crosses of corn. Journal of the American society of agronomy. 34:923-932.

Sprague G. F. 1945 Early testing of inbred lines of corn. Journal of the American Society of Agronomy. 163:108-116.

Tiessen A., Gómez-Merino F., Trejo-Téllez L., López-Fabre A., Padilla-Chacón D., Vargas-Ortiz E., y Palacios-Rojas N. 2009. Fundamentos y Metodologías Innovadoras para el Mejoramiento Genético de Maíz. Primera Edición, Bogotá, Colombia. pp 550.

Troyer A. F. 2009. Development of hybrid corn and the seed corn industry. In J. L. Bennetzen and S Hake (eds) Handbook of maize – Volume II: Genetics and Genomics. New York.

Tobias A. S., Jens M., Albrecht E. M., Barbara K., Badev S.D., Hans-Peter P., Matias F. 2010. Prediction of hybrid performance in maize using molecular

markers and joint analyses of hybrids and parental inbreds. *Theor. Appl. Genet.* 120:451-461.

Vargas M., Crossa J., Fred A., Eeuwijk V., Ramirez M. E., Sayre K. 1999 Using partial least squares regression, factorial regression, and AMMI models for interpreting genotype X environment interaction. *Crop Sci.* 39:955-967.

Zhang Y., M. S. Kang and K. R. Lamkey. 2005. DIALLEL-SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner-Eberhart analyses. *Agron. J.* 97:1097-1106.

VII. APÉNDICE.

Cuadro A1. Aptitud Combinatoria General, líneas, probadores por localidad.

Localidad	Cuadrados Medios para Líneas				Total de plantas acamadas			
	índice de Selección	Rendimiento	Humedad					
SIMC	430.597	**	3.790	**	2.958	**	10.757	**
SIGA	375.254	**	8.191	**	3.228	**	36.994	**
SICG	541.625	**	11.038	**	4.262	**	217.111	**
SICM	390.096	**	2.455	*	5.030	**	55.609	**
SICR	358.609	*	2.771	**	4.293	**	39.624	**

Coefficiente de Variación para Líneas

SIMC	14.311	10.622	7.436	141.82
SIGA	13.289	11.932	8.152	122.25
SICG	16.853	15.106	7.789	213.49
SICM	13.382	11.346	9.307	132.28
SICR	15.139	9.055	9.867	75.77

Cuadrados Medios para Probadores

SIMC	2218.727	**	15.318	**	60.455	**	59.864	**
SIGA	1819.542	**	69.597	**	89.190	**	380.023	**
SICG	2993.663	**	50.879	**	131.048	**	977.134	**
SICM	2994.330	**	80.717	**	128.065	**	664.580	**
SICR	4101.161	**	22.617	**	206.186	**	190.074	**

Coefficiente de Variación para Probadores

SIMC	15.035	11.192	7.132	147.25
SIGA	13.824	12.937	7.494	126.94
SICG	17.501	16.887	6.949	220.16
SICM	13.911	10.181	8.722	131.74
SICR	14.867	9.088	7.985	83.93

Cuadro A2. Efecto del mejor predictor lineal insesgado para aptitud combinatoria general utilizando la variable índice de selección.

Genotipo	Testigo	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T1T2T3T4T5T6
LINEA_83		-1.16782	3.63099	2.43395	1.60891	0.08417	1.55548	7.17
LINEA_47		-1.37422	0.39167	1.52328	3.54529	0.25545	1.72041	5.33
LINEA_124		-2.38046	0.02741	6.56716	2.21484	-0.20425	-0.47282	5.06
LINEA_136		0.08122	-1.25461	1.32224	4.34087	0.34533	0.89676	5.04
LINEA_146		3.54543	1.23407	2.93779	1.75589	-2.61892	-1.15066	5.02
LINEA_49		-3.57614	4.81442	3.40684	0.81560	1.31466	-1.10339	4.99
LINEA_56		-2.35536	1.46481	2.07429	3.46207	1.40939	-1.10312	4.36
LINEA_44		0.23898	1.57595	0.48923	-0.49835	2.39378	0.67992	4.29
LINEA_43		0.09963	2.59408	2.65414	-0.98741	0.37285	0.05822	4.22
LINEA_2		-2.52745	1.31461	2.24268	2.26363	0.43008	1.01157	4.17
LINEA_50		-0.31224	1.19231	0.14153	2.55345	-1.65706	2.66598	4.03
LINEA_110		-2.61865	0.98016	2.73225	4.03076	-2.41963	1.62897	3.81
LINEA_42		2.50643	-1.89961	-2.67679	0.06928	3.42424	2.88888	3.79
LINEA_58		-0.67687	2.54681	0.00769	0.15601	-0.08329	2.27934	3.72
LINEA_51		0.29922	0.35437	4.36667	-0.60644	-0.84087	0.48740	3.57
LINEA_144		0.76388	0.41039	2.49149	2.54703	-0.47964	-1.69450	3.55
LINEA_11		-1.59165	1.10221	1.13421	2.28330	0.28939	0.63424	3.39
LINEA_15		-1.70118	0.57289	2.48270	1.39863	0.82959	0.26178	3.38
LINEA_72		-0.65046	-1.87788	1.70403	4.14375	-0.95432	1.22409	3.16
LINEA_37		-0.27040	3.68265	0.97474	2.48748	-2.93149	-0.41369	3.10
LINEA_137		-0.62198	1.55578	0.54555	0.30560	0.02913	1.61841	3.02
LINEA_114		-1.07707	2.69533	1.21932	3.02254	-3.69177	1.12830	2.90
LINEA_12		-3.35984	3.77133	0.11659	0.85356	1.95735	-0.10984	2.84
LINEA_38		1.62378	0.42005	0.73792	0.29263	-0.60836	0.70322	2.79
LINEA_46		1.01570	2.27503	1.61908	-1.17923	-2.71988	2.13876	2.77
LINEA_129		-0.08905	3.41357	-3.33817	2.53371	0.11765	0.47747	2.74
LINEA_52		-1.42183	2.21076	-2.49926	1.76207	-0.02150	2.88637	2.57
LINEA_40		-0.20842	0.08798	2.37770	-0.38172	1.93612	-1.13798	2.35
LINEA_24		0.82469	1.67822	1.61303	0.40388	-1.10948	-0.75909	2.33
LINEA_138		-1.81449	0.75411	-0.12379	1.16186	0.10551	2.55753	2.32
LINEA_3		-0.20724	-1.04809	2.70828	2.83326	0.18224	-2.02966	2.15
LINEA_104		0.80183	0.58154	1.51631	0.60354	-1.23681	0.14088	2.12
LINEA_101		-1.06636	2.66668	-0.98884	2.15665	-0.07269	-0.35081	2.06
LINEA_6		-2.46150	4.03490	-2.43857	1.38567	0.54013	1.19779	1.99
LINEA_53		-3.35224	-0.34313	0.89259	0.63460	2.73729	1.62141	1.93
LINEA_76		-2.34614	0.69415	1.99449	-1.15656	3.79924	-0.96372	1.78
LINEA_18		2.46945	-0.60800	-1.85781	-1.17985	1.06134	2.13060	1.77
LINEA_59		-3.34336	4.07795	2.22418	-2.77266	-0.63976	2.46222	1.77
LINEA_29		0.97889	0.24499	-0.68664	-2.03916	2.18710	1.14376	1.61
LINEA_108		2.87656	-2.27242	0.40531	2.08648	-0.53445	-0.75508	1.59
LINEA_39		1.95439	-0.08618	1.88921	-1.06009	-1.01642	0.08043	1.55
LINEA_107		-1.17101	-4.93644	2.09357	2.81126	0.44894	2.41793	1.46
LINEA_4		-1.56172	-2.01257	3.88158	1.08300	-0.89393	0.99040	1.31
LINEA_97		-0.65323	-0.43598	-0.56049	-1.05609	0.08781	4.07928	1.29
LINEA_45		2.23707	-1.27394	-2.55657	0.26876	3.05097	-0.27536	1.28
LINEA_96		-0.89767	2.02702	-1.01160	4.36564	-0.72334	-2.33021	1.26
LINEA_63		-1.27637	0.77144	0.85562	-1.20841	-2.31590	4.56904	1.23
LINEA_82		-3.20469	3.03177	1.42534	-1.67951	-1.43165	3.17123	1.15
LINEA_106		0.53650	-1.73861	-2.41739	2.36215	0.31443	2.21457	1.12
LINEA_77		-1.77721	-4.10686	1.84026	-0.67935	2.16671	3.82709	1.12

Cuadro A2. Continuación. . .

Genotipo	Testigo	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T1T2T3T4T5T6
LINEA_147		-0.06715	2.09944	2.18050	-4.71248	1.16299	0.46713	0.99
LINEA_19		1.87609	-0.01697	-0.95577	-0.65495	1.09306	-0.24477	0.96
LINEA_20		4.54978	0.32436	-0.91660	-2.75541	1.24551	-1.39179	0.93
LINEA_35		2.48275	-1.61638	0.82467	0.34001	0.12314	-1.13353	0.90
LINEA_73		-1.77094	2.99115	-0.95570	-0.96076	3.46400	-1.78575	0.86
LINEA_92		0.83703	5.13059	1.14444	-5.60799	-0.30859	-0.39567	0.70
LINEA_116		-2.83542	1.84648	0.82905	1.66904	-1.22901	0.45395	0.65
LINEA_1		-3.24864	0.72064	3.18059	0.93058	-0.15186	-0.70848	0.64
LINEA_21		2.80199	0.19415	-2.73458	-2.42980	3.56809	-0.70419	0.61
LINEA_22		0.03516	-1.83825	2.08191	-1.67776	0.48485	1.60928	0.61
LINEA_148		0.48370	1.37803	1.33629	0.04964	-1.57456	-0.98956	0.60
LINEA_120		2.42000	-0.26346	-0.65167	-4.11962	1.86214	1.39039	0.56
LINEA_99		0.66040	1.61714	-1.53688	0.00739	-1.85254	1.69988	0.52
LINEA_115		2.23587	-0.83629	0.83587	0.33814	-2.62173	0.62681	0.51
LINEA_118		0.31278	0.07487	3.76828	-0.82429	0.27191	-3.03481	0.50
LINEA_61		0.02565	-2.74645	0.92205	2.01410	-0.09917	0.42666	0.48
LINEA_64		-2.98369	1.58577	1.51591	2.03522	-2.37911	0.74445	0.46
LINEA_89		1.83384	-3.01241	1.02747	-1.19671	1.40610	0.38911	0.39
LINEA_109		2.00918	-0.83241	1.74877	0.77413	-2.54728	-0.71159	0.39
LINEA_10		-0.64881	1.83791	-0.11267	-0.89217	1.84489	-1.59736	0.38
LINEA_62		0.25673	-1.69415	0.02039	1.24632	1.38522	-0.87171	0.30
LINEA_85		0.92402	0.81151	-1.68650	-1.32713	1.34551	0.14651	0.19
LINEA_93		-3.45516	1.77899	-0.65383	0.31081	0.16919	1.92889	0.07
LINEA_143		0.76567	-0.60959	-1.31437	0.00719	-0.29338	1.46753	0.02
LINEA_31		-0.43744	-0.83448	0.05565	0.72688	0.23998	0.18419	-0.06
LINEA_17		1.97645	-0.83368	0.01810	-1.13096	0.23812	-0.43712	-0.15
LINEA_98		2.54116	-4.76073	0.82295	-1.32904	1.12323	1.40386	-0.17
LINEA_16		1.92968	-2.68478	0.17104	1.61414	-1.73534	0.42068	-0.25
LINEA_87		-1.73529	-0.02971	-3.94271	3.22584	1.66362	0.35370	-0.41
LINEA_9		2.49847	-2.14945	0.67402	-2.20564	1.66098	-0.94791	-0.41
LINEA_145		-0.17168	0.46032	0.93091	-3.54114	0.00100	1.78723	-0.47
LINEA_81		-1.49892	0.70580	-0.64281	2.17945	-2.21504	0.92739	-0.48
LINEA_55		-1.64622	-2.73542	2.43868	0.98780	-0.29791	0.67071	-0.51
LINEA_48		0.75363	0.62012	1.30535	-3.31825	-0.88249	0.86831	-0.57
LINEA_75		-2.01162	-0.58672	-1.00924	0.78183	1.42614	0.73842	-0.58
LINEA_128		3.49685	1.28566	-3.14869	0.56521	-1.07173	-1.79885	-0.59
LINEA_33		0.12091	-2.10592	3.22683	1.83156	1.19136	-4.94230	-0.60
LINEA_54		-2.03733	0.36375	-1.36605	0.53353	1.08973	0.72519	-0.61
LINEA_100		-0.36129	1.65947	-1.95300	-1.10919	3.45431	-2.38199	-0.61
LINEA_41		1.60057	2.50148	-0.46824	-0.82583	-1.99144	-1.63411	-0.72
LINEA_113		0.47119	1.70121	-0.95303	0.11627	-3.82589	1.58525	-0.80
LINEA_13		0.16413	-1.35842	-1.84429	-0.55293	2.05061	0.57883	-0.85
LINEA_102		-2.81810	-0.89918	3.45076	-0.15055	-1.21692	0.56457	-0.94
LINEA_103		-0.71019	-0.91289	1.59388	2.11086	-4.90154	1.67844	-1.00
LINEA_70		-1.18825	1.19669	0.06415	-0.70597	3.16125	-3.72760	-1.06
LINEA_28		1.48628	-0.32989	-2.79889	0.97459	-0.03755	-0.56361	-1.12
LINEA_121		1.13442	-0.31415	0.78334	-1.63897	0.12171	-1.52404	-1.26
LINEA_78		1.59515	-0.28883	-0.74220	-4.27307	1.65869	0.60248	-1.27
LINEA_5		0.08109	-0.50867	-0.03022	-0.90202	-0.20587	0.11705	-1.27
LINEA_57		-1.27510	0.83376	-1.16167	0.30553	-0.80263	0.60118	-1.32

Cuadro A2. Continuación. . .

Genotipo	Testigo	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T1T2T3T4T5T6
LINEA_23		2.68361	-0.61429	0.66189	-4.17109	2.55941	-2.74206	-1.43
LINEA_94		-1.10221	1.31933	-0.22951	1.35879	0.12866	-3.11330	-1.44
LINEA_84		-2.19250	-0.81452	0.90681	-0.79073	0.59079	0.60135	-1.49
LINEA_117		2.12230	2.17586	-2.38657	0.42223	-0.88694	-3.17849	-1.52
LINEA_95		1.66672	1.00062	-3.38615	-1.47859	1.49897	-1.04070	-1.53
LINEA_135		-1.24596	-0.34795	1.78508	2.53767	-4.50990	-0.04543	-1.61
LINEA_80		0.09140	-2.04461	-4.79979	0.27523	0.96550	3.67404	-1.62
LINEA_111		0.15148	-2.40508	2.48220	-0.32541	-3.29092	1.48059	-1.68
LINEA_74		-2.47680	-0.20528	-4.00337	0.88601	2.45635	1.36671	-1.74
LINEA_142		4.85241	1.89238	-4.93803	0.09258	-4.66696	0.74246	-1.78
LINEA_141		1.16383	-4.59598	0.51900	-0.83087	-1.09828	2.79552	-1.80
LINEA_90		-0.18198	1.09566	-1.41471	1.17585	0.84384	-3.56946	-1.80
LINEA_7		-1.32840	-0.12071	0.34078	1.78974	-0.62360	-2.27651	-1.95
LINEA_36		2.38518	-1.53633	0.34342	-1.51116	-1.27002	-0.67523	-1.99
LINEA_91		0.61651	-1.56342	-4.37385	3.96551	0.65183	-1.72549	-2.14
LINEA_140		-2.07398	-1.83742	1.95679	-0.96016	-2.38473	2.76334	-2.23
LINEA_66		1.19349	-0.82876	-0.79638	-1.35578	0.90541	-1.79085	-2.35
LINEA_68		-0.91213	-2.42125	-1.67465	0.57937	1.00102	0.66581	-2.43
LINEA_65		-2.69225	-1.25942	0.28030	2.79894	0.19559	-2.14146	-2.48
LINEA_67		0.47639	-2.25088	-2.41241	-0.94292	2.53046	-0.23222	-2.49
LINEA_112		-1.41545	0.03173	2.63041	4.48524	-7.85116	-0.78108	-2.55
LINEA_60		0.98593	-2.43738	-1.05461	0.32514	-1.05922	0.10087	-2.76
LINEA_71		-1.57519	-1.29663	-2.28766	0.21171	1.63972	0.14512	-2.78
LINEA_132		-1.51531	0.99687	-2.40189	-3.00538	3.62354	-0.86490	-2.79
LINEA_25		2.46777	-0.50115	-2.07985	-4.22978	-0.70847	1.84096	-2.82
LINEA_139		2.44920	-1.37767	-0.71154	-1.44182	0.16317	-2.30759	-2.84
LINEA_8		2.81479	-0.80111	-1.29760	-1.46593	1.45048	-3.98842	-2.89
LINEA_79		-0.39247	-0.90251	-4.22746	0.50129	1.83502	-0.26440	-3.04
LINEA_34		2.09655	-2.27275	0.63414	-2.58889	-1.17906	-0.18733	-3.08
LINEA_69		-1.74670	-1.33557	-2.70510	3.15443	2.14614	-3.20364	-3.25
LINEA_119		0.89157	-3.01177	1.22595	0.64690	-0.65043	-2.95150	-3.39
LINEA_126		2.17166	-0.14796	0.73863	-2.00537	-0.55146	-4.39474	-3.69
LINEA_122		-0.14835	-4.45530	-1.72792	1.07096	0.96509	-0.28463	-4.03
LINEA_127		0.80059	2.45983	-4.05134	-4.69206	-0.38859	1.24198	-4.07
LINEA_88		-1.54571	-1.63465	-0.06272	0.47512	1.70162	-3.59956	-4.10
LINEA_131		-0.84105	-0.78826	-0.94196	-4.99903	1.98569	0.36973	-4.59
LINEA_105		3.36592	-0.65587	-5.38816	-1.28658	-1.56018	0.30412	-4.59
LINEA_123		-0.67630	-0.04302	1.58179	-4.39279	-2.36613	-0.41740	-5.55
LINEA_125		0.96278	1.20599	-2.88123	-2.92100	-1.21762	-3.09229	-6.99
LINEA_134		0.09852	0.13684	-0.97688	-3.68101	-1.13915	-2.42277	-7.02
LINEA_130		2.91522	-4.05649	-4.09309	-3.50695	0.33196	-1.16772	-8.43
LINEA_26		3.99980	-6.17076	-2.81713	-4.18904	-0.89136	-3.02168	-11.52
BISONTE	2.14001	2.14001						
DK2020	-5.51757	-5.51757						
PUMA	-1.91697	-1.91697						

Intercepto

103.41

Cuadro A3. Calculo de ACG por el método del mejor predictor lineal insesgado, por línea a través de probadores, para las variables tomadas.

Genotipo	MPLI_GCA			
	Rendimiento	Índice de Selección	Humedad	Total de plantas acamadas
LINEA_83	0.870	7.166	0.055	-0.120
LINEA_47	0.528	5.333	-0.555	-0.247
LINEA_124	0.287	5.060	0.098	-1.253
LINEA_136	0.398	5.042	0.019	-1.864
LINEA_146	0.495	5.018	0.312	-1.319
LINEA_49	0.571	4.990	-0.183	-0.204
LINEA_56	0.281	4.356	-0.652	-0.279
LINEA_44	0.422	4.293	-0.170	0.714
LINEA_43	0.268	4.215	-0.874	0.260
LINEA_2	0.105	4.166	-0.780	-0.112
LINEA_50	0.502	4.033	-0.152	0.549
LINEA_110	0.338	3.813	-0.025	-0.094
LINEA_42	0.644	3.794	0.378	3.733
LINEA_58	0.352	3.721	-0.377	0.786
LINEA_51	0.027	3.572	-0.451	-0.015
LINEA_144	0.187	3.553	-0.213	-0.749
LINEA_11	-0.034	3.388	-0.113	0.180
LINEA_15	-0.034	3.382	-0.199	0.373
LINEA_72	0.380	3.157	-0.623	-0.581
LINEA_37	0.004	3.105	-0.373	-0.791
LINEA_137	0.184	3.020	-0.230	-1.027
LINEA_114	0.137	2.900	-0.916	-0.607
LINEA_12	-0.088	2.841	-0.751	1.240
LINEA_38	0.065	2.788	0.056	-0.377
LINEA_46	0.297	2.771	-0.472	-0.444
LINEA_129	0.154	2.740	-0.415	-1.143
LINEA_52	0.003	2.566	-0.042	-0.106
LINEA_40	-0.045	2.352	-0.107	-0.455
LINEA_24	-0.020	2.332	-0.367	-0.951
LINEA_138	0.100	2.323	0.071	-1.314
LINEA_3	-0.145	2.145	-0.392	-1.884
LINEA_104	-0.136	2.118	-0.739	-0.314
LINEA_101	0.300	2.063	-0.090	2.150
LINEA_6	0.073	1.987	-0.392	0.010
LINEA_53	-0.110	1.927	0.188	-0.753
LINEA_76	0.280	1.778	0.241	-1.466
LINEA_18	-0.047	1.773	-0.072	-0.242
LINEA_59	0.041	1.767	-0.360	-0.379
LINEA_29	-0.057	1.609	0.550	0.642
LINEA_108	0.193	1.589	0.174	0.346

Cuadro A3. Continuación. . .

MPLI_GCA				
Genotipo	Rendimineto	Índice de Selección	Humedad	Total de plantas acamadas
LINEA_39	-0.191	1.549	-1.081	0.250
LINEA_107	0.398	1.464	0.749	0.041
LINEA_4	-0.108	1.308	-0.030	-0.772
LINEA_97	0.134	1.286	-0.048	1.574
LINEA_45	0.255	1.276	-0.237	0.677
LINEA_96	0.100	1.258	-0.212	0.544
LINEA_63	0.164	1.228	0.343	-1.875
LINEA_82	0.264	1.155	-0.059	0.152
LINEA_106	0.195	1.119	0.330	-0.652
LINEA_77	0.191	1.118	0.047	-0.996
LINEA_147	0.145	0.994	0.399	-1.677
LINEA_19	0.182	0.965	-0.516	0.749
LINEA_20	0.297	0.929	-0.286	1.425
LINEA_35	-0.124	0.898	-0.095	-0.404
LINEA_73	0.233	0.864	0.084	-0.839
LINEA_92	-0.005	0.704	-0.632	0.794
LINEA_116	0.001	0.646	0.402	-0.796
LINEA_1	-0.136	0.636	-0.277	-0.900
LINEA_21	0.167	0.612	-0.727	0.341
LINEA_22	0.235	0.612	-0.481	0.938
LINEA_148	0.214	0.601	-0.370	-0.641
LINEA_120	0.261	0.561	0.370	-0.751
LINEA_99	-0.083	0.524	-0.487	2.784
LINEA_115	0.059	0.509	-0.196	0.645
LINEA_118	0.211	0.500	0.276	-0.325
LINEA_61	0.056	0.478	0.126	-1.926
LINEA_64	0.186	0.456	0.499	-0.447
LINEA_89	0.108	0.394	0.897	0.157
LINEA_109	0.197	0.388	0.732	0.136
LINEA_10	-0.127	0.380	-0.097	-0.298
LINEA_62	0.093	0.302	0.080	-1.093
LINEA_85	0.058	0.188	0.341	0.999
LINEA_93	-0.242	0.069	-0.244	-1.164
LINEA_143	-0.081	0.020	0.135	-0.442
LINEA_31	-0.267	-0.057	0.369	-0.598
LINEA_17	-0.119	-0.149	0.391	0.166
LINEA_98	-0.004	-0.175	0.902	0.068
LINEA_16	-0.120	-0.250	-0.176	0.050
LINEA_87	0.069	-0.409	-0.550	0.236
LINEA_9	0.238	-0.413	-0.798	2.598
LINEA_145	0.139	-0.469	0.443	0.118

Cuadro A3. Continuación. . .

Genotipo	MPLI_GCA			Total de plantas acamadas
	Rendimineto	Índice de Selección	Humedad	
LINEA_81	0.279	-0.479	0.389	1.430
LINEA_55	-0.129	-0.512	0.087	0.310
LINEA_48	0.058	-0.575	-0.315	0.557
LINEA_75	0.090	-0.582	1.098	-1.539
LINEA_128	-0.013	-0.591	0.082	0.107
LINEA_33	-0.436	-0.596	0.036	-1.292
LINEA_54	-0.119	-0.608	0.575	-0.113
LINEA_100	-0.096	-0.608	-0.796	3.021
LINEA_41	-0.016	-0.719	0.073	0.945
LINEA_113	-0.126	-0.796	-0.193	-0.585
LINEA_13	-0.374	-0.846	-0.390	2.106
LINEA_102	-0.203	-0.941	-0.850	0.606
LINEA_103	-0.043	-1.004	-0.531	0.898
LINEA_70	0.146	-1.055	-0.213	0.302
LINEA_28	-0.519	-1.116	0.252	-1.398
LINEA_121	-0.154	-1.265	-0.162	-0.702
LINEA_78	0.108	-1.274	0.272	0.507
LINEA_5	0.016	-1.274	-0.205	0.220
LINEA_57	-0.280	-1.319	-0.177	-0.220
LINEA_23	-0.015	-1.427	-0.483	-0.206
LINEA_94	-0.218	-1.441	-0.001	0.605
LINEA_84	0.166	-1.494	0.683	-0.250
LINEA_117	-0.219	-1.523	-0.035	-0.424
LINEA_95	-0.273	-1.530	-0.456	1.272
LINEA_135	-0.088	-1.607	1.218	-0.951
LINEA_80	0.116	-1.617	0.616	-0.254
LINEA_111	-0.279	-1.678	-0.175	-0.872
LINEA_74	-0.013	-1.739	0.688	-1.466
LINEA_142	-0.136	-1.782	-0.352	1.232
LINEA_141	0.010	-1.801	1.669	-0.991
LINEA_90	-0.345	-1.804	-1.097	0.666
LINEA_7	-0.176	-1.952	-1.250	-0.044
LINEA_36	-0.269	-1.992	0.050	0.602
LINEA_91	-0.301	-2.137	-0.293	0.253
LINEA_140	-0.212	-2.231	1.027	-1.389
LINEA_66	-0.053	-2.351	-0.614	-0.699
LINEA_68	0.018	-2.430	0.099	-0.172
LINEA_65	-0.090	-2.479	-0.211	-0.659
LINEA_67	0.001	-2.491	-0.127	-0.136
LINEA_112	-0.289	-2.551	0.602	-1.069
LINEA_60	-0.153	-2.762	-0.008	-0.226

Cuadro A3. Continuación. . .

MPLI_GCA				
Genotipo	Rendimineto	Índice de Selección	Humedad	Total de plantas acamadas
LINEA_71	-0.106	-2.782	-0.136	-0.639
LINEA_132	0.030	-2.786	1.463	3.386
LINEA_25	-0.527	-2.824	-0.433	-0.136
LINEA_139	-0.286	-2.838	-0.296	-0.271
LINEA_8	-0.193	-2.892	-1.109	0.861
LINEA_79	-0.060	-3.035	0.297	0.800
LINEA_34	-0.559	-3.077	0.409	-0.631
LINEA_69	-0.210	-3.247	-0.126	-1.502
LINEA_119	-0.381	-3.386	-0.226	-0.654
LINEA_126	-0.007	-3.685	0.086	0.392
LINEA_122	-0.306	-4.029	0.299	-0.336
LINEA_127	-0.184	-4.073	0.863	1.198
LINEA_88	-0.184	-4.105	0.751	-0.140
LINEA_131	-0.342	-4.588	0.680	1.881
LINEA_105	-0.176	-4.593	0.387	2.160
LINEA_123	-0.498	-5.554	0.264	-1.089
LINEA_125	-0.224	-6.988	1.061	0.270
LINEA_134	-0.534	-7.024	0.650	2.502
LINEA_130	-0.527	-8.425	1.523	2.213
LINEA_26	-0.750	-11.516	2.297	-1.027
Testigos	-1.452	-9.144	-0.870	-0.099
Intercepto	13.19	103.41	17.30	1.75

Tabla A4. Correlaciones posibles para índice de selección entre todas las combinaciones posibles de los probadores.

	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T1T2	T1T3	T1T4	T1T5	T1T6	T2T3	T2T4	T2T5	T2T6	T3T4	T3T5	T3T6	T4T5
T1	-	0.016	-0.025	-0.095	0.063	0.058	0.627	0.581	0.595	0.735	0.689	-0.015	-0.056	0.056	0.052	-0.074	0.084	0.018	-0.026
T2	0.016	-	0.282	0.314	0.166	0.315	0.756	0.202	0.261	0.137	0.233	0.742	0.796	0.811	0.823	0.341	0.323	0.355	0.330
T3	-0.025	0.282	-	0.375	0.015	0.367	0.188	0.770	0.269	0.037	0.235	0.822	0.404	0.202	0.376	0.845	0.783	0.855	0.262
T4	-0.095	0.314	0.375	-	0.071	0.304	0.187	0.234	0.703	-0.033	0.159	0.415	0.798	0.233	0.375	0.782	0.268	0.395	0.749
T5	0.063	0.166	0.015	0.071	-	0.115	0.194	0.099	0.086	0.688	0.122	0.079	0.125	0.673	0.173	0.032	0.567	0.067	0.656
T6	0.058	0.315	0.367	0.304	0.115	-	0.273	0.333	0.279	0.093	0.721	0.399	0.370	0.287	0.768	0.405	0.347	0.777	0.278
T1T2	0.627	0.756	0.188	0.187	0.194	0.273	-	0.520	0.578	0.576	0.619	0.542	0.562	0.658	0.658	0.204	0.300	0.271	0.253
T1T3	0.581	0.202	0.770	0.234	0.099	0.333	0.520	-	0.582	0.498	0.622	0.626	0.256	0.197	0.313	0.617	0.699	0.693	0.217
T1T4	0.595	0.261	0.269	0.703	0.086	0.279	0.578	0.582	-	0.468	0.607	0.307	0.584	0.213	0.327	0.552	0.256	0.322	0.564
T1T5	0.735	0.137	0.037	-0.033	0.688	0.093	0.576	0.498	0.468	-	0.552	0.081	0.046	0.486	0.144	-0.005	0.455	0.075	0.402
T1T6	0.689	0.233	0.235	0.159	0.122	0.721	0.619	0.622	0.607	0.552	-	0.260	0.220	0.230	0.568	0.233	0.293	0.548	0.183
T2T3	-0.015	0.742	0.822	0.415	0.079	0.399	0.542	0.626	0.307	0.081	0.260	-	0.715	0.583	0.705	0.758	0.703	0.761	0.336
T2T4	-0.056	0.796	0.404	0.798	0.125	0.370	0.562	0.256	0.584	0.046	0.220	0.715	-	0.628	0.726	0.692	0.351	0.459	0.651
T2T5	0.056	0.811	0.202	0.233	0.673	0.287	0.658	0.197	0.213	0.486	0.230	0.583	0.628	-	0.694	0.242	0.556	0.290	0.601
T2T6	0.052	0.823	0.376	0.375	0.173	0.768	0.658	0.313	0.327	0.144	0.568	0.705	0.726	0.694	-	0.437	0.399	0.664	0.374
T3T4	-0.074	0.341	0.845	0.782	0.032	0.405	0.204	0.617	0.552	-0.005	0.233	0.758	0.692	0.242	0.437	-	0.654	0.773	0.574
T3T5	0.084	0.323	0.783	0.268	0.567	0.347	0.300	0.699	0.256	0.455	0.293	0.703	0.351	0.556	0.399	0.654	-	0.709	0.558
T3T6	0.018	0.355	0.855	0.395	0.067	0.777	0.271	0.693	0.322	0.075	0.548	0.761	0.459	0.290	0.664	0.773	0.709	-	0.315
T4T5	-0.026	0.330	0.262	0.749	0.656	0.278	0.253	0.217	0.564	0.402	0.183	0.336	0.651	0.601	0.374	0.574	0.558	0.315	-
T4T6	-0.024	0.384	0.443	0.801	0.105	0.780	0.277	0.338	0.617	0.035	0.532	0.492	0.725	0.314	0.698	0.726	0.361	0.713	0.634
T5T6	0.075	0.335	0.237	0.206	0.702	0.746	0.314	0.265	0.214	0.501	0.575	0.317	0.316	0.640	0.647	0.260	0.591	0.568	0.591
T1T2T3	0.419	0.680	0.707	0.335	0.156	0.390	0.793	0.827	0.551	0.420	0.553	0.874	0.620	0.579	0.668	0.629	0.687	0.682	0.332
T1T2T4	0.408	0.725	0.342	0.676	0.171	0.345	0.822	0.511	0.831	0.401	0.528	0.629	0.861	0.604	0.675	0.580	0.366	0.406	0.597
T1T2T5	0.528	0.683	0.181	0.161	0.602	0.241	0.883	0.473	0.484	0.786	0.526	0.492	0.501	0.849	0.590	0.184	0.519	0.252	0.494
T1T2T6	0.489	0.720	0.311	0.280	0.195	0.678	0.872	0.540	0.560	0.468	0.820	0.598	0.599	0.630	0.877	0.341	0.392	0.575	0.320
T1T3T4	0.383	0.313	0.756	0.670	0.063	0.401	0.478	0.850	0.800	0.332	0.546	0.678	0.594	0.239	0.421	0.867	0.632	0.719	0.511
T1T3T5	0.526	0.264	0.651	0.201	0.526	0.312	0.543	0.879	0.511	0.744	0.569	0.579	0.268	0.493	0.344	0.526	0.870	0.605	0.478
T1T3T6	0.446	0.310	0.739	0.311	0.108	0.709	0.519	0.885	0.559	0.396	0.804	0.655	0.370	0.282	0.599	0.649	0.672	0.886	0.281
T1T4T5	0.504	0.301	0.240	0.589	0.577	0.264	0.564	0.524	0.833	0.741	0.536	0.304	0.532	0.536	0.346	0.469	0.526	0.298	0.823
T1T4T6	0.453	0.333	0.374	0.652	0.113	0.707	0.544	0.588	0.852	0.378	0.824	0.410	0.592	0.278	0.623	0.595	0.352	0.629	0.537
T1T5T6	0.573	0.278	0.209	0.135	0.591	0.623	0.588	0.545	0.500	0.800	0.849	0.264	0.228	0.531	0.542	0.199	0.532	0.481	0.465
T2T3T4	-0.049	0.680	0.767	0.733	0.075	0.422	0.475	0.558	0.530	0.040	0.258	0.911	0.879	0.521	0.678	0.905	0.633	0.731	0.567
T2T3T5	0.070	0.714	0.693	0.350	0.489	0.398	0.580	0.600	0.311	0.395	0.311	0.881	0.648	0.812	0.688	0.639	0.873	0.678	0.577
T2T3T6	0.024	0.689	0.770	0.435	0.111	0.716	0.529	0.615	0.354	0.111	0.509	0.912	0.690	0.562	0.862	0.739	0.679	0.908	0.374
T2T4T5	-0.003	0.735	0.322	0.677	0.533	0.348	0.561	0.253	0.527	0.348	0.237	0.619	0.872	0.847	0.678	0.572	0.550	0.397	0.863
T2T4T6	-0.011	0.725	0.457	0.731	0.134	0.699	0.541	0.337	0.569	0.073	0.481	0.704	0.903	0.585	0.886	0.690	0.409	0.679	0.607
T2T5T6	0.064	0.744	0.306	0.294	0.573	0.674	0.611	0.289	0.269	0.419	0.512	0.608	0.625	0.880	0.888	0.348	0.581	0.574	0.583
T3T4T5	-0.001	0.368	0.740	0.703	0.423	0.395	0.280	0.603	0.542	0.293	0.275	0.701	0.649	0.498	0.454	0.885	0.846	0.702	0.801
T3T4T6	-0.020	0.395	0.798	0.709	0.064	0.705	0.280	0.619	0.539	0.042	0.477	0.749	0.679	0.306	0.653	0.919	0.642	0.917	0.541
T3T5T6	0.081	0.381	0.743	0.330	0.460	0.718	0.339	0.663	0.309	0.369	0.545	0.701	0.428	0.542	0.654	0.665	0.885	0.894	0.537
T4T5T6	0.011	0.392	0.360	0.684	0.525	0.692	0.312	0.317	0.550	0.341	0.497	0.435	0.650	0.574	0.657	0.607	0.568	0.615	0.859
T1T2T3T4	0.286	0.665	0.706	0.665	0.108	0.431	0.691	0.731	0.728	0.293	0.499	0.856	0.818	0.526	0.679	0.820	0.625	0.698	0.538
T1T2T3T5	0.413	0.639	0.626	0.278	0.484	0.367	0.760	0.769	0.496	0.635	0.531	0.788	0.552	0.751	0.628	0.548	0.824	0.619	0.511
T1T2T3T6	0.348	0.647	0.697	0.378	0.152	0.688	0.718	0.771	0.538	0.356	0.718	0.833	0.624	0.554	0.822	0.653	0.671	0.846	0.361
T1T2T4T5	0.394	0.688	0.301	0.580	0.508	0.320	0.789	0.484	0.737	0.616	0.495	0.574	0.770	0.789	0.637	0.498	0.542	0.369	0.766
T1T2T4T6	0.339	0.695	0.405	0.638	0.162	0.667	0.751	0.521	0.752	0.336	0.710	0.647	0.815	0.581	0.850	0.602	0.415	0.630	0.561
T1T2T5T6	0.434	0.683	0.277	0.238	0.529	0.614	0.816	0.492	0.485	0.658	0.737	0.548	0.548	0.802	0.815	0.294	0.551	0.521	0.507
T1T3T4T5	0.391	0.348	0.676	0.574	0.443	0.369	0.519	0.805	0.725	0.586	0.525	0.643	0.550	0.498	0.431	0.759	0.823	0.649	0.718
T1T3T4T6	0.327	0.360	0.736	0.630	0.088	0.684	0.478	0.798	0.733	0.297	0.706	0.682	0.598	0.293	0.621	0.831	0.631	0.864	0.501
T1T3T5T6	0.439	0.340	0.665	0.270	0.452	0.643	0.543	0.831	0.515	0.623	0.750	0.623	0.357	0.505	0.585	0.576	0.827	0.802	0.482
T1T4T5T6	0.415	0.368	0.324	0.578	0.499	0.637	0.552	0.540	0.761	0.616	0.749	0.391	0.561	0.535	0.608	0.520	0.549	0.562	0.755
T2T3T4T5	0.011	0.675	0.694	0.663	0.391	0.429	0.515	0.557	0.517	0.283	0.300	0.853	0.822	0.718	0.681	0.819	0.791	0.689	0.751
T2T3T4T6	-0.007	0.650	0.746	0.682	0.098	0.676	0.481	0.574	0.526	0.074	0.462	0.870	0.825	0.516	0.812	0.864	0.630	0.865	0.544
T2T3T5T6	0.065	0.670	0.682	0.371	0.436	0.673	0.546	0.591	0.331	0.347	0.505	0.839	0.631	0.747	0.827	0.647	0.825	0.829	0.553
T2T4T5T6	0.023	0.710	0.388	0.630	0.471	0.649	0.556	0.325	0.513	0.322	0.469	0.644	0.822	0.788	0.847	0.591	0.572	0.612	0.783
T3T4T5T6	0.027	0.416	0.729	0.649	0.359	0.697	0.330	0.611	0.526	0.263	0.499	0.713	0.647	0.501	0.667	0.842	0.791	0.867	0.716
T1T2T3T4T5	0.317	0.648	0.638	0.583	0.417	0.412	0.700	0.713	0.679	0.516	0.502	0.797	0.748	0.710	0.659	0.730	0.776	0.646	0.706
T1T2T3T4T6	0.257	0.639	0.698	0.628	0.120	0.668	0.650	0.710	0.679	0.269	0.645	0.825	0.776	0.518	0.805	0.796	0.628	0.829	0.521
T1T2T3T5T6	0.350	0.637	0.637	0.334	0.432	0.631	0.714	0.735	0.500	0.545	0.678	0.782	0.584	0.716	0.785	0.589	0.796	0.776	0.521
T1T2T4T5T6	0.336	0.676	0.367	0.562	0.463	0.620	0.741	0.505	0.685	0.540	0.675</								

Tabla A4. Correlaciones posibles para índice de selección entre todas las combinaciones posibles de los probadores.

	T4T6	T5T6	T1T2T3	T1T2T4	T1T2T5	T1T2T6	T1T3T4	T1T3T5	T1T3T6	T1T4T5	T1T4T6	T1T5T6	T2T3T4	T2T3T5	T2T3T6	T2T4T5	T2T4T6	T2T5T6	T3T4T5	T3T4T6	T3T5T6	T4T5T6
T1	-0.024	0.075	0.419	0.408	0.528	0.489	0.383	0.526	0.446	0.504	0.453	0.573	-0.049	0.070	0.024	-0.003	-0.011	0.064	-0.001	-0.020	0.081	0.011
T2	0.384	0.335	0.680	0.725	0.683	0.720	0.313	0.264	0.310	0.301	0.333	0.278	0.680	0.714	0.689	0.735	0.725	0.744	0.368	0.395	0.381	0.392
T3	0.443	0.237	0.707	0.342	0.181	0.311	0.756	0.651	0.739	0.240	0.374	0.209	0.767	0.693	0.770	0.322	0.457	0.306	0.740	0.798	0.743	0.360
T4	0.801	0.206	0.335	0.676	0.161	0.280	0.670	0.201	0.311	0.589	0.652	0.135	0.733	0.350	0.435	0.677	0.731	0.294	0.703	0.709	0.330	0.684
T5	0.105	0.702	0.156	0.171	0.602	0.195	0.063	0.526	0.108	0.577	0.113	0.591	0.075	0.489	0.111	0.533	0.134	0.573	0.423	0.064	0.460	0.525
T6	0.780	0.746	0.390	0.345	0.241	0.678	0.401	0.312	0.709	0.264	0.707	0.623	0.422	0.398	0.716	0.348	0.699	0.674	0.395	0.705	0.718	0.692
T1T2	0.277	0.314	0.793	0.822	0.883	0.872	0.478	0.543	0.519	0.564	0.544	0.588	0.475	0.580	0.529	0.561	0.541	0.611	0.280	0.280	0.339	0.312
T1T3	0.338	0.265	0.827	0.511	0.473	0.540	0.850	0.879	0.885	0.524	0.588	0.545	0.558	0.600	0.615	0.253	0.337	0.289	0.603	0.619	0.663	0.317
T1T4	0.617	0.214	0.551	0.831	0.484	0.560	0.800	0.511	0.559	0.833	0.852	0.500	0.530	0.311	0.354	0.527	0.569	0.269	0.542	0.539	0.309	0.550
T1T5	0.035	0.501	0.420	0.401	0.786	0.468	0.332	0.744	0.396	0.741	0.378	0.800	0.040	0.395	0.111	0.348	0.073	0.419	0.293	0.042	0.369	0.341
T1T6	0.532	0.575	0.553	0.528	0.526	0.820	0.546	0.569	0.804	0.536	0.824	0.849	0.258	0.311	0.509	0.237	0.481	0.512	0.275	0.477	0.545	0.497
T2T3	0.492	0.317	0.874	0.629	0.492	0.598	0.678	0.579	0.655	0.304	0.410	0.264	0.911	0.881	0.912	0.619	0.704	0.608	0.701	0.749	0.701	0.435
T2T4	0.725	0.316	0.620	0.861	0.501	0.599	0.594	0.268	0.370	0.532	0.592	0.228	0.879	0.648	0.690	0.872	0.903	0.625	0.649	0.679	0.428	0.650
T2T5	0.314	0.640	0.579	0.604	0.849	0.630	0.239	0.493	0.282	0.536	0.278	0.531	0.521	0.812	0.562	0.847	0.585	0.880	0.498	0.306	0.542	0.574
T2T6	0.698	0.647	0.668	0.675	0.590	0.877	0.421	0.344	0.599	0.346	0.623	0.542	0.678	0.688	0.862	0.678	0.886	0.888	0.454	0.653	0.654	0.657
T3T4	0.726	0.260	0.629	0.580	0.184	0.341	0.867	0.526	0.649	0.469	0.595	0.199	0.905	0.639	0.739	0.572	0.690	0.348	0.885	0.919	0.665	0.607
T3T5	0.361	0.591	0.687	0.366	0.519	0.392	0.632	0.870	0.672	0.526	0.352	0.532	0.633	0.873	0.679	0.550	0.409	0.581	0.846	0.642	0.885	0.568
T3T6	0.713	0.568	0.682	0.406	0.252	0.575	0.719	0.605	0.886	0.298	0.629	0.481	0.731	0.678	0.908	0.397	0.679	0.574	0.702	0.917	0.894	0.615
T4T5	0.634	0.591	0.332	0.597	0.494	0.320	0.511	0.478	0.281	0.823	0.537	0.465	0.567	0.577	0.374	0.863	0.607	0.583	0.801	0.541	0.537	0.859
T4T6	-	0.582	0.436	0.636	0.244	0.581	0.661	0.304	0.618	0.535	0.855	0.462	0.708	0.450	0.704	0.633	0.897	0.595	0.669	0.879	0.634	0.865
T5T6	0.582	-	0.359	0.330	0.557	0.601	0.282	0.537	0.543	0.537	0.540	0.832	0.319	0.588	0.562	0.577	0.561	0.858	0.517	0.506	0.797	0.821
T1T2T3	0.436	0.359	-	0.769	0.715	0.781	0.781	0.779	0.796	0.534	0.586	0.524	0.783	0.836	0.822	0.583	0.633	0.606	0.642	0.654	0.684	0.428
T1T2T4	0.636	0.330	0.769	-	0.728	0.781	0.732	0.508	0.545	0.753	0.766	0.493	0.758	0.621	0.623	0.794	0.801	0.598	0.595	0.590	0.425	0.604
T1T2T5	0.244	0.557	0.715	0.728	-	0.770	0.416	0.695	0.463	0.715	0.460	0.733	0.423	0.711	0.481	0.698	0.478	0.748	0.426	0.252	0.489	0.473
T1T2T6	0.581	0.601	0.781	0.781	0.770	-	0.543	0.550	0.729	0.546	0.753	0.750	0.558	0.628	0.747	0.588	0.748	0.797	0.400	0.547	0.603	0.573
T1T3T4	0.661	0.282	0.781	0.732	0.416	0.543	-	0.734	0.815	0.677	0.781	0.461	0.792	0.608	0.684	0.512	0.625	0.347	0.801	0.833	0.648	0.567
T1T3T5	0.304	0.537	0.779	0.508	0.695	0.550	0.734	-	0.785	0.708	0.524	0.733	0.508	0.757	0.575	0.467	0.334	0.513	0.714	0.538	0.777	0.497
T1T3T6	0.618	0.543	0.796	0.545	0.463	0.729	0.815	0.785	-	0.506	0.771	0.696	0.615	0.630	0.803	0.351	0.584	0.534	0.629	0.797	0.828	0.557
T1T4T5	0.535	0.537	0.534	0.753	0.715	0.546	0.677	0.708	0.506	-	0.728	0.715	0.475	0.534	0.350	0.728	0.518	0.523	0.688	0.469	0.507	0.735
T1T4T6	0.855	0.540	0.586	0.766	0.460	0.753	0.781	0.524	0.771	0.728	-	0.697	0.581	0.409	0.617	0.537	0.768	0.535	0.583	0.752	0.589	0.761
T1T5T6	0.462	0.832	0.524	0.493	0.733	0.750	0.461	0.733	0.696	0.715	0.697	-	0.247	0.512	0.475	0.455	0.445	0.712	0.433	0.415	0.685	0.666
T2T3T4	0.708	0.319	0.783	0.758	0.423	0.558	0.792	0.508	0.615	0.475	0.581	0.247	-	0.798	0.859	0.750	0.840	0.570	0.826	0.863	0.659	0.614
T2T3T5	0.450	0.588	0.836	0.621	0.711	0.628	0.608	0.757	0.630	0.534	0.409	0.512	0.798	-	0.830	0.777	0.651	0.793	0.798	0.656	0.824	0.611
T2T3T6	0.704	0.562	0.822	0.623	0.481	0.747	0.684	0.575	0.803	0.350	0.617	0.475	0.859	0.830	-	0.613	0.832	0.753	0.698	0.868	0.842	0.630
T2T4T5	0.633	0.577	0.583	0.794	0.698	0.588	0.512	0.467	0.351	0.728	0.537	0.455	0.750	0.777	0.613	-	0.797	0.791	0.747	0.576	0.569	0.798
T2T4T6	0.897	0.561	0.633	0.801	0.478	0.748	0.625	0.334	0.584	0.518	0.768	0.445	0.840	0.651	0.832	0.797	-	0.766	0.656	0.821	0.632	0.803
T2T5T6	0.595	0.858	0.606	0.598	0.748	0.797	0.347	0.513	0.534	0.523	0.535	0.712	0.570	0.793	0.753	0.791	0.766	-	0.551	0.550	0.752	0.772
T3T4T5	0.669	0.517	0.642	0.595	0.426	0.400	0.801	0.714	0.629	0.688	0.583	0.433	0.826	0.798	0.698	0.747	0.656	0.551	-	0.828	0.800	0.772
T3T4T6	0.879	0.506	0.654	0.590	0.252	0.547	0.833	0.538	0.797	0.469	0.752	0.415	0.863	0.656	0.868	0.576	0.821	0.550	0.828	-	0.809	0.750
T3T5T6	0.634	0.797	0.684	0.425	0.489	0.603	0.648	0.777	0.828	0.507	0.589	0.685	0.659	0.824	0.842	0.569	0.632	0.752	0.800	0.809	-	0.755
T4T5T6	0.865	0.821	0.428	0.604	0.473	0.573	0.567	0.497	0.557	0.735	0.761	0.666	0.614	0.611	0.630	0.798	0.803	0.772	0.772	0.750	0.755	-
T1T2T3T4	0.675	0.348	0.909	0.890	0.606	0.725	0.898	0.668	0.749	0.646	0.737	0.451	0.924	0.781	0.828	0.721	0.807	0.581	0.781	0.811	0.658	0.603
T1T2T3T5	0.387	0.561	0.924	0.711	0.852	0.747	0.699	0.895	0.740	0.675	0.533	0.682	0.694	0.920	0.753	0.691	0.571	0.733	0.717	0.582	0.774	0.550
T1T2T3T6	0.649	0.567	0.921	0.730	0.643	0.879	0.768	0.724	0.907	0.516	0.740	0.654	0.774	0.801	0.931	0.584	0.770	0.735	0.658	0.795	0.820	0.606
T1T2T4T5	0.557	0.538	0.727	0.916	0.872	0.744	0.645	0.653	0.509	0.881	0.683	0.649	0.670	0.738	0.575	0.897	0.718	0.734	0.681	0.517	0.546	0.715
T1T2T4T6	0.816	0.558	0.753	0.913	0.657	0.898	0.721	0.508	0.709	0.681	0.892	0.639	0.754	0.638	0.780	0.750	0.919	0.747	0.611	0.744	0.619	0.755
T1T2T5T6	0.522	0.783	0.724	0.717	0.893	0.923	0.476	0.668	0.661	0.675	0.667	0.869	0.501	0.731	0.687	0.703	0.683	0.908	0.494	0.488	0.695	0.684
T1T3T4T5	0.578	0.518	0.774	0.709	0.631	0.562	0.892	0.896	0.762	0.845	0.706	0.647	0.722	0.771	0.648	0.677	0.575	0.539	0.899	0.733	0.773	0.704
T1T3T4T6	0.815	0.503	0.762	0.703	0.417	0.688	0.932	0.698	0.918	0.633	0.888	0.602	0.777	0.629	0.814	0.529	0.755	0.529	0.778	0.924	0.787	0.711
T1T3T5T6	0.555	0.736	0.779	0.541	0.648	0.719	0.744	0.916	0.919	0.668	0.706	0.846	0.571	0.761	0.753	0.506	0.549	0.685	0.722	0.716	0.915	0.679
T1T4T5T6	0.764	0.765	0.571	0.732	0.656	0.730	0.691	0.678	0.700	0.889	0.894	0.856	0.533	0.576	0.577	0.709	0.711	0.713	0.693	0.666	0.708	0.893
T2T3T4T5	0.666	0.536	0.778	0.750	0.604	0.594	0.743	0.667	0.614	0.651	0.574	0.444	0.923	0.920	0.824	0.881	0.801	0.731</				

Tabla A4. Correlaciones posibles para índice de selección entre todas las combinaciones posibles de los probadores.

	T1T2T3T4	T1T2T3T5	T1T2T3T6	T1T2T4T5	T1T2T4T6	T1T2T5T6	T1T3T4T5	T1T3T4T6	T1T3T5T6	T1T4T5T6	T2T3T4T5	T2T3T4T6	T2T3T5T6	T2T4T5T6	T3T4T5T6	T1T2T3T4T5	T1T2T3T4T6	T1T2T3T5T6	T1T2T4T5T6	T1T3T4T5T6	T2T3T4T5T6	T1T2T3T4T5T6
T1	0.286	0.413	0.348	0.394	0.339	0.434	0.391	0.327	0.439	0.415	0.011	-0.007	0.065	0.023	0.027	0.317	0.257	0.350	0.336	0.330	0.032	0.275
T2	0.665	0.639	0.647	0.688	0.695	0.683	0.348	0.360	0.340	0.368	0.675	0.650	0.670	0.710	0.416	0.648	0.639	0.637	0.676	0.394	0.653	0.635
T3	0.706	0.626	0.697	0.301	0.405	0.277	0.676	0.736	0.665	0.324	0.694	0.746	0.682	0.388	0.729	0.638	0.698	0.637	0.367	0.685	0.690	0.657
T4	0.665	0.278	0.378	0.580	0.638	0.238	0.574	0.630	0.270	0.578	0.663	0.682	0.371	0.630	0.649	0.583	0.628	0.334	0.562	0.568	0.624	0.563
T5	0.108	0.484	0.152	0.508	0.162	0.529	0.443	0.088	0.452	0.499	0.391	0.098	0.436	0.471	0.359	0.417	0.120	0.432	0.463	0.382	0.358	0.372
T6	0.431	0.367	0.688	0.320	0.667	0.614	0.369	0.684	0.643	0.637	0.429	0.676	0.673	0.649	0.697	0.412	0.668	0.631	0.620	0.661	0.659	0.640
T1T2	0.691	0.760	0.718	0.789	0.751	0.816	0.519	0.478	0.543	0.552	0.515	0.481	0.546	0.556	0.330	0.700	0.650	0.714	0.741	0.509	0.511	0.661
T1T3	0.731	0.769	0.771	0.484	0.521	0.492	0.805	0.798	0.831	0.540	0.557	0.574	0.591	0.325	0.611	0.713	0.710	0.735	0.505	0.769	0.569	0.700
T1T4	0.728	0.496	0.538	0.737	0.752	0.485	0.725	0.733	0.515	0.761	0.517	0.526	0.531	0.513	0.526	0.679	0.500	0.685	0.681	0.508	0.637	0.637
T1T5	0.293	0.635	0.356	0.616	0.336	0.658	0.586	0.297	0.623	0.616	0.283	0.074	0.347	0.322	0.263	0.516	0.269	0.545	0.540	0.493	0.268	0.449
T1T6	0.499	0.531	0.718	0.495	0.710	0.737	0.525	0.706	0.750	0.749	0.300	0.462	0.505	0.469	0.499	0.502	0.645	0.678	0.675	0.687	0.474	0.635
T2T3	0.856	0.788	0.833	0.574	0.647	0.548	0.643	0.682	0.623	0.391	0.853	0.870	0.839	0.644	0.713	0.797	0.825	0.782	0.605	0.667	0.831	0.794
T2T4	0.818	0.552	0.624	0.770	0.815	0.548	0.550	0.598	0.357	0.561	0.822	0.825	0.631	0.822	0.647	0.748	0.776	0.584	0.750	0.576	0.783	0.727
T2T5	0.526	0.751	0.554	0.789	0.581	0.802	0.498	0.293	0.505	0.535	0.718	0.516	0.747	0.788	0.501	0.710	0.518	0.716	0.752	0.498	0.680	0.673
T2T6	0.679	0.628	0.822	0.637	0.850	0.815	0.431	0.621	0.585	0.608	0.681	0.812	0.827	0.847	0.667	0.659	0.805	0.785	0.810	0.634	0.808	0.786
T3T4	0.820	0.548	0.653	0.498	0.602	0.294	0.759	0.831	0.576	0.520	0.819	0.864	0.647	0.591	0.842	0.730	0.796	0.589	0.534	0.760	0.795	0.734
T3T5	0.625	0.824	0.671	0.542	0.415	0.551	0.823	0.631	0.827	0.549	0.791	0.630	0.825	0.572	0.791	0.776	0.628	0.796	0.569	0.784	0.765	0.762
T3T6	0.698	0.619	0.846	0.369	0.630	0.521	0.649	0.864	0.802	0.562	0.689	0.865	0.829	0.612	0.867	0.646	0.829	0.776	0.582	0.818	0.818	0.788
T4T5	0.538	0.511	0.361	0.766	0.561	0.507	0.718	0.501	0.482	0.755	0.751	0.544	0.553	0.783	0.716	0.706	0.521	0.521	0.719	0.668	0.695	0.659
T4T6	0.675	0.387	0.649	0.557	0.816	0.522	0.578	0.815	0.555	0.764	0.666	0.842	0.637	0.803	0.834	0.612	0.805	0.589	0.739	0.759	0.794	0.745
T5T6	0.348	0.561	0.567	0.538	0.558	0.783	0.518	0.503	0.736	0.765	0.536	0.517	0.754	0.763	0.704	0.542	0.526	0.721	0.735	0.692	0.683	0.681
T1T2T3	0.909	0.924	0.921	0.727	0.753	0.724	0.774	0.762	0.779	0.571	0.778	0.770	0.796	0.615	0.665	0.882	0.867	0.886	0.729	0.765	0.769	0.858
T1T2T4	0.890	0.711	0.730	0.916	0.913	0.717	0.709	0.703	0.541	0.732	0.750	0.729	0.601	0.759	0.599	0.849	0.830	0.703	0.862	0.692	0.723	0.803
T1T2T5	0.606	0.852	0.643	0.872	0.657	0.893	0.631	0.417	0.648	0.656	0.604	0.430	0.647	0.655	0.429	0.765	0.571	0.778	0.799	0.585	0.578	0.703
T1T2T6	0.725	0.747	0.879	0.744	0.898	0.923	0.562	0.688	0.719	0.730	0.594	0.688	0.742	0.740	0.585	0.725	0.817	0.851	0.867	0.704	0.707	0.813
T1T3T4	0.898	0.699	0.768	0.645	0.721	0.476	0.892	0.932	0.744	0.691	0.743	0.783	0.620	0.550	0.785	0.825	0.860	0.706	0.656	0.863	0.738	0.809
T1T3T5	0.668	0.895	0.724	0.653	0.508	0.668	0.896	0.698	0.916	0.678	0.667	0.525	0.715	0.494	0.681	0.812	0.651	0.835	0.644	0.828	0.654	0.774
T1T3T6	0.749	0.740	0.907	0.509	0.709	0.661	0.762	0.918	0.919	0.700	0.614	0.751	0.760	0.550	0.780	0.721	0.850	0.849	0.672	0.879	0.735	0.825
T1T4T5	0.646	0.675	0.516	0.881	0.681	0.675	0.845	0.633	0.668	0.889	0.651	0.476	0.514	0.677	0.634	0.793	0.609	0.647	0.810	0.769	0.617	0.729
T1T4T6	0.737	0.533	0.740	0.683	0.892	0.667	0.706	0.888	0.706	0.894	0.574	0.720	0.577	0.702	0.738	0.691	0.834	0.682	0.819	0.835	0.699	0.788
T1T5T6	0.451	0.682	0.654	0.649	0.639	0.869	0.647	0.602	0.846	0.856	0.444	0.423	0.641	0.620	0.589	0.617	0.574	0.776	0.780	0.750	0.570	0.705
T2T3T4	0.924	0.694	0.774	0.670	0.754	0.501	0.722	0.777	0.571	0.533	0.923	0.944	0.776	0.748	0.811	0.841	0.884	0.716	0.688	0.737	0.889	0.831
T2T3T5	0.781	0.920	0.801	0.738	0.638	0.731	0.721	0.629	0.761	0.576	0.920	0.778	0.935	0.775	0.781	0.893	0.767	0.892	0.748	0.763	0.885	0.870
T2T3T6	0.828	0.753	0.931	0.575	0.780	0.687	0.648	0.814	0.753	0.577	0.824	0.947	0.927	0.769	0.841	0.779	0.915	0.871	0.732	0.794	0.913	0.881
T2T4T5	0.721	0.691	0.584	0.897	0.750	0.703	0.677	0.529	0.506	0.709	0.881	0.716	0.734	0.920	0.712	0.833	0.692	0.692	0.852	0.666	0.827	0.789
T2T4T6	0.807	0.571	0.770	0.718	0.919	0.683	0.575	0.755	0.549	0.711	0.801	0.921	0.769	0.911	0.796	0.744	0.886	0.716	0.847	0.727	0.883	0.835
T2T5T6	0.581	0.733	0.735	0.344	0.747	0.908	0.539	0.529	0.685	0.713	0.731	0.697	0.885	0.909	0.705	0.719	0.697	0.842	0.867	0.685	0.823	0.809
T3T4T5	0.781	0.717	0.658	0.681	0.611	0.494	0.899	0.778	0.722	0.693	0.920	0.798	0.775	0.735	0.919	0.858	0.763	0.729	0.690	0.862	0.876	0.836
T3T4T6	0.811	0.582	0.795	0.517	0.744	0.488	0.733	0.924	0.716	0.666	0.799	0.945	0.779	0.725	0.933	0.734	0.895	0.723	0.674	0.860	0.884	0.834
T3T5T6	0.658	0.774	0.820	0.546	0.619	0.695	0.773	0.787	0.915	0.708	0.780	0.787	0.930	0.736	0.917	0.761	0.778	0.887	0.715	0.891	0.878	0.865
T4T5T6	0.603	0.550	0.606	0.715	0.755	0.684	0.704	0.711	0.679	0.893	0.755	0.738	0.745	0.913	0.881	0.718	0.720	0.700	0.851	0.827	0.844	0.809
T1T2T3T4	-	0.817	0.874	0.799	0.864	0.651	0.832	0.866	0.707	0.678	0.878	0.895	0.767	0.735	0.784	0.927	0.949	0.817	0.800	0.829	0.859	0.903
T1T2T3T5	0.817	-	0.857	0.815	0.696	0.828	0.849	0.689	0.861	0.675	0.823	0.692	0.861	0.696	0.710	0.927	0.787	0.941	0.799	0.813	0.800	0.887
T1T2T3T6	0.874	0.857	-	0.688	0.855	0.809	0.746	0.873	0.864	0.699	0.772	0.872	0.890	0.735	0.797	0.845	0.947	0.945	0.816	0.860	0.862	0.925
T1T2T4T5	0.799	0.815	0.688	-	0.835	0.825	0.794	0.627	0.647	0.821	0.805	0.651	0.693	0.835	0.654	0.905	0.750	0.782	0.924	0.748	0.762	0.841
T1T2T4T6	0.864	0.696	0.855	0.835	-	0.817	0.689	0.824	0.679	0.834	0.750	0.845	0.745	0.864	0.748	0.824	0.926	0.808	0.935	0.806	0.834	0.891
T1T2T5T6	0.651	0.828	0.809	0.825	0.817	-	0.641	0.611	0.790	0.807	0.656	0.624	0.809	0.814	0.636	0.776	0.737	0.898	0.919	0.743	0.743	0.837
T1T3T4T5	0.832	0.849	0.746	0.794	0.689	0.641	-	0.840	0.859	0.812	0.839	0.713	0.744	0.677	0.843	0.927	0.798	0.824	0.774	0.932	0.808	0.883
T1T3T4T6	0.866	0.689	0.873	0.627	0.824	0.611	0.840	-	0.837	0.792	0.744	0.873	0.748	0.681	0.886	0.805	0.936	0.803	0.757	0.936	0.834	0.884
T1T3T5T6	0.707	0.861	0.864	0.647	0.679	0.790	0.859	0.837	-	0.806	0.700	0.695	0.848	0.659	0.827	0.811	0.795	0.930	0.771	0.931	0.790	0.882
T1T4T5T6	0.678	0.675	0.699	0.821	0.834	0.807	0.812	0.792	0.806	-	0.679	0.659	0.693	0.822	0.798	0.789	0.765	0.782	0.918	0.893	0.767	0.851
T2T3T4T5	0.878	0.823	0.772	0.805	0.750	0.																