



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

**INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS
AGRÍCOLAS**

CAMPUS MONTECILLO

POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

GENÉTICA

**CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE MATERIALES DE MAÍZ (*Zea mays* L.)
SOBRESALIENTES DE TEMPORAL**

BLANCA MINERVA GONZÁLEZ GONZÁLEZ

T E S I S

**PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:**

MAESTRA EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MÉXICO

2016

La presente tesis titulada: **CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE MATERIALES DE MAÍZ (*Zea mays* L.) SOBRESALIENTES DE TEMPORAL** realizada por la alumna: **BLANCA MINERVA GONZÁLEZ GONZÁLEZ** bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

MAESTRA EN CIENCIAS
RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD
GENÉTICA

CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO	 _____
	Dr. J. Jesús García Zavala
ASESOR	 _____
	Dr. Ricardo Lobato Ortiz
ASESORA	 _____
	Dra. Martha Hernández Rodríguez
ASESOR	 _____
	Dr. José Apolinar Mejía Contreras

Montecillo, Texcoco, Estado de México, Agosto de 2016

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE MATERIALES DE MAÍZ SOBRESALIENTES DE TEMPORAL

Blanca Minerva González González, M.C.

Colegio de postgraduados, 2016

RESUMEN

En las regiones de clima seco y semiseco de México se cuenta con variedades nativas de maíz (*Zea mays* L.) con resistencia intrínseca a la sequía. Mediante selección es posible incrementar los alelos que les confieren tal característica para así poder derivar líneas endogámicas y formar híbridos de temporal resistentes a la sequía. Analizar este tipo de germoplasma mediante estudios genéticos moleculares y fenotípicos es importante para conocer su rendimiento y su uso potencial en siembras de temporal o de punta de riego, como material base para programas de mejoramiento genético de maíz. En este trabajo el objetivo fue estudiar la relación entre la riqueza alélica y el rendimiento de grano y sus componentes de 41 genotipos de maíz sobresalientes de temporal que incluyeron líneas autofecundadas, híbridos y variedades. La caracterización molecular de los genotipos se realizó con 36 marcadores microsatélites (*Simple Sequence Repeats*, SSR) que cubrieron los 10 cromosomas del maíz, mientras que la evaluación del rendimiento y sus componentes se hizo en campo en tres ambientes: riego, temporal y sequía, en un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones. Los resultados indican que el número total de alelos (NTA) a través de marcadores variaron de 41 a 92 para todos los genotipos; para líneas varió de 48 a 90, para cruza simples de 63 a 85; para cruza trilineales de 41 a 92; y para variedades de 45 a 86.

Al analizar los promedios del análisis combinado de ambientes de los 41 genotipos, el análisis de regresión lineal del rendimiento sobre el número total de alelos (NTA) indicó que no hubo relación significativa entre el NTA y rendimiento. En cambio, sí la hubo cuando se analizaron por separado los materiales, siendo esta positiva en el grupo de líneas y de variedades, pero en los híbridos no se observó tal relación, ya que estos expresaron diferentes grados de heterosis para rendimiento, aún cuando tuvieron igual o menor

número de alelos que las líneas y variedades, y pareciera que a menor NTA en las cruzas mayor fue su rendimiento.

El análisis de correlación entre el rendimiento y sus componentes con el NTA permitió obtener resultados que son un indicativo de que los 36 *loci* analizados en el genoma de los materiales guardan una relación positiva con los valores observados de las variables medidas, sobre todo en las líneas y las variedades evaluadas.

Para el caso en el que se analizaron los *loci* SSR para rendimiento y sus componentes en todos los ambientes, se obtuvo un promedio de 6 *loci* con mayor frecuencia, entre los cuales *phi 085* y *phi 059* tuvieron una relación positiva en todos los análisis, tanto para rendimiento como para sus componentes. Por último las correlaciones para líneas y cruzas simples con el número total de alelos fueron las más significativas.

El número total de alelos correlacionó positiva y significativamente con el rendimiento y sus componentes, indicando una relación entre la riqueza alélica y el rendimiento. La riqueza alélica del grupo de líneas y variedades tuvo una mayor relación con el rendimiento y sus componentes que los híbridos. Se identificaron varios *loci* (hasta 12) donde la relación de la riqueza alélica con el rendimiento y sus componentes resultó significativa.

Los marcadores moleculares son una herramienta útil que podría ayudar a predecir el rendimiento en materiales de maíz por medio de su riqueza alélica.

Palabras clave: *Zea mays*, diversidad genética, *loci* SSR, predicción, resistencia a sequía, riqueza alélica, rendimiento, selección.

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF OUTSTANDING RAINFED VARIETIES OF MAIZE

Blanca Minerva González González, M.C.

Colegio de postgraduados, 2016

ABSTRACT

In regions of arid climate of Mexico there are native varieties of maize (*Zea mays* L.) with intrinsic resistance to drought. By selection it is possible to increase the alleles that confer such feature in order to derive inbred lines and form rainfed hybrids resistant to drought. Analyze this type of germplasm using molecular and phenotypic genetic studies is important in order to know its yield performance and potential to use in rainfed crops or with limited irrigation and also as material in programs for genetic improvement of maize. In this work the aim was to study the relationship between allelic richness and grain yield and its components of 41 outstanding genotypes that included rainfed maize inbreds, hybrids, and varieties. The molecular characterization of genotypes was performed using 36 microsatellite markers (Simple Sequence Repeats, SSR) covering the 10 chromosomes of maize, while yield performance and its components were evaluated in the field in three environments: irrigation, rainfed and drought, in a randomized complete block design with three replications. The results indicate that the total number of alleles (NTA) through markers ranged from 41-92 for all genotypes; for lines ranged from 48 to 90, for single crosses from 63 to 85; for three-way hybrids from 41 to 92; and for varieties from 45 to 86.

When analyzing the averages of yield from the combined analysis of 41 genotypes, linear regression analysis of yield on the total number of alleles (NTA) indicated that there was no significant relationship between the NTA and yield performance. Instead, there was a relationship when the maize materials were analyzed separately, this being positive in the group of lines and varieties, but in hybrids such relationship was not observed, as they expressed varying degrees of heterosis for yield, even when they had equal or lesser number of alleles than the lines and varieties, and it seems that the lower the NTA in the crosses the greater was their yield performance.

Correlation analysis between yield and its components with the NTA indicated that the 36 loci analyzed in the genome of the materials are positively correlated

with the observed values of the traits measured, especially in the inbred lines and the varieties.

For the case in which the SSR loci were analyzed for yield and its components in all environments, an average of six loci were most frequently obtained, including phi 085 and phi 059 that had a positive relationship in all analyzes, both for yield performance and their components. Finally the correlations for lines and single crosses with the total number of alleles were the most significant.

The total number of alleles positively and significantly correlated with yield and its components, indicating a relationship between allelic richness and yield performance. Allelic richness of the group of lines and varieties had a higher relationship with yield performance and yield components than in the hybrids. Several loci were identified (up to 12) wherein the relationship of allelic richness with yield and its components was significant.

Molecular markers are a useful tool that could help predict yield performance in maize materials through its allelic richness.

Keywords: *Zea mays*, genetic diversity, SSR loci, prediction, drought resistance, allelic richness, yield performance, selection.

AGRADECIMIENTOS

** Al Pueblo de México que a través del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) me brindó el apoyo económico para realizar mis estudios de posgrado; al COMECYT por el apoyo brindado; al Colegio de Postgraduados por haberme brindado una formación académica impecable, así como al Personal Académico y Administrativo de esta Institución. Agradezco también al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) por haberme permitido realizar mis prácticas para la obtención del conocimiento necesario para la realización del presente proyecto de investigación.*

** Mi agradecimiento muy especial al Dr. José D. Molina Galán (en paz descanse) por haber sido la primer persona en haber confiado en mí como estudiante, pero en especial por haberme dejado a cargo de un excelente académico, guía y amigo durante mi formación como Maestra en Ciencias: el Dr. J. Jesús García Zavala, a quien agradezco los conocimientos brindados, el apoyo, la paciencia, sus consejos pero sobre todo la confianza que puso en mí, la cual me dio la seguridad para realizar bien mi trabajo. Agradezco también a la Dra. Martha Hernández Rodríguez, quien me permitió trabajar a su lado y me brindó sus valiosos conocimientos con paciencia y dedicación, lo que me permitió realizar mi proyecto de investigación de forma pertinente. De la misma forma, agradezco a los doctores Ricardo Lobato Ortiz y José Apolinar Mejía Contreras por el conocimiento, el apoyo y las facilidades brindadas para mi formación. De igual forma quiero agradecer al Dr. Amalio Santacruz Varela y a la Dra. Hilda Victoria Silva Rojas por las facilidades brindadas en sus respectivos laboratorios. Quiero agradecer a la Sra. Dalila T. por su valioso apoyo y guía durante todos los procesos administrativos que tuve que realizar.*

DEDICATORIA

A quienes siempre han guiado mi camino con sabiduría y paciencia, mis padres: Adelina González Pomposo y Próspero González González.

A mis hermanos Ángela Juana, Eleasud Magali y Noé González González, quienes siempre han contribuido de una u otra forma a mi superación profesional y personal.

A los nuevos integrantes de mi familia: mí cuñado Javier García Osorio y mi querida sobrina Miranda García González.

A mi querido sobrino Diego González Rivera.

CONTENIDO

RESUMEN	iii
ABSTRACT.....	v
AGRADECIMIENTOS	vii
DEDICATORIA	viii
LISTA DE CUADROS	x
LISTA DE FIGURAS	xi
LISTA DE CUADROS DEL ANEXO	xi
LISTA DE GRÁFICAS DEL ANEXO	xiii
LISTA DE FIGURAS DEL ANEXO	xiii
I.- INTRODUCCIÓN GENERAL.....	1
I.I- REVISIÓN DE LITERATURA	5
2.1. Importancia del maíz a nivel mundial	5
2.2. Producción de maíz en México	6
2.3. Cambio climático y agricultura	6
2.4. Cultivo de maíz de temporal en México	7
2.5. Heterosis.....	8
2.6. Caracterización del germoplasma de maíz con marcadores moleculares.....	9
2.7. Caracterización y rendimiento de maíz.....	10
III.- MATERIALES Y MÉTODOS	12
3.1. Material vegetal y evaluación en campo.....	12
3.2. Extracción de ADN	13
3.3. Amplificación del ADN.....	15
3.4. Separación de los fragmentos en gel de poliacrilamida	16
3.5. Lectura de las bandas	17
3.6. Separación de los fragmentos en secuenciador	18
3.7. Análisis estadístico	19
IV.- RESULTADOS Y DISCUSIÓN	20
4.1. Regresión lineal de los promedios del análisis combinado de ambientes de los 41 genotipos sobre el número total de alelos.....	20
4.2. Regresión lineal por grupos de materiales.....	24
4.3. Coeficientes de regresión lineal del rendimiento y sus componentes de 41 genotipos de maíz sobre el número de alelos de cada uno de 36 <i>loci</i> SSR bajo tres ambientes de evaluación.....	28
4.3.1. Riego.....	29
4.3.2. Temporal.....	30
4.3.3. Sequía.....	31
4.4. Análisis de correlación por grupos de materiales	32
V.- CONCLUSIONES	37
VI.- LITERATURA CITADA	39
VII. ANEXOS.....	45

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Tipo de material y genealogía de los 41 genotipos evaluados en campo y caracterizados molecularmente. Montecillo, 2014.	15
Cuadro 2. Unidad de repetición de cada SSR, bin, etiqueta fluorescente (fluoróforo), volumen de cebador por reacción y temperatura de hibridación de los cebadores.	17
Cuadro 3. Coeficientes de regresión lineal simple (b), errores estándar (es) y coeficientes de determinación R^2 (%) del rendimiento y sus componentes sobre el número total de alelos (NTA) en 36 <i>loci</i> SSR. Análisis combinado del promedio de 41 materiales genéticos de maíz.	22
Cuadro 4. Coeficientes de determinación (R^2), de regresión (b), y errores estándar (es) del análisis de regresión lineal simple del rendimiento y sus componentes del grupo de líneas sobre el número total de alelos de 36 <i>loci</i> SSR. Promedios del análisis combinado de ambientes e individuales. Evaluación en Montecillo, 2014.	24
Cuadro 5. Coeficientes de determinación (R^2), de regresión (b), y errores estándar (es) del análisis de regresión lineal simple del rendimiento y sus componentes del grupo de cruzas simples sobre el número total de alelos de 36 <i>loci</i> SSR. Promedios del análisis combinado de ambientes e individuales. Evaluación en Montecillo, 2014.	26
Cuadro 6. Coeficientes de determinación (R^2), de regresión (b), y errores estándar (es) del análisis de regresión lineal simple del rendimiento y sus componentes del grupo de cruzas trilineales sobre el número total de alelos de 36 <i>loci</i> SSR. Promedios del análisis combinado de ambientes e individuales. Evaluación en Montecillo, 2014.	27
Cuadro 7. Coeficientes de determinación (R^2), de regresión (b), y errores estándar (es) del análisis de regresión lineal simple del rendimiento y sus componentes del grupo de trece variedades sobre el número total de alelos de 36 <i>loci</i> SSR. Promedios del análisis combinado de ambientes e individuales. Evaluación en Montecillo, 2014.	28
Cuadro 8. Marcadores que presentaron una relación directa con el rendimiento o uno de sus componentes.	29

Cuadro 9. Regresión lineal de los materiales bajo riego. Solo se muestran los loci con valores de b significativos.....	30
Cuadro 10. Regresión lineal de los materiales bajo condiciones de temporal. Solo se muestran los loci con valores de b significativos.	31
Cuadro 11. Regresión lineal de los materiales en condiciones de sequía. Solo se muestran los <i>loci</i> con valores de b significativos.	32
Cuadro 12. Coeficientes de correlación. Análisis combinado de 41 materiales genéticos de maíz.	33
Cuadro 13. Coeficientes de correlación. Análisis combinado de catorce líneas de maíz.....	33
Cuadro 14. Coeficientes de correlación. Análisis combinado de cinco cruzas simples.	34
Cuadro 15. Coeficientes de correlación. Análisis combinado de nueve cruzas trilineales de maíz.....	34
Cuadro 16. Coeficientes de correlación. Análisis combinado de trece variedades de maíz.	35

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Análisis combinado de 41 materiales genéticos de maíz.	21
Figura 2. Análisis Individual de 41 materiales genéticos de maíz	23
Figura 3. Análisis combinado e individual de catorce líneas de maíz.....	25

LISTA DE CUADROS DEL ANEXO

Cuadro A 1. Material, genealogía, promedio general de rendimiento y sus componentes y número total de alelos encontrados con 36 <i>loci</i> SSR en maíz sobresaliente para temporal en Valles Altos. Montecillo, México.	46
Cuadro A 2. Material, genealogía y número de alelos por cada uno de los 36 <i>loci</i>	47

Cuadro A 3. Número total de alelos de 36 <i>loci</i> por material, promedio de alelos por materiales y rangos de alelos por materiales.	51
Cuadro A 4. Cuadrados medios y nivel de significancia del análisis de varianza combinado del rendimiento y sus componentes.	52
Cuadro A 5. Cuadrados medios y nivel de significancia del análisis de varianza combinado del rendimiento y sus componentes de 41 genotipos de maíz bajo riego.	52
Cuadro A 6. Cuadrados medios y nivel de significancia del análisis de varianza combinado del rendimiento y sus componentes de 41 genotipos de maíz bajo condiciones de temporal.	53
Cuadro A 7. Cuadrados medios y nivel de significancia del análisis de varianza combinado del rendimiento y sus componentes de 41 genotipos de maíz bajo condiciones de sequía.	53
Cuadro A 8. Materiales y tamaños de los alelos.	54
Cuadro A 9. Coeficientes de regresión lineal simple (b), errores estándar (es) y coeficientes de determinación R^2 (%) del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos por ambiente. Análisis combinado e individual de 42 materiales genéticos de maíz bajo riego.	60
Cuadro A 10. Coeficientes de regresión lineal simple (b), errores estándar (es) y coeficientes de determinación R^2 (%) del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos por ambiente. Análisis combinado e individual de 42 materiales genéticos de maíz de temporal.	61
Cuadro A 11. Coeficientes de regresión lineal simple (b), errores estándar (es) y coeficientes de determinación R^2 (%) del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos por ambiente. Análisis combinado e individual de 42 materiales genéticos de maíz bajo sequía.	62

LISTA DE GRÁFICAS DEL ANEXO

Gráfica A 1	63
Gráfica A 2. Combinado de variedades para rendimiento entre número total de alelos.	64
Gráfica A 3. Marcador phi 059 para el ambiente de riego, regresión lineal de rendimiento entre número de marcadores.....	64
Gráfica A 4. Marcador phi 085 para el ambiente de riego, regresión lineal de rendimiento entre número de marcadores.....	65

LISTA DE FIGURAS DEL ANEXO

Figura A 1. Geles de poliacrilamida de los SSRs phi 374118.	60
Figura A 2. Geles de poliacrilamida de los SSRs umc1153.	60

I.- INTRODUCCIÓN GENERAL

Actualmente el maíz (*Zea mays* L.) es el cereal más cultivado en el mundo, con una superficie sembrada y un volumen de producción superiores a las del trigo y el arroz (FAOSTAT, 2016). Esta importancia mundial del maíz se debe a que este cereal se ha convertido en un componente muy importante en la alimentación de millones de seres humanos, sirve además como forraje en la producción pecuaria, y es una materia prima importantísima para la industria del etanol y de cientos de derivados del grano de maíz (FAO, 2016).

El maíz probablemente es originario de América central, específicamente de México, y se ha distribuido hacia el norte hasta Canadá y hacia el sur hasta Argentina (Cai, 2006), pero esta especie se cultiva en casi todo el mundo. En particular, México cuenta con una gran diversidad de maíz a lo largo y ancho de su territorio, la cual se ve reflejada en la existencia de muchas poblaciones con adaptación y tolerancia intrínseca a la sequía o a los estreses por falta de humedad. Estas poblaciones se encuentran principalmente en las zonas de clima árido seco y semiseco y constituyen una fuente valiosa de alelos favorables para el mejoramiento genético del maíz (Greenpeace, 2009).

En México anualmente se cultivan alrededor de 8.5 millones de hectáreas de maíz, de las cuales aproximadamente seis millones se cultivan bajo condiciones de temporal. Entonces la producción de maíz de temporal es una fuente vital de alimentos y una tradición milenaria en México, pues este grano es el alimento básico en la dieta de los mexicanos y, además, cerca de 2.94 millones de pequeños agricultores lo cultivan, principalmente para autoconsumo.

A pesar del pobre desempeño de la agricultura de subsistencia, la producción de maíz en México se ha mantenido estable durante los últimos 10 años (CEPAL, 2013), pero con un rendimiento medio nacional de 2.7 ton ha⁻¹, el cual se considera bajo en relación con el de otros países productores (FAOSTAT, 2016).

El cambio climático actual impone retos y desafíos para la agricultura en nuestro país, pues uno de los mayores efectos del mismo es el temporal errático, con precipitaciones escasas o abundantes mal distribuidas y retrasadas, con periodos de estiaje más prolongados y severos por el calor, donde los cultivos se ven sometidos de manera natural a estreses hídricos si no se cuenta con riego, como ocurre en las zonas temporaleras o de agricultura de punta de riego productoras de maíz, todo ello afectando de manera adversa al rendimiento (Greenpeace, 2012).

Aunado al cambio climático, la población por su crecimiento requerirá cada vez más de alimentos, pero la superficie de cultivo va disminuyendo cada año. Ante esta problemática, una alternativa de solución es incrementar la productividad de los cultivos mediante el mejoramiento genético (García *et al.*, 2002).

El maíz mexicano tiene una amplia diversidad genética, derivada del cuidado, selección y conservación realizada por los agricultores durante muchas generaciones. Es esta variación genética la que lo hace tan importante para las investigaciones a nivel molecular en todo el mundo; pero esta riqueza genética está siendo afectada y amenazada con la generación de materiales genéticamente modificados o variedades de base genética estrecha. Estas nuevas variedades mejoradas están desplazando al maíz nativo en muchas

regiones y, aunado a esto, el abandono de los campos de cultivo debido al aumento de la migración causa que las importaciones de maíz estén aumentando gradualmente. Es por lo anterior que se necesitan variedades mejoradas e híbridos precoces y rendidores de maíz capaces de tolerar los cambios ambientales que le permitan al productor asegurar una buena producción de grano y forraje.

En México se pueden aprovechar las variedades de maíz con adaptación y tolerancia *per se* a la sequía o a los estreses por falta de humedad, ya que estas constituyen un reservorio valioso de alelos favorables para el mejoramiento genético del maíz para resistencia a sequía por selección e hibridación.

Las variedades de maíz mejoradas para temporal y los híbridos derivados de ellas deben ser rendidores, precoces, baratos y del agrado del productor. Al respecto, un reto para los mejoradores es predecir e identificar con precisión las variedades y las líneas puras que pueden producir híbridos altamente heteróticos, para poder estimar qué materiales son altamente rendidores y resistentes a diferentes tipos de estrés ambiental, como la sequía; ante ello, surge la necesidad de evaluar fenotípicamente y genotípicamente plantas de maíz para establecer una base de datos general para la caracterización del germoplasma disponible, y con ello contar con una matriz o una tarjeta de rasgos para lograr eficiencia en la predicción, particularmente para tolerancia a estrés biótico, abiótico y de calidad nutricional (Prassana, 2012).

Los marcadores moleculares, como las secuencias simples repetidas (SSRs) o microsatélites, constituyen una importante herramienta para el mejoramiento de plantas, para la detección de la variación genética disponible en colecciones

de germoplasma, y para la predicción del rendimiento y heterosis en maíz. En relación con esto último, en la literatura existen múltiples trabajos de predicción del rendimiento en maíz usando microsatélites (Oyecunle *et al.* 2015), y también heterosis (Reif, 2003; Zhang *et al.*, 2016, Choucan *et al.*, 2006), pero las predicciones han resultado poco precisas y algo decepcionantes (Stuber, 2001). Por otro lado, los trabajos que involucran la riqueza alélica o número de alelos como parámetro de predicción son muy escasos, y los que existen han usado un número limitado de materiales genéticos (Liu, 2003).

Al respecto, solo se tiene la referencia de Lamkey *et al.* (1987) en la que las diferencias alélicas de 11 *loci* isoenzimáticos resultaron no predictivas del rendimiento de híbridos de maíz entre líneas de alto y bajo rendimiento.

Con base en los antecedentes expuestos, se realizó el presente trabajo con el objetivo de estimar el número total de alelos y la riqueza alélica en genotipos de maíz tolerantes a la sequía mediante marcadores moleculares SSRs para estudiar su relación con el rendimiento de grano y sus componentes. El supuesto es que los marcadores SSR constituyen una herramienta eficaz para apoyar el mejoramiento genético del maíz mediante una predicción precisa de su rendimiento mediante su uso, ya que la riqueza alélica de los genotipos guarda una relación con su diversidad genética y con su rendimiento y la expresión de sus componentes.

Objetivo: Estudiar la relación entre la riqueza alélica y el rendimiento de grano y sus componentes de 41 genotipos de maíz sobresalientes.

Hipótesis: Existe una relación positiva entre la riqueza alélica de los genotipos y su rendimiento y componentes.

I.I- REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. Importancia del maíz a nivel mundial

El maíz, uno de los tres granos básicos que alimentan a la humanidad, tuvo su origen y diversificación inicial en las montañas y valles de México, por medio de la intervención de los antiguos pobladores de este territorio en un proceso coevolutivo de milenios que condujo a la formación de una de las plantas cultivadas de mayor diversidad genética en el mundo (Kato *et al.*, 2009).

La FAO estima que si persisten las tendencias actuales de crecimiento de la población, de su ingreso económico y de su consumo, la producción agrícola tendrá que aumentar un 60% para 2050 con el fin de satisfacer la demanda esperada de alimentos y forrajes, en particular de maíz (FAO, 2013). Por tanto, la agricultura debe transformarse para alimentar a la creciente población mundial y sentar las bases para el crecimiento económico y la reducción de la pobreza. Pero, en este contexto, el cambio climático hará más difícil esta tarea en un escenario sin cambios o de avances lentos, debido a los impactos adversos sobre la agricultura que éste tiene, lo que requerirá de esfuerzos de adaptación vertiginosos de los seres vivos y de costos asociados cada vez mayores.

2.2. Producción de maíz en México

El pronóstico de la producción total de maíz mexicano 2015/16 (octubre a septiembre) es de 23,4 MMT, la cual no cubrirá la demanda y se recurrirá a la importación de unas 10 MMT. La superficie cosechada, suponiendo condiciones atmosféricas normales, se estima en unas siete millones de hectáreas.

La fuerte demanda interna de grano ha sido un factor en el mantenimiento de la producción nacional de maíz bastante estable durante los últimos dos años, incluso con los precios más bajos por tonelada de grano. Los menores precios del maíz se han traducido en un aumento significativo en la utilización de piensos, lo que ha impulsado principalmente los sectores avícola y de ganado.

México es el sexto mayor productor mundial de maíz, el tercer mayor importador de maíz, y el sexto mayor consumidor de maíz. En México, el maíz es el producto agrícola más importante, tanto en términos de producción como de consumo (USDA, 2016).

2.3. Cambio climático y agricultura

El cambio climático está exacerbando los desafíos que enfrenta el sector agrícola. El clima cambia inducido por el incremento en las temperaturas, las precipitaciones erráticas y la variación de la frecuencia e intensidad de los fenómenos meteorológicos extremos. La agricultura, entre otras actividades, también está contribuyendo de forma significativa a las emisiones de gases de efecto invernadero (GEI) que están causando el cambio climático, 17% de forma directa a través de actividades agrícolas y un adicional de 7% a un 14% a través de cambios en el uso del suelo (OECD, 2015).

2.4. Cultivo de maíz de temporal en México

El maíz se cultiva durante todo el año durante dos estaciones: primavera-verano (abril-marzo) y otoño-invierno (octubre-septiembre). Aproximadamente el 75 por ciento del maíz mexicano se produce en la temporada de primavera-verano, y el 65 % del maíz se cosecha a partir de la agricultura de temporal. El cultivo y la cosecha de primavera-verano 2014 (principalmente cosechado en noviembre y diciembre de 2014) se ha informado de buena calidad, debido a condiciones climáticas favorables durante ese año (USDA, 2014)

La producción de maíz de temporal es una fuente vital de alimentos y una tradición milenaria en México. A pesar de que la participación de la agricultura en la economía se ha reducido en las últimas décadas, la producción de maíz de temporal es una estrategia crucial para el sustento de la población rural más pobre (Olivera *et al.*, 2013).

La agricultura es extremadamente vulnerable al cambio climático. El aumento de las temperaturas termina por reducir la producción de los cultivos, a la vez que provoca la proliferación de malas hierbas y enfermedades y plagas. Los cambios en los regímenes de lluvias aumentan la probabilidad de fracaso en las cosechas a corto plazo y de reducción de la producción a largo plazo. Probablemente las más afectadas por el cambio climático en la agricultura sean las poblaciones de los países en vías de desarrollo, desde ya vulnerables y presas de la inseguridad alimentaria. En 2005, casi la mitad de la población económicamente activa de los países en vías de desarrollo (dos mil quinientos millones de personas) dependía de la agricultura para asegurar sus medios de

vida. A la fecha, el 75% de los pobres del mundo viven en áreas rurales (IFPRI, 2009).

2.5. Heterosis

No obstante los peligros del cambio climático hacia la humanidad, la heterosis es uno de los fenómenos biológicos que más interés ha despertado en la investigación debido a su importancia en el mejoramiento de las plantas. Es el resultado del cruzamiento de progenitores no emparentados que da oportunidad de obtener híbridos superiores en rendimiento y otros atributos a sus progenitores.

Moll *et al.* (1962) definieron la heterosis como un fenómeno en el cual el híbrido resultante del cruzamiento entre dos variedades es superior en crecimiento, tamaño, rendimiento y en vigor a éstas. Así mismo, señalan que en las cruzas intervarietales, en la medida que la divergencia genética entre los progenitores es mayor, también lo es la heterosis de la cruce; sin embargo, existe un grado óptimo de divergencia genética donde la heterosis puede ser máxima, puesto que cuando la divergencia genética es extremadamente grande la heterosis se puede reducir (Hallauer *et al.*, 2010).

2.6. Caracterización del germoplasma de maíz con marcadores moleculares.

La evaluación de la diversidad en maíces nativos es importante para el planteamiento de estrategias de conservación, caracterización y uso del germoplasma en el mejoramiento genético, dado su potencial como fuente de características nuevas, exóticas y favorables (González *et al.*, 2013). En la genética de plantas y el mejoramiento, los marcadores moleculares de segunda generación permiten la caracterización detallada de genotipos de plantas.

Entre los diferentes marcadores moleculares, la tecnología de SSRs presenta ventajas potenciales de fiabilidad, reproducibilidad, discriminación, estandarización y efectividad por su bajo costo y abundancia. Los marcadores SSRs (secuencias simples repetidas) son abundantes y bien distribuidos a través del genoma del maíz, los cuales pueden ser empleados como el sistema de marcaje preferido.

Los marcadores SSRs han sido utilizados extensivamente en maíz para caracterizar la estructura genética, la diversidad genética, para construcción de arboles filogenéticos, para definir el potencial heterótico de grupos, y para definir recursos únicos para la diversidad alelica. Además, los marcadores SSRs han sido ampliamente utilizados para la construcción de mapas genéticos, mapeo de locus de rasgos cuantitativos (QTL), mapas basados en clonación y selección asistida por marcadores moleculares (MAS) a causa de su ubicación y alto nivel de polimorfismo. Debido a que es posible enriquecer el actual mapa de ligamiento de maíz con marcadores SSRs, estos son de gran valor para el mejoramiento molecular a nivel mundial (Xu *et al.*, 2013).

2.7. Caracterización y rendimiento de maíz.

El maíz es un cultivo C4 con una alta tasa de actividad fotosintética, principalmente para aumentar el número de granos y un alto potencial de producción de biomasa. Es una especie de polinización cruzada, característica que contribuye a una gran heterocigosidad y a una amplia variación morfológica y de adaptabilidad geográfica (Xu *et al.*, 2013).

Opping *et al.* (2014) caracterizaron en clúster un total de 20 poblaciones de 15 plantas cada una de Ghana y 4 de control de las poblaciones de América Latina mediante SSR. El rendimiento en los campos de los agricultores fueron bajos, y esto se atribuyó, en parte, a las preferencias y al empleo de variedades locales de cultivo con poco mejoramiento. Se realizaron análisis filogenéticos para ayudar en la selección y mejoramiento del rendimiento de algunas de estas variedades locales. Los resultados sugieren que los esfuerzos para mejorar nuevos genotipos de maíz deberían enfocarse también en las condiciones climáticas específicas para mejorarlas y lograr una mayor productividad.

Phumichai *et al.* (2008) encontraron una correlación positiva entre distancias genéticas basadas en SSRs y el rendimiento de grano. Los coeficientes de correlación entre distancias genéticas basadas en SSR y basados en la producción de grano entre híbridos fueron significativos en los seis lugares de experimentación y de líneas híbridas parentales para la predicción del rendimiento. El estudio realizado por Schrag *et al.* (2010) mostró el alto potencial de un conjunto de líneas híbridas utilizadas para predicción del rendimiento con ayuda de marcadores moleculares.

En la literatura existen múltiples trabajos de predicción del rendimiento en maíz usando microsatélites (Oyecunle *et al.*, 2015.), y también heterosis (Reif, 2003; Zhang *et al.*, 2016; Choucan *et al.*, 2006), pero las predicciones han resultado poco precisas y algo decepcionantes (Stuber, 2001). Por otro lado, los trabajos que involucran la riqueza alélica o número de alelos como parámetro de predicción son muy escasos, y los que existen han usado un número limitado de materiales genéticos (Liu, 2003).

A este respecto, solo se tiene la referencia de Lamkey *et al.* (1987) en la que las diferencias alélicas de 11 *loci* isoenzimáticos resultaron no predictivas del rendimiento de híbridos de maíz entre líneas de alto y bajo rendimiento.

III.- MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Material vegetal y evaluación en campo

El material genético consistió de 41 genotipos de maíz de temporal tolerantes a sequía (Cuadro 1), de los cuales 14 correspondieron a líneas endogámicas, cinco fueron híbridos de cruza simple, nueve fueron híbridos trilineales, y 13 materiales fueron variedades.

La evaluación de los materiales para rendimiento y sus componentes se realizó durante el ciclo primavera-verano 2014 en el Campo Experimental del Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, Texcoco, México. Los ensayos de riego y de temporal con riego se sembraron el 14 de mayo, y el ensayo de temporal sin riego se sembró el 29 de mayo. Se utilizó un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones, con unidades experimentales constituidas por parcelas de dos surcos de 80 cm de ancho y 6 m de largo, conteniendo 13 matas de dos plantas por surco a una separación de 50 cm entre matas, dando un total de 52 plantas por parcela.

Al momento de la siembra se aplicó fertilizante con la fórmula 80-60-00 combinando Urea y Superfosfato de calcio triple. Se realizó la primera escarda a los 30 días y la segunda a los 45 días, aplicando en esta la segunda fertilización con la fórmula 80-00-00 con fuente urea; a los 40 días se realizó una aplicación de insecticida Triunfo® para el combate de gusano cogollero. A los 70 días se realizó una aplicación de herbicida usando una mezcla de Gesaprim® Calibre 90 más Gramoxone®.

A las parcelas de riego se les proporcionó riego sin limitaciones, a las de temporal se les proporcionaron riegos de auxilio cuando no llovió y fue necesario. A la parcela de sequía no se le proporcionó riego de auxilio, ni en la canícula, sobreviviendo únicamente de la humedad de lluvia que retuvo el suelo.

Los caracteres medidos fueron: rendimiento de grano (REN) en kg/ha a 14% de humedad, que se calculó con la siguiente fórmula:

$$REN = [PC \times \% MS \times \% G \times FC] / 8600;$$

donde *PC* = peso de campo de mazorca, en kilogramos por parcela útil; *% MS* = porcentaje de materia seca, mediante la diferencia 100 menos el porcentaje de humedad obtenido del determinador de humedad portátil Dickey-John®; *% G* = porcentaje de grano, como promedio de la relación entre el peso de grano y el peso de mazorca desprovista de brácteas, de cinco mazorcas, multiplicado por 100; *FC* = factor de corrección, obtenido al dividir 10 000 m² (1 ha) entre la superficie útil de la parcela (9.6 m²); 8600 = es un valor constante, que permite estimar el rendimiento con una humedad uniforme del 14%, que es a la cual se manejan las semillas en forma comercial en México. De cada parcela se tomó una muestra de 10 mazorcas para medir: Longitud de mazorca (LM) en cm; diámetro de mazorca (DM) en cm; número de hileras por mazorca (NH); y número de granos por hilera (NG).

3.2. Extracción de ADN

El ADN de los genotipos se extrajo para amplificar 36 marcadores SSR. Para ello, de cada genotipo se sembraron 25 semillas en almácigo bajo condiciones

de invernadero en el Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, México. Posteriormente, a los 10 días se colectaron dos hojas por plántula y se guardaron en bolsas de papel encerado sobre hielo, se congelaron a -80°C y más tarde se liofilizaron en un equipo Labconco[®] FreeZone Free DrySystem (MO, USA) con un vacío de 100 micrones y a una temperatura de -50°C por 72 h. Una vez liofilizadas las hojas, éstas se guardaron en bolsas de plástico Ziploc[®] hasta el momento del muestreo. Las muestras fueron discos foliares obtenidos con una perforadora manual. Cada disco, de 0.5 cm de diámetro y peso aproximado de 1 mg, se colocó en un minitubo de 1.1 ml (NeptuneSci, USA). Cada minitubo contuvo 12 discos foliares y dos balines de acero inoxidable de 5/32" de diámetro (Open Diagnostics GBSS 156-500-01) para pulverizar los discos utilizando un Tissuelyser (Quiagen, Germany) aplicando 30 sacudidas por segundo durante 2-3 min. Las muestras molidas se mantuvieron herméticamente tapadas a temperatura ambiente hasta el momento de la extracción del ADN, la cual se hizo siguiendo el protocolo basado en CTAB (CIMMYT, 2006). La cuantificación del ADN extraído se efectuó con el espectrómetro NanoDrop 8000 (Thermo Scientific, USA) empleando 2 μl por muestra. Se asumió que una unidad de absorbancia a 260 nm de ADN es igual a 50 ug ml^{-1} de ADN de doble cadena (Sambrook *et al.*, 1989).

Cuadro 1. Tipo de material y genealogía de los 41 genotipos evaluados en campo y caracterizados molecularmente. Montecillo, 2014.

No.	Material	Genealogía	No.	Material	Genealogía
1	Línea	Zacatecas 58 S -15-1	22	Trilineal	(T1XT3)XT18
2	Línea	Cafime S-18-1	23	Trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1
3	Línea	Cafime S-17-1-1	24	Trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1
4	Línea	Cafime S-5-1-1-1	25	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-3-3-2-))XT18
5	Línea	Hit-7-13-2-1	26	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-23-3-2-))XT18
6	Línea	Hit-7-14-1-2	27	Trilineal	Híbrido H66 de INIFAP
7	Línea	Hit-7-28-1-2	28	Trilineal	Híbrido H70 de INIFAP
8	Línea	H40-3-3-2	29	Variedad	Cafime original
9	Línea	H40-23-3-2	30	Variedad	Cafime SM9 Sequía
10	Línea	H40-63-1-1	31	Variedad	Cafime SM16 Sequía
11	Línea	Zac.58 original 249-1-1	32	Variedad	Zacatecas 58 Original
12	Línea	Zac.58 original 294-1-1	33	Variedad	Zac. 58 SM24 Rot
13	Línea	Zac.58 SM 15S (1-60)-18-1(6)-1-1	34	Variedad	Zac.58SM18 Sequía
14	Línea	Zac.58SM15S(1-60)-41-1(5)-2-1-2	35	Variedad	Zap. Chico original
15	Cruza simple	(T1XT3)	36	Variedad	Zap. Chico C15
16	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2)	37	Variedad	Compuesto Toluca C1
17	Cruzas imple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3-2)	38	Variedad	Compuesto Toluca C4
18	Cruza simple	Cafime original X T18	39	Variedad	Criollo S.J.T Blanco
19	Cruza simple	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	40	Variedad	Criollo S.J.T Amanalco
20	Trilineal	(T1XT3)XT4	41	Variedad	Cónico compuesto
21	Trilineal	(T3XT4)XT1			

3.3. Amplificación del ADN

Los loci SSR que se amplificaron fueron 36, los cuales mapean 2-3 bins distintos por cada cromosoma del genoma de maíz. Se utilizaron las líneas CML051 y CML292 como referencias de amplificación. La unidad de repetición

de cada SSR, el bin, la etiqueta fluorescente (fluoróforo), y la concentración de cebador por reacción se indican en el Cuadro 2. Las reacciones de amplificación fueron de 15 ul y consistieron de 40 ng de DNA, 0.75 a 1.5 ul por cebador (2 uM), 3.0 ul de 5X GoTaq buffer, 2.5 ul de dNTPs (2.5 uM cada uno), 1.2 ul de MgCl₂ (25 mM), 0.06 ul de GoTaqFlexi DNA[®] (5 U ul⁻¹, Promega M8295, USA) y agua grado PCR (Sigma W-1754). El programa de amplificación consistió en una desnaturalización inicial a 94°C durante dos min, 30 ciclos de amplificación compuestos por una desnaturalización a 94°C durante 1 min, alineamiento a 54°C (u otra temperatura de acuerdo con el Cuadro 2) durante 2 min y extensión a 72°C durante 2 min, seguido de una etapa de extensión final a 72°C durante 5 min. Las reacciones de PCR se guardaron a -20°C hasta el momento de su migración.

3.4. Separación de los fragmentos en gel de poliacrilamida

Esta separación se hizo cargando 1.5 ul por reacción en geles de poliacrilamida de dos fases preparados de acuerdo con Hernández (2013). La electroforesis se realizó a 350 V durante 3.5 h, en tanto que la visualización de las bandas se hizo con tinción de nitrato de plata siguiendo los protocolos del CIMMYT (2006). La documentación de los geles se realizó mediante la toma de fotografías con una cámara UVP Photodoc-It 60 Imaging System después de exponerlos a luz blanca en una trans-iluminador FotoPrep I (Fotodyne, USA). Finalmente, las fotografías se editaron utilizando la herramienta Picasa de Google[™].

3.5. Lectura de las bandas

La lectura de los fragmentos amplificados para cada *loci*, se hizo dando un número para cada alelo (fragmento, banda) diferente, correspondiendo 1 a la banda de mayor peso molecular y así sucesivamente.

Cuadro 2. Unidad de repetición de cada SSR, bin, etiqueta fluorescente (fluoróforo), volumen de cebador por reacción y temperatura de hibridación de los cebadores.

ssr	Unidad de repetición	Bin	Fluoróforo	ul of cebador {2uM} por reacción	ssr	Unidad de repetición	Bin	Fluoróforo	ul of cebador {2uM} por reacción
umc1153	TCA	5.09	FAM	1	phi96100	ACCT	2	NET	1
phi308707	AGC	1.1	HEX	1	phi121	CCG	8.03	FAM	1
phi453121	ACC	3	FAM	1	umc1545	AAGA	7	HEX	1
umc1304	TCGA	8.02	NET	2	phi115	AT/ATAC	8	HEX	1
nc133	GTGTC	2.05	NET	1	phi116	ACTG/ACG	7.06	FAM	1.2
phi374118	ACC	3.03	NET	1	phi227562	ACC	1.12	FAM	1.5
umc1109	ACG	4.1	FAM	1	phi062	ACG	10.04	HEX	2
phi014	GGC	8.04	FAM	1.2	zcaa391	CAA	6.01	TET	1.5
phi 448880	AAG	9.05	HEX	1.2	phi065	CACTT	9.03	FAM	1
umc1277	AATA	9.08	HEX	1.2	phi109188	AAAG	5	HEX	1
phi328175	AGG	7.04	FAM	1.5	phi331888	AAG	5.04	NET	1
phi089	ATGC	6.08	FAM	1	phi059	ACC	10.02	FAM	1.5
phi034	CCT	7.02	HEX	2	phi423796	AGATG	6.02	HEX	2
umc1399	CTAG	3.07	FAM	1	phi063	TATC	10.02	FAM	1
phi079	CATCT	4.05	NET	1	phi101049	AGAT	2.09	HEX	2
phi085	AACGC	5.07	FAM	1	phi072	AAAC	4.01	FAM	1
phi108411	AGCT	9.06	FAM	1	phi056	CCG	1.01	HEX	1
phi076	GAGCGG	4.11	HEX	2	phi064	ATCC	1.11	HEX	1

3.6. Separación de los fragmentos en secuenciador

Los productos de PCR migrados en poliacrilamida también se separaron por electroforesis capilar utilizando un secuenciador de DNA (Genetic Analyzer ABI 3130[®], Applied Biosystems, Foster City, CA) y LIZ-500 como marcador de tamaños estándar. Para ello, se hicieron mezclas de corrida compuestas por productos de PCR, formamida y el estándar. Se migraron cuatro SSR por cada corrida (Cuadro 3), para lo cual se mezclaron 2 ul de producto de PCR de cada SSR. Tres microlitros de esta mezcla se colocaron en la placa de reacción (Applied Biosystems, USA). La formamida más el estándar se mezclaron en proporción 27:1, respectivamente. De esta preparación, 7 ul se adicionaron a la mezcla de productos de PCR para llegar a un volumen final de 10 ul. Este volumen de corrida se desnaturalizó durante 3 minutos a 96°C en un termociclador, inmediatamente después se colocó sobre hielo y se mantuvo a -40 °C por 3 minutos más antes de realizar la corrida en el secuenciador.

El archivo de datos para cada alelo dentro de cada marcador fue generado para cada genotipo con Gene Mapper[®] V.4.0 software (Applied Biosystems, 2005), el cual constituyó la entrada para realizar el análisis estadístico. Los datos arrojados por el secuenciador fueron leídos, contando el número de alelos por marcador, para cada genotipo. Una vez terminado el conteo se determinó el promedio del número total de alelos por marcador.

3.7. Análisis estadístico

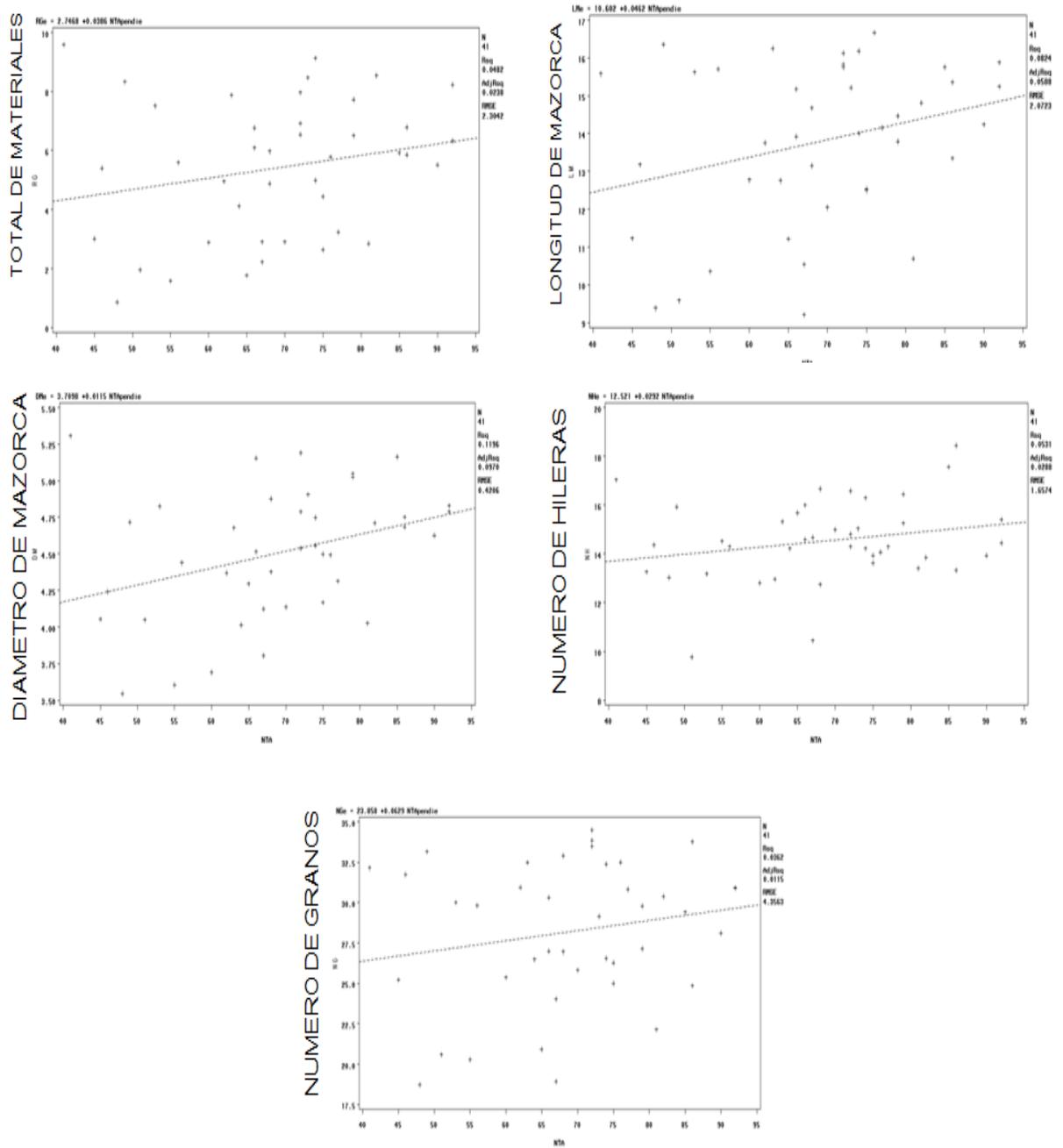
Se realizaron análisis de varianza por ambiente y combinado de ambientes de los datos del rendimiento y sus componentes y también una comparación de medias de Tukey para obtener los promedios. Posteriormente se realizaron regresiones lineales para determinar los coeficientes de regresión lineal simple (b), errores estándar (es) y coeficientes de determinación R^2 ; primero para un promedio del rendimiento y variables de los genotipos combinando ambientes; posteriormente se hicieron regresiones del rendimiento y variables de cada genotipo en cada ambiente de prueba sobre el número total de alelos. También se hicieron regresiones lineales de las variables sobre el número de alelos de cada marcador utilizado. Finalmente, se determinaron los coeficientes de correlación de Pearson (media, mínimos, máximos y número total de alelos) entre las variables medidas incluyendo el NTA. Todos los análisis se hicieron mediante SAS versión 9.0 (SAS Institute, 2002).

IV.- RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Regresión lineal de los promedios del análisis combinado de ambientes de los 41 genotipos sobre el número total de alelos.

El análisis de regresión lineal de los promedios del análisis combinado de ambientes de los 41 genotipos sobre el número total de alelos (NTA) (Figura 1) (Cuadro 6), indica que no hubo relación significativa entre el NTA y rendimiento, número de hileras por mazorca y número de granos por mazorca. Entre diámetro de mazorca y NTA se observó una relación positiva, pudiendo indicar esto que el aumento en el número de alelos está relacionado con aumentos en diámetro de mazorca.

Figura 1. Análisis combinado de 41 materiales genéticos de maíz.



RG=Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca, NH=Número de hileras y NG= Número de granos. Todos los promedios sobre número total de alelos.

Por otro lado, el análisis de regresión lineal de los promedios de los análisis individuales de cada ambiente de los 41 genotipos sobre el número total de alelos (NTA) (Figura 2), indica que entre el rendimiento y el NTA no se tuvo una relación significativa en los tres ambientes, aunque los coeficientes de regresión resultaron positivos y de pequeña magnitud, es de destacarse que numéricamente no fueron igual a cero. Las mejores relaciones fueron: entre NTA y longitud de mazorca en temporal. También se observó una relación positiva entre NTA y longitud de mazorca (LM) y número de granos (NG) bajo condiciones de sequía. Con los resultados anteriores, y aún cuando los marcadores moleculares no son afectados por el ambiente en el que se desarrollan las plantas (Doebley, 1994), se observa que las relaciones más consistentes con los *loci* utilizados y los materiales evaluados en tres ambientes fueron entre NTA y longitud de mazorca y diámetro de mazorca en temporal, y longitud de mazorca y número de granos en sequía.

Cuadro 3. Coeficientes de regresión lineal simple (b), errores estándar (es) y coeficientes de determinación R² (%) del rendimiento y sus componentes sobre el número total de alelos (NTA) en 36 *loci* SSR. Análisis combinado del promedio de 41 materiales genéticos de maíz.

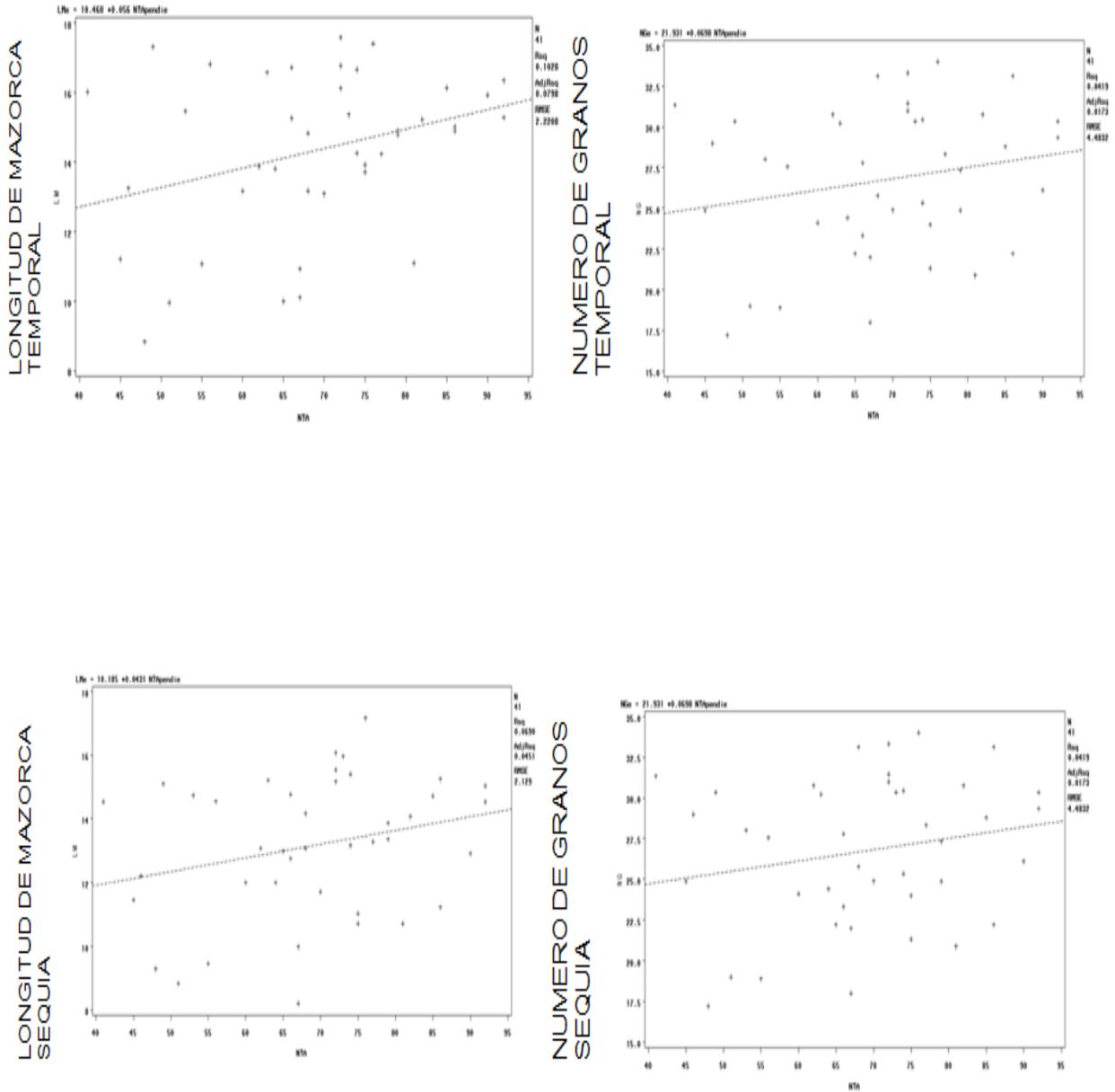
Variable	Combinado			Riego			Temporal			Sequía		
	R ²	b	es	R ²	b	es	R ²	b	es	R ²	b	es
REND	0.048	0.039	0.027	0.060	0.047**	0.030	0.056	0.041	0.027	0.023	0.027	0.028
LM	0.082	0.046	0.025	0.060	0.040	0.025	0.103	0.055**	0.026	0.069	0.043**	0.025
DM	0.120	0.011	0.005	0.120	0.011**	0.005	0.124	0.012**	0.005	0.080	0.011	0.006
NH	0.147	0.029	0.020	0.060	0.034	0.022	0.080	0.036	0.020	0.030	0.022	0.020
NG	0.036	0.062	0.051	0.030	0.059**	0.054	0.030	0.060**	0.054	0.041	0.070	0.053

Regresión lineal del rendimiento y sus componentes: REND= Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca.

Para el ambiente de riego (Cuadro 3) no se encontraron relaciones significativas para rendimiento y sus componentes en relación con el número total de alelos, excepto en diámetro de mazorca; en el resto de las variables

analizadas cabe destacar que aun cuando no se observó una relación significativa de ellas con NTA, es importante notar que los valores del coeficiente de regresión resultaron numéricamente mayores que cero.

Figura 2. Análisis Individual de 41 materiales genéticos de maíz



LM= Longitud de mazorca y NG=Número de granos para dos ambientes (temporal y sequía) sobre el número total de alelos.

Tanto en el análisis combinado de ambientes como en los individuales considerando todos los materiales no se encontró una relación significativa entre el NTA y el rendimiento debido probablemente a que se analizaron en conjunto todos los genotipos, los que comprendieron grupos diversos como líneas endogámicas, variedades e híbridos, estos últimos expresando diferentes grados de heterosis para rendimiento, aún cuando tuvieran igual o menor número de alelos que las líneas y variedades, lo cual indica que deben separarse los grupos para poder observar posibles relaciones entre NTA y las variables.

4.2. Regresión lineal por grupos de materiales

Con respecto a los análisis de regresión por grupos de materiales, para las líneas (Cuadro 4) se observaron relaciones significativas tanto para el combinado como para los tres ambientes, entre NTA y rendimiento, longitud de mazorca y diámetro de mazorca.

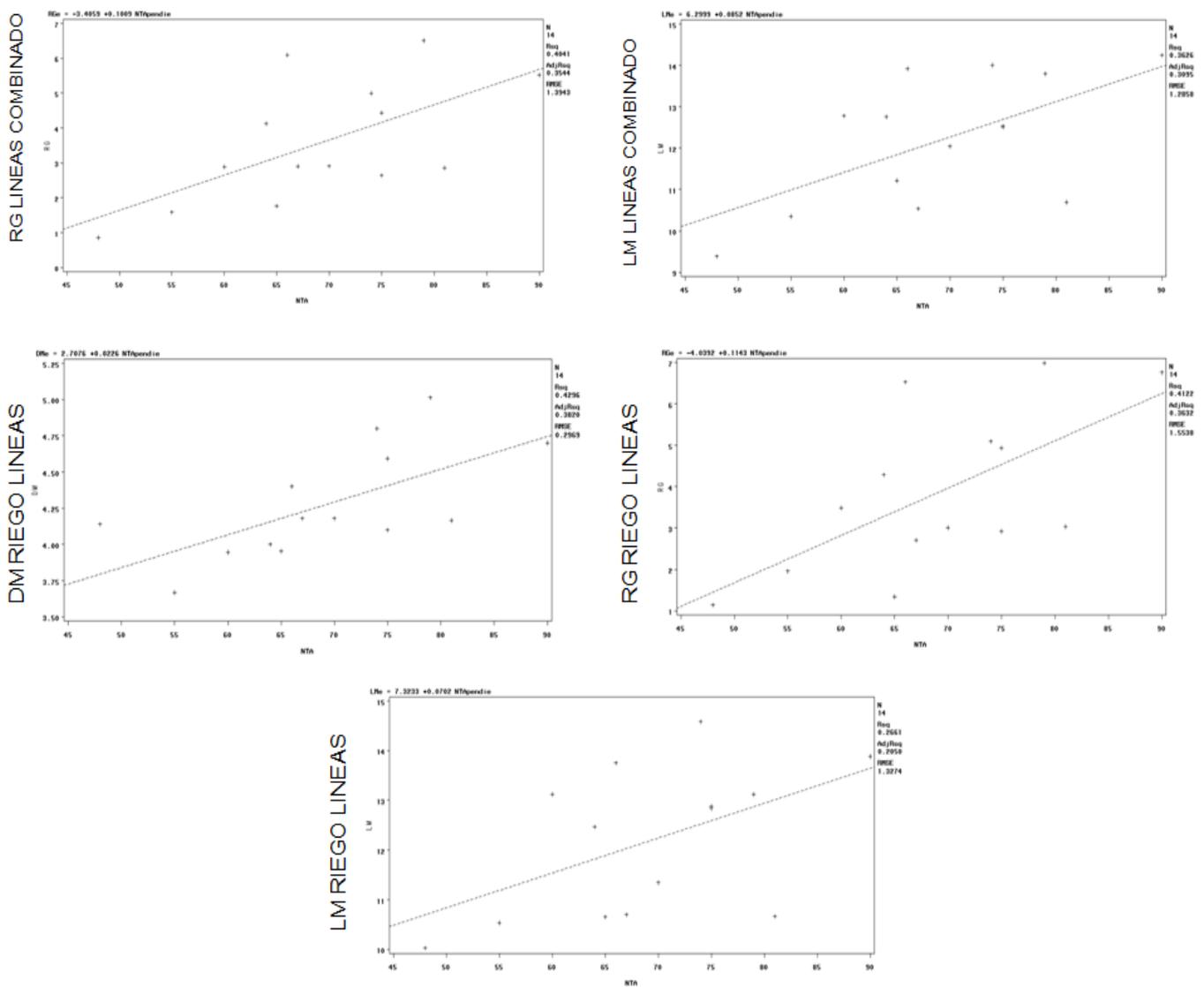
Cuadro 4. Coeficientes de determinación (R^2), de regresión (b), y errores estándar (es) del análisis de regresión lineal simple del rendimiento y sus componentes del grupo de líneas sobre el número total de alelos de 36 *loci* SSR. Promedios del análisis combinado de ambientes e individuales. Evaluación en Montecillo, 2014.

Variable	Combinado			Riego			Temporal			Sequía		
	R^2	b	es	R^2	b	es	R^2	b	es	R^2	b	es
REND	0.404	0.100**	0.035	0.412	0.114**	0.039	0.514	0.119**	0.033	0.186	0.069	0.041
LM	0.266	0.022**	0.033	0.270	0.070**	0.033	0.407	0.123**	0.043	0.259	0.064**	0.031
DM	0.429	0.022**	0.007	0.429	0.022**	0.007	0.608	0.037**	0.008	0.354	0.0029**	0.011
NH	0.095	0.047	0.042	0.096	0.048	0.042	0.186	0.047	0.028	0.008	-0.009	0.029
NG	0.095	0.047	0.042	0.354	0.133**	0.052	0.360	0.234**	0.090	0.414	0.151**	0.051

** significancia al $P < 0.01$; REND= Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca.

Lo anterior indica que a mayor número de alelos en las líneas evaluadas se tuvo mayor rendimiento y mazorcas de mayor longitud y diámetro; se puede inferir que el grado de autofecundación de las líneas contribuye a mantener las características antes mencionadas; esto se puede observar también en la Figura 3.

Figura 3. Análisis combinado e individual de catorce líneas de maíz



RG= Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca. Todos los promedios sobre número total de alelos.

Con respecto al grupo de cruzas simples, el análisis de regresión de los promedios del análisis combinado y de los ambientes individuales para el rendimiento y sus componentes sobre el NTA (Cuadro 5) indica que entre el rendimiento de los híbridos simples y el NTA no hubo una relación positiva, ya que en todas las situaciones el coeficiente de regresión resultó numéricamente menor a cero, indicando esto lo complejo de predecir el rendimiento en los híbridos con marcadores moleculares, esto por la heterosis que expresan estos materiales, independientemente del NTA de cada cruz, y pareciera que a menor NTA en las cruzas mayor es su rendimiento. Los promedios de LM, DM y NH del análisis combinado tuvieron una relación positiva con NTA, pero no el número de granos por mazorca (NG), lo que concuerda con el resultado para rendimiento, ya que NG es un componente muy importante del mismo. Tanto en riego, temporal y sequía los coeficientes de regresión (b) de los promedios de las variables LM, DM, NH, y NG sobre el NTA resultaron positivos, lo cual indica que a mayor número de alelos en los genotipos, los valores promedio de tales variables se incrementaron.

Cuadro 5. Coeficientes de determinación (R^2), de regresión (b), y errores estándar (es) del análisis de regresión lineal simple del rendimiento y sus componentes del grupo de cruzas simples sobre el número total de alelos de 36 loci SSR. Promedios del análisis combinado de ambientes e individuales. Evaluación en Montecillo, 2014.

Variable	Combinado			Riego			Temporal			Sequia		
	R^2	b	es	R^2	b	es	R^2	b	es	R^2	b	es
REND	0.172	-0.053	0.067	0.160	-0.070	0.091	0.095	-0.053	0.094	0.246	-0.038**	0.038
LM	0.068	0.048	0.102	0.068	0.048	0.103	0.004	0.013	0.113	0.003	0.073	0.013
DM	0.181	0.018	0.023	0.181	0.119	0.023	0.302	0.021**	0.019	0.240	0.016**	0.017
NH	0.140	0.084	0.120	0.140	0.084	0.121	0.431	0.150**	0.099	0.354	0.115**	0.090
NG	0.041	-0.072	0.200	0.140	0.084	0.121	0.094	-0.108	0.193	0.005	0.025	0.190

Niveles de significancia a *($P < 0.05$), REND= Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca, NH=Numero de hileras, NG=Número de granos.

En relación con los nueve híbridos trilineales, el análisis de regresión de los promedios del análisis combinado y de los ambientes individuales para el rendimiento y sus componentes sobre el NTA (Cuadro 6) indica que entre el rendimiento de los híbridos trilineales y el NTA no hubo una relación positiva, tal como sucedió en los híbridos simples, ya que en todas las situaciones el coeficiente de regresión resultó numéricamente menor a cero. Interesantemente, en estos materiales los promedios de los componentes del rendimiento sobre el NTA todos produjeron coeficientes de regresión negativos, lo cual pone de manifiesto que la heterosis de los híbridos junto con la composición de sus genomas no favorecen la predicción de estas variables, no al menos con los 36 loci utilizados y los genotipos evaluados.

Cuadro 6. Coeficientes de determinación (R^2), de regresión (b), y errores estándar (es) del análisis de regresión lineal simple del rendimiento y sus componentes del grupo de cruza trilineales sobre el número total de alelos de 36 loci SSR. Promedios del análisis combinado de ambientes e individuales. Evaluación en Montecillo, 2014.

Variable				Riego			Temporal			Sequia		
	R^2	b	es	R^2	b	es	R^2	b	es	R^2	b	es
REND	0.423**	-0.037	0.016	0.123	-0.030	0.030	0.283**	-0.033	0.020	0.431**	-0.048	0.020
LM	0.065	-0.010	0.014	0.065	-0.010	0.014	0.260**	-0.023	0.014	0.000	-0.000	0.011
DM	0.165	-0.010	0.005	0.166	-0.006	0.005	0.118	-0.006	0.006	0.246**	-0.008	0.005
NH	0.140	-0.034	0.031	0.140	-0.034	0.031	0.040	-0.016	0.030	0.030	-0.016	0.034
NG	0.005	-0.010	0.052	0.008	-0.005	0.021	0.272**	-0.061	0.038	0.008	-0.005	0.022

Niveles de significancia a *($P < 0.05$), REND= Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca, NH=Numero de hileras, NG=Número de granos.

En cuanto al grupo de trece variedades de maíz tolerantes a sequía, sus coeficientes de regresión (b) de los promedios del rendimiento y sus componentes de los análisis combinado de ambientes y de los individuales sobre el NTA fueron en todos los casos numéricamente mayores a cero

(Cuadro 7), indicando una relación positiva entre el número de alelos total y las variables. Este resultado, junto con el del grupo de líneas evaluadas, es prometedor como una herramienta de auxilio en la selección de mejores individuos, pues al menos con los 36 loci SSR utilizados se puede decir que para poblaciones y líneas endogámicas existe una relación positiva ente el rendimiento y sus componentes y el NTA.

Cuadro 7. Coeficientes de determinación (R^2), de regresión (b), y errores estándar (es) del análisis de regresión lineal simple del rendimiento y sus componentes del grupo de trece variedades sobre el número total de alelos de 36 loci SSR. Promedios del análisis combinado de ambientes e individuales. Evaluación en Montecillo, 2014.

Variable	Combinado			Riego			Temporal			Sequia		
	R^2	b	es	R^2	b	es	R^2	B	es	R^2	b	es
REND	0.093	0.043	0.041	0.112	0.048	0.040	0.092	0.041	0.039	0.070	0.042	0.046
LM	0.080	0.049	0.050	0.080	0.049	0.050	0.183	0.077	0.049	0.066	0.049	0.056
DM	0.312	0.017**	0.007	0.312	0.017**	0.008	0.223	0.011**	0.006	0.085	0.009	0.009
NH	0.132	0.047	0.036	0.132	0.048	0.037	0.075	0.040	0.043	0.021	0.054	0.111
NG	0.021	0.052	0.106	0.021	0.055	0.111	0.028	0.060	0.105	0.021	0.055	0.111

Niveles de significancia a *($P < 0.05$), REND= Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca, NH=Numero de hileras, NG=Número de granos.

4.3. Coeficientes de regresión lineal del rendimiento y sus componentes de 41 genotipos de maíz sobre el número de alelos de cada uno de 36 loci SSR bajo tres ambientes de evaluación.

El análisis de regresión de los promedios del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos por marcador, considerando los 41 genotipos y los tres ambientes, indica que 22 de los 36 marcadores tuvieron una relación directa con el rendimiento o alguno de sus componentes, ya que los coeficientes de regresión de los promedios de las variables sobre el número de alelos de esos marcadores resultaron significativos y mayores que cero.

Cuadro 8. Marcadores que presentaron una relación directa con el rendimiento o uno de sus componentes.

Marcador			
Umc1153	Umc1399	Phi109188	Zcaa391
Phi085	Phi063	Phi034	Phi453121
Phi227562	Phi121	Phi056	Phi089
Phi448880	Phi328175	Phi 101049	Umc1109
Phi423796	Zcaa391	Phi453792	Phi1545
Phi116	Phi072	Phi059	Phi089

4.3.1. Riego

En el ambiente bajo riego, para los promedios del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos por marcador se encontró que los coeficientes de regresión de nueve de los 36 loci SSR analizados fueron significativos para rendimiento, mientras que para longitud de mazorca únicamente los coeficientes de tres loci fueron significativos. Para DM los coeficientes de regresión de ocho de los 36 loci resultaron significativos. Mientras que para las variables NH y NG resultaron significativos los coeficientes de seis y cinco marcadores, respectivamente (Cuadro 9).

Cuadro 9. Regresión lineal de los materiales bajo riego. Solo se muestran los loci con valores de b significativos.

Marcador	RG			LM			DM			NH			NG			
	R ²	b	es													
Umc1153	0.108	1.770**	0.812													
Phi085	0.118	1.582**	0.692	0.070	1.046**	0.610	0.216**	0.373**	0.113	0.179	1.457**	0.500	0.058	1.994**	1.284	
Phi227562	0.087	0.656**	0.340				0.030	0.067**	0.061							
Phi448880	0.096	0.939**	0.462										0.034	1.009**	0.859	
Phi423796	0.031	0.625**	0.557	0.022	0.459**	0.480										
Phi116	0.023	0.229**	0.237							0.162	0.452**	0.164	0.086	0.790**	0.412	
Phi059	0.057	1.007**	0.654	0.104	1.164**	0.547	0.203**	0.330**	0.105	0.065	0.803**	0.487	0.031	1.341**	1.190	
Phi109188	0.038	0.283**	0.225				0.026	0.040**	0.040							
Phi034	0.085	0.922**	0.484				0.083	0.159**	0.085							
Phi056							0.047	0.070**	0.050							
Phi101049							0.212**	0.103**	0.032	0.059	0.232**	0.149				
Phi453792							0.050	0.138**	0.096							
Phi1545										0.060	0.546**	0.346				
Umc1399										0.008	0.198**	0.342	0.011	0.549**	0.820	

4.3.2. Temporal

En el ambiente bajo temporal, para los promedios del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos por marcador (Cuadro 10) se encontró que los coeficientes de regresión de tres de los 36 loci SSR analizados fueron significativos para rendimiento, mientras que para longitud de mazorca los coeficientes de 12 loci fueron significativos. Para DM los coeficientes de regresión de 11 de los 36 loci resultaron significativos. Mientras que para las variables NH y NG resultaron significativos los coeficientes de nueve y siete marcadores, respectivamente.

Cuadro 10. Regresión lineal de los materia les bajo condiciones de temporal. Solo se muestran los loci con valores de b significativos.

Marcador	RG			LM			DM			NH			NG		
	R ²	b	es	R ²	b	es	R ²	b	es	R ²	b	es	R ²	b	es
Phi034	0.062	0.727**	0.450	0.017	0.380**	0.459	0.127	0.209**	0.087						
Phi059	0.057	0.929**	0.600	0.085	1.104**	0.590	0.194	0.343**	0.112	0.166	1.159**	0.415	0.025	1.212**	1.196
Phi101049	0.048	0.258**	0.184	0.086	0.344**	0.179	0.132	0.086**	0.035	0.066	0.222**	0.134			
Phi063				0.056	0.779**	0.510	0.095	0.205**	0.101	0.101	0.773**	0.368			
Phi085				0.093	1.284**	0.641	0.170	0.352**	0.124	0.146	1.186**	0.460	0.154	3.802**	1.423
Phi116				0.071	0.366**	0.211				0.102	0.324**	0.153			
Phi121				0.027	0.619**	0.592									
Umc1399				0.023	0.400**	0.415							0.016	0.654**	0.820
Phi227562				0.086	0.086**	0.597	0.311	0.050**	0.092	0.109	0.157**	0.239			
Phi328175				0.019	0.192**	0.221	0.040	0.056**	0.044				0.002	0.409**	0.434
Phi423796				0.060	0.795**	0.502	0.046	1.140**	0.102				0.032	1.144**	1.002
Phi448880				0.071	0.743**	0.428							0.042	1.120**	0.856
Phi056							0.070	0.080**	0.046	0.068	0.298**	0.170			
Zcaa391							0.221**	0.452**	0.136						
Phi072							0.048	0.322**	0.227						
Phi089										0.043	0.0658**	0.493			
Phi1545										0.099	0.634**	0.305			
Umc1153													0.154	3.802**	1.423

4.3.3. Sequía

En el ambiente de sequía, para los promedios del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos por marcador (Cuadro 11) se encontró que los coeficientes de regresión de seis de los 36 loci SSR analizados fueron significativos para rendimiento y longitud de mazorca, mientras que para diámetro de mazorca los coeficientes de cinco loci fueron significativos. Para NH los coeficientes de regresión de solo cuatro de los 36 loci resultaron significativos. Mientras que para la variable NG resultaron significativos los coeficientes de nueve de los 36 marcadores analizados.

Cuadro 11. Regresión lineal de los materiales en condiciones de sequía. Solo se muestran los *loci* con valores de b significativos.

Marcador	RG			LM			DM			NH			NG		
	R ²	b	es												
Phi059	0.044	0.829**	0.616	0.044	0.829**	0.616	0.177	0.349**	0.120	0.083	0.833**	0.442	0.045	1.600**	1.175
Phi085	0.212	1.504**	0.647	0.107	1.299**	0.599	0.037	0.190**	0.154	0.053	0.727**	0.492	0.106	2.687**	1.245
Phi116	0.041	0.287**	0.220	0.136	0.447**	0.196	0.102	0.094**	0.044				0.121	0.935**	0.402
Phi227562	0.036	0.395**	0.327												
Phi448880	0.047	0.622**	0.444				0.022	0.090**	0.094				0.044	1.144**	0.849
Zcaa391	0.058	1.175**	0.755												
Phi056				0.054	0.328**	0.219									
Umc1399				0.014	0.299**	0.392				0.048	0.434**	0.307	0.006	0.425**	0.818
Phi453121				0.029	0.242**	0.221									
Phi034							0.034	0.115**	0.098						
Phi089										0.057	0.767**	0.498	0.080	2.360**	1.281
Phi423796													0.021	0.930**	1.000
Umc1109													0.022	1.593**	1.697
Umc1153													0.154	3.802**	1.427

El locus SSR phi059 fue significativo para los tres ambientes y el locus phi 085 fue significativo para los ambientes de riego y sequía, ambos para todas las variables. Esto indica que los marcadores antes mencionados pueden ser una opción para ayudar a la predicción del rendimiento y sus componentes en este tipo de materiales.

4.4. Análisis de correlación por grupos de materiales

El análisis de correlación entre los promedios del análisis combinado de las variables y el NTA, considerando los 41 genotipos evaluados (Cuadro 12), indica que hubo una correlación positiva significativa ($P < 0.01$) de 0.322 entre DM y NTA. Para rendimiento, longitud de mazorca, número de granos y número de hileras los coeficientes de correlación variaron entre 0.178 y 0.270,

con significancia estadística al menos de 0.05. Estos resultados son un indicativo de que los 36 loci analizados en el genoma de los materiales guardan una relación positiva con los valores observados de las variables medidas.

Cuadro 12. Coeficientes de correlación. Análisis combinado de 41 materiales genéticos de maíz.

Variable	RG	Media	Mínimos	Máximos	NTA
RG	1.00000	5.40469	0.70330	10.24670	0.21127** 0.0190
LM	0.79887**	13.78634	8.20000	17.58000	0.27070** 0.0025
DM	0.79751**	4.50428	3.19330	5.40000	0.32241** 0.0003
NH	0.47337**	14.55149	9.55670	19.11000	0.22628** 0.0118
NG	0.74753**	28.18733	17.22300	36.11000	0.17894* 0.0477
NTA	0.21127* 0.0190	68.82927	41.00000	92.0000	1.00000

Por otro lado, las correlaciones para las catorce líneas de maíz entre el rendimiento, sus variables componentes y el número total de alelos oscilaron entre 0.223 y 0.595 con significancia de ($p < 0.01$), excepto para NH, como se observa en el Cuadro 13. Este resultado confirma lo observado para las líneas en el análisis de regresión, donde hubo una relación lineal marginal entre el rendimiento y el NTA.

Cuadro 13. Coeficientes de correlación. Análisis combinado de catorce líneas de maíz.

Variable	RG	Media	Mínimos	Máximos	NTA
RG	1.00000	3.57605	0.70330	7.42300	0.59506**
LM	0.73982**	12.20698	8.83330	15.93330	0.52868** 0.0003
DM	0.78457**	4.21714	3.19330	5.10670	0.66753**
NH	0.40382** 0.0080	14.50920	12.22330	19.11000	0.22355** 0.1547
NG	0.68152**	24.56400	17.22300	31.88700	0.54317** 0.0002
NTA	0.59506**	69.21429	48.00000	90.00000	1.00000

Las correlaciones de las cinco cruza simples de maíz entre el rendimiento, sus variables componentes y el número total de alelos oscilaron entre -0.137 y 0.536 con significancia de ($p < 0.05$), excepto para DM Y NH, como se observa en el Cuadro 14. Este resultado confirma lo observado en el análisis de regresión donde no hubo relación entre el rendimiento y el NTA para cruza simples.

Cuadro 14. Coeficientes de correlación. Análisis combinado de cinco cruza simples.

Variable	RG	Media	Mínimos	Máximos	NTA
RG	1.00000	6.40959	3.57000	9.06670	-0.32359 0.2394
LM	0.41332** 0.1257	15.29731	13.08000	17.58000	0.12209 0.6647
DM	0.27389** 0.3232	4.83200	4.33330	5.33330	0.46940** 0.0775
NH	0.31123** 0.2588	15.18578	12.22330	18.22330	0.53642** 0.0393
NG	0.61870** 0.0139	30.72713	25.77700	36.11000	-0.13728 0.6256
NTA	-0.32359 0.2394	70.80000	63.00000	85.00000	1.00000

Para el caso de las correlaciones de las nueve cruza trilineales de maíz entre el rendimiento, sus variables componentes y el número total de alelos (Cuadro 15), estas oscilaron entre -0.408 y -0.238 con significancia de ($p < 0.01$). Este resultado confirma lo observado para cruza trilineales en el análisis de regresión, donde no hubo relación entre el rendimiento y el NTA.

Cuadro 15. Coeficientes de correlación. Análisis combinado de nueve cruza trilineales de maíz.

Variable	RG	Media	Mínimos	Máximos	NTA
RG	1.0000	8.15173	4.84700	10.24670	-0.48276 0.0108
LM	0.19843 0.3211	15.60841	14.06700	17.32000	-0.23827 -0.2314
DM	0.41230** 0.0326	4.85432	4.39330	5.40000	-0.408008 0.0346
NH	0.01243 0.9510	15.64579	13.33330	18.89000	-0.24632 0.2155
NG	-0.10667 0.5964	31.84778	28.11300	35.89000	-0.21555 0.2802
NTA	-0.48276 0.0108	73.44444	41.00000	92.00000	1.00000

Las correlaciones para las trece variedades de maíz entre el rendimiento, sus variables componentes y el número total de alelos (Cuadro 16) oscilaron entre 0.150 y 0.416 con significancia de ($p < 0.01$). Este resultado confirma lo observado en el análisis de regresión, donde hubo una relación lineal entre el rendimiento y el NTA del grupo de variedades.

Cuadro 16. Coeficientes de correlación. Análisis combinado de trece variedades de maíz.

Variable	RG	Media	Mínimos	Máximos	NTA
RG	1.00000	5.08568	1.51700	7.98000	0.29850** 0.0649
LM	0.77779**	13.64461	8.20000	17.40000	0.31409** 0.0515
DM	0.81900**	4.44513	3.42000	5.34670	0.41692** 0.0083
NH	0.66533**	13.59548	9.55670	18.00000	0.28610** 0.0774
NG	0.66604**	28.57874	18.00000	34.66700	0.15074 0.3597
NTA	0.29850** 0.0649	64.46154	45.00000	86.0000	1.00000

Entre algunos trabajos en maíz usando marcadores SSR con fines de predicción, se encuentra el de Xu *et al.* (2013), quienes analizaron 15 líneas de maíz elite con marcadores ssr con el objetivo de predecir rendimiento y heterosis en híbridos de maíz. Encontraron que los marcadores ssr mostraron un alto polimorfismo y pueden ser usados para valorar la relación entre líneas de maíz, pero fue difícil predecir el rendimiento en híbridos heteróticos de maíz. En esta investigación se encontró que para el caso de las líneas de maíz analizadas con marcadores ssr, estas tuvieron coeficientes de regresión y de correlación significativos para rendimiento y sus componentes con el número total de alelos.

Por su parte, Betran *et al.* (2003) realizaron entre otros análisis la correlación entre distancias genéticas con RFLPs y rendimiento en híbridos de maíz bajo estrés, y encontraron correlaciones positivas para definir grupos heteróticos y

predecir rendimiento en híbridos bajo estrés. En el presente trabajo se observó que el rendimiento tuvo una relación lineal con el NTA en líneas y variedades, pero no en híbridos, y que con los SSR utilizados se pudieron estimar correlaciones significativas entre los componentes del maíz y el número total de alelos bajo diferentes ambientes.

Xiao *et al.* (1996) encontraron que las medidas de distancia genética basadas en RAPDs y SSRs pueden ser útiles para predecir el potencial de rendimiento y heterosis en híbridos de maíz.

V.- CONCLUSIONES

En los materiales caracterizados se encontró una riqueza alélica y un número de alelos altos, pues el número total de alelos (NTA) a través de marcadores varió de 41 a 92 para todos los genotipos; para líneas varió de 48 a 90, para cruza simples de 63 a 85; para cruza trilineales de 41 a 92; y para variedades de 45 a 86.

Al analizar los promedios del análisis combinado de ambientes de los 41 genotipos, el análisis de regresión lineal del rendimiento sobre el número total de alelos (NTA) indicó que no hubo relación significativa entre el NTA y rendimiento. En cambio, sí la hubo cuando se analizaron por separado los materiales, siendo esta positiva solo para los grupos de líneas y de variedades. De los 36 *loci* SSR analizados, los análisis de regresión del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos de cada marcador identificaron hasta 12 marcadores con significancia. El análisis de correlación también mostró una relación positiva en los grupos de líneas y variedades para los 36 *loci*.

Para el caso en el que se analizaron los *loci* SSR para rendimiento y sus componentes en todos los ambientes, se obtuvo un promedio de seis *loci* con mayor frecuencia, entre los cuales *phi* 085 y *phi* 059 tuvieron una relación positiva en todos los análisis, tanto para rendimiento como para sus componentes. Por último las correlaciones para líneas y cruza simples con el número total de alelos fueron las más significativas.

Los marcadores moleculares son una herramienta que le podría permitir al mejorador reducir el tiempo de selección de los individuos y las características de interés para la liberación de variedades. Los marcadores moleculares se utilizan como un complemento en la selección fenotípica para ayudar a mejorar

los rasgos de mejoramiento de los cultivos. Por otro lado, en la literatura se encuentran muy pocos trabajos que relacionen al rendimiento y sus componentes con la riqueza alélica como auxiliar para predecir el rendimiento en maíz; lo cual hace ver la importancia de trabajar con proyectos de investigación de este tipo.

VI. - LITERATURA CITADA

Betran F.J., J.M. Riabaut., D. Beck, y D. González de Leon (2003) Genetic Diversity, Specific Combining Ability, and Heterosis in Tropical Maize under Stress and Nonstress Environments. Published in Crop Sci. 43:797–806.

Cai H., (2006). Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants, 329-2742 Volume 1.

Choucan R., A. Hossainzadeh, M. R. Gannadha, M. L. Warburton. A. R.Talei, S.A. Mohammadi (2006) Use of SSR data to determine relationship and potential heterotic groupings with medium to late maturing Iranian maize inbred lines. Elsevier 212-222.

División de Desarrollo Sostenible y Asentamientos Humanos CEPAL 2013, La productividad del maíz de temporal en México: repercusiones del cambio climático.

Doebley J. F. 1994. Morphology, molecules and maize. *In* Corn and Culture in the Prehistoric New World. S. Johannessen and C. A. Hastorf (eds.). Westview Press, Boulder, Colorado, USA. pp:101-112.

García Z. J., J. D. Molina G. y J. López R. (2002) La selección masal como método para obtener líneas de alta aptitud combinatoria específica en maíz. Rev. Fitotec. Mex. (3): 299 – 304.

Greenpeace (2012) La agricultura Mexicana y el cambio climático, pp.12.

- Greenpeace (2009) El origen y la diversidad del maíz en el continente americano.
- González C.M. E., R.N., Palacios.,A.B. Espinoza., S.C.A. Claudia. (2013) Diversidad genética en maíces nativos mexicanos tropicales. Rev. Fitotec. Mex.3-A: 329 - 338.
- González L., H. Alexander y A Jesús (2009) Caracterización molecular de líneas tropicales de maíz (*Zea mays L.*) y su relación con los patrones heteróticos. Bioagro 21(3): 165-172.
- Hallauer A R, Miranda Filho JB and Carena MJ (2010) Quantitative Genetics in Maize Breeding. Springer, New York, 663 p.
- Instituto Internacional de investigación sobre políticas alimentarias (2009), Cambio climático.
- Kriz A. L., Y B. A. Larkins (2009) Molecular Genetic Approaches to Maize Improvement. Vol. 63.
- Kato T. A., C. Mapes, L. M. Mera, J. A. Serratos, R. A. Bye. (2009) Origen y diversificación del maíz: una revisión analítica. Universidad Nacional Autónoma de México, Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- Lamkey K. R., A. R. Hallauer, A. L. Kahler. 1987. Allelic differences at enzyme loci and hybrid performance in maize. Journal of Heredity. 78(4):231-234.

- Lanza L., L. De Souza Jr., L.M. Ottoboni, M.L. Vieira and A.P. De Souza. 1997. Genetic distance of inbred lines and prediction of maize single-cross performance using RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.* 94:1023-1030.
- Liu K., M. Goodman., S. Muse., J. S. Smith., E. Buckler., J. Doebley (2003) Genetic Structure and Diversity Among Maize Inbred Lines as Inferred From DNA Microsatellites. *Department of Genetics, University of Wisconsin* 165: 2117–2128.
- Moll R.H., J.H. Lonquist., J.v. Fortuno and C.E. Johnson (1965) The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. *52:139-144.*
- Organization for Economic Co-Operation and Development (2015) *Agriculture and Climate Change.* www.oecd.org/agriculture
- Oppong B., C.A. Bedoya, M.B. Ewool., M.D. Asante, R.N. Thomson., H. Adu-Dapaah., J.NI. Lamptey., K. Ofori., S. K. Offei., M. L. Warburton (2014) Bulk genetic characterization of Ghanaian maize landraces using microsatellite markers. *Maydica electronic publication.*
- Olivera M.S.V., (2013) *La productividad del maíz de temporal en México: repercusiones del cambio climático.* División de desarrollo sostenible y asentamientos humanos de CEPAL.

Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura
(2013), Chapter 8.

Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura
(2016), World Food Situation.

Oyecunle M., B. Badu-Apraku, S. Herne, J. Franco (2015) Genetic diversity of tropical early-maturing maize inbreds and their performance in hybrid combinations under drought and optimum growing conditions. Elsevier 17:55-65.

Reif J.C.,A.E.Melchinger, X.C. Xiag, M.L. Warburton, D.A. Hoisington, S.K. Vasal, D. Beck, M. Bohn, M. Frisch (2003) Use of SSRs for stablishing heterotic groups in subtropical maize. Springer-Verlag 107:947–957.

Prassana B.M. 2012 Diversity in global maize germplasm: Characterization and utilization.

Phumichai C., W. Dounghang., P. Puddhanon, S. Jampatong., P. Grudloyma, C. Kirdsri, J. Chunwongse, T. Pulam (2008) SSR- based and grain yield-based diversity of hybrid maize in Thailand. Elsevier 157-162.

Schrag T.A., J. Mohöring., A. E. Melchinger., B. Kusterer.,B. S. Dhdillon.,H.P. Piepho and M. Frisch (2010) Prediction of hybrid performance in

maize using molecular markers and joint analyses of hybrids and parental inbreds. Springer 120:451–461.

Stuber C. W. 2001. Breeding multigenic traits. In DNA-Based Markers in Plants. Edited by Ronald L. Phillips and Indra K. Vasil. 2nd edition. Kluwer Academic Publishers. The Netherlands. 512 p.

Suteu D., I. Băcilă, V. Has, I. Has, M. Miclăus. 2013. Romanian maize (*Zea mays*) inbred lines as a source of genetic diversity in SE Europe, and their potential in future breeding efforts. PLOS ONE Vol. 8(12) e85501.

United states Department of Agriculture (2016) World Agriculture Supply and Demand Estimates. ISS: 1554-9089.

Vaz Patto M. C., P. M. Moreira, N. Almeida, Z. Satovic, S. Pego. 2008. Genetic diversity evolution through participatory maize breeding in Portugal. Euphytica 161:283–291.

Xiao J., J. Li, L. Yuan, S.R. McCouch, S.D. Tanksley (1996) Genetic diversity and its relationship to hybrid performance and heterosis in rice as revealed by PCR-based markers. Springer 92:637-643

Xu J., L. Liu., Y. Xu., C. Chen., T. Rong., F. Ali., S. Zhou., F. Wu., Y. Liu., J. Wang., M. Cao., and Y. Lu. (2013) Development and Characterization of Simple Sequence Repeat Markers Providing Genome-Wide Coverage and High Resolution in Maize. DNARESEARCH 20,497–509.

Xu S., L. Jie and L. Gong-she (2004). The use of SSRs for predicting the hybrid yield and yield heterosis in 15 key inbred lines of Chinese maize. Laboratory of Photosynthesis and Environmental Molecular Physiology Institute of Botany, the Chinese Academy of Sciences. 141: 207-215

Zhang Y.D., F. XingMing, Y. Wenhua, P. Hans-Peter and S.K. Manjit. Diellel Analysis of Four Maize Traits and a Modified Heterosis Hipothesis (2016) Crop Science, Vol. 56.

VII. ANEXOS

Cuadro A 1. Material, genealogía, promedio general de rendimiento y sus componentes y número total de alelos encontrados con 36 loci SSR en maíz sobresaliente para temporal en Valles Altos. Montecillo, México.

Número	Material	Genealogía	RG (ton/ha)	LM (cm)	DM (cm)	NH	NG	NTA
1	Línea	Zacatecas 58 S -15-1	2.8856	12.7778	3.6911	12.8156	25.37	60
2	Línea	Cafime S-18-1	6.5067	13.7956	5.0467	16.4444	27.149	79
3	Línea	Cafime S-17-1-1	0.8589	9.3867	3.5444	13.0367	18.741	48
4	Línea	Cafime S-5-1-1-1	5.5178	14.2422	4.6244	13.9278	28.111	90
5	Línea	Hit-7-13-2-1	6.0911	13.9244	4.5156	14.5922	26.999	66
6	Línea	Hit-7-14-1-2	4.1267	12.76	4.0156	14.2233	26.482	64
7	Línea	Hit-7-28-1-2	1.7633	11.2156	4.2956	15.6844	20.927	65
8	Línea	H40-3-3-2-	4.4367	12.5044	4.4978	13.9256	26.26	75
9	Línea	H40-23-3-2	4.9922	14.0044	4.7489	16.2956	26.556	74
10	Línea	H40-63-1-1	2.6411	12.5311	4.1667	13.6278	25	75
11	Línea	Zac.58 original 249-1-1	2.8511	10.6956	4.0267	13.4078	22.15	812
12	Línea	Zac.58 original 294-1-1	2.9	10.5378	4.1244	14.6667	24.037	67
13	Línea	Zac.58 SM 15S (1-60)-18-1(6)-1-1	1.5856	10.3556	3.6044	14.5189	20.297	55
14	Línea	Zac.58SM15S(1-60)-41-1(5)-2-1-2	2.9078	12.0489	4.1378	14.9978	25.819	70
15	Cruza simple	(T1XT3)	7.8722	16.2533	4.6778	15.3344	32.482	63
16	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2)	6.7622	15.1844	5.1533	16.0011	30.297	66
17	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3-2)	5.9133	15.7622	5.1644	17.5556	29.409	85
18	Cruza simple	Cafime original X T18	6.5356	16.1311	4.7867	14.2978	34.481	72
19	Cruza simple	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	4.88	13.1556	4.3778	12.74	26.962	68
20	Trilineal	(T1XT3)XT4	8.54	14.8133	4.7133	13.8511	30.37	82
21	Trilineal	(T3XT4)XT1	9.1256	16.1844	4.5578	14.2233	32.372	74
22	Trilineal	(T1XT3)XT18	6.3389	15.2444	4.7867	14.4444	30.926	92
23	Trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	8.3256	16.3578	4.7156	15.9256	33.15	49
24	Trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1	6.7922	15.3622	4.6822	18.4433	33.778	86
25	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-3-3-2-))XT18	8.4689	15.2156	4.9067	15.0356	29.148	73
26	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-23-3-2-))XT18	8.23	15.8844	4.8289	15.4078	30.889	92
27	Trilineal	Híbrido H66 de INIFAP	9.5811	15.5867	5.3067	17.0367	32.148	41
28	Trilineal	Híbrido H70 de INIFAP	7.9633	15.8267	5.1911	16.5922	33.851	72
29	Variedad	Cafime original	5.5967	15.7044	4.44	14.2967	29.816	56
30	Variedad	Cafime SM9 Sequía	5.8489	13.3467	4.7511	13.3344	24.852	86
31	Variedad	Cafime SM16 Sequía	7.5133	15.6289	4.8267	13.1844	30.002	53
32	Variedad	Zacatecas 58 Original	3.0056	11.2333	4.0533	13.26	25.221	45
33	Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	5.78	16.6667	4.4933	14.0756	32.483	76
34	Variedad	Zac.58SM18 Sequía	6.9178	15.7644	4.54	14.8144	33.481	72
35	Variedad	Zap. Chico original	2.2189	9.2067	3.8044	10.4444	18.927	67
36	Variedad	Zap. Chico C15	1.9611	9.5867	4.0489	9.7778	20.593	51
37	Variedad	Compuesto Toluca C1	5.9767	14.6778	4.8756	16.6678	32.889	68
38	Variedad	Compuesto Toluca C4	7.7222	14.4689	5.0267	15.2589	29.777	79
39	Variedad	Criollo S.J.T Blanco	4.9589	13.7556	4.3711	12.9622	30.927	62
40	Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	5.3967	13.1822	4.2422	14.3689	31.741	46
41	Variedad	Cónico compuesto	3.2367	14.1622	4.3133	14.2956	30.816	77

Cuadro A 2. Material, genealogía y número de alelos por cada uno de los 36 loci.

Núm.	MAT	GENEALOGÍA	umc1153	phi085	phi014	phi96100	phi453121	phi064	phi056	umc1109	phi063
1	Línea	Zacatecas 58 S -15-1	2	1	1	2	5	5	5	1	1
2	Línea	Cafime S-18-1	2	2	1	1	2	2	5	1	2
3	Línea	Cafime S-17-1-1	1	1	1	1	2	2	1	1	0
4	Línea	Cafime S-5-1-1-1	2	1	2	1	6	5	5	2	1
5	Línea	Hit-7-13-2-1	2	1	1	1	2	7	2	1	1
6	Línea	Hit-7-14-1-2	2	1	1	1	2	1	2	2	2
7	Línea	Hit-7-28-1-2	2	1	1	1	2	5	2	1	1
8	Línea	H40-3-3-2-	1	1	1	1	5	6	4	1	1
9	Línea	H40-23-3-2	1	2	1	1	5	2	2	1	2
10	Línea	H40-63-1-1	1	1	1	1	2	2	2	1	2
11	Línea	Zac.58 original 249-1-1	2	2	1	1	2	6	5	1	1
12	Línea	Zac.58 original 294-1-1	1	2	1	1	2	5	2	2	1
13	Línea	Zac.58 SM 15S (1-60)- 18-1(6)-1-1	1	0	1	1	4	2	0	1	1
14	Línea	Zac.58SM15S(1-60)-41- 1(5)-2-1-2	2	2	2	1	2	2	2	1	2
15	Cruza simple	(T1XT3)	2	2	1	1	2	4	2	1	1
16	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3- 2)	1	2	2	1	5	2	5	1	1
17	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3- 2)	1	2	2	1	2	7	4	1	2
18	Cruza simple	Cafime original X T18	2	1	2	1	1	6	2	1	2
19	Cruza simple	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	1	1	2	1	2	4	2	1	0
20	Trilineal	(T1XT3)XT4	2	1	1	1	2	4	2	1	2
21	Trilineal	(T3XT4)XT1	2	2	1	1	6	2	2	1	1
22	Trilineal	(T1XT3)XT18	2	1	1	1	4	7	5	1	1
23	Trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	2	2	2	1	2	2	1	1	0
24	Trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1	2	1	2	1	5	6	5	2	1
25	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-3-3- 2-))XT18	2	2	2	1	6	2	5	2	1
26	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-23- 3-2-))XT18	2	2	2	1	5	6	2	1	2
27	Trilineal	Híbrido H66 de INIFAP	2	2	1	1	0	2	2	0	1
28	Trilineal	Híbrido H70 de INIFAP	2	2	1	1	2	2	2	1	1
29	Variedad	Cafime original	2	1	1	1	2	2	2	1	0
30	Variedad	Cafime SM9 Sequía	1	2	2	1	2	6	4	1	2
31	Variedad	Cafime SM16 Sequía	2	1	2	1	2	2	2	1	0

32	Variedad	Zacatecas 58 Original	2	2	1	1	2	2	2	1	0
33	Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	2	2	1	1	4	5	4	2	1
34	Variedad	Zac.58SM18 Sequía	2	1	2	1	2	4	2	1	1
35	Variedad	Zap. Chico original	2	1	2	1	2	6	2	1	0
36	Variedad	Zap. Chico C15	1	1	2	1	2	2	1	1	1
37	Variedad	Compuesto Toluca C1	2	2	2	1	2	2	2	2	1
38	Variedad	Compuesto Toluca C4	1	1	2	1	2	6	2	1	1
39	Variedad	Criollo S.J.T Blanco	1	2	2	1	2	2	0	1	0
40	Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	2	1	2	1	2	3	0	1	0
41	Variedad	Cónico compuesto	2	1	2	1	5	6	5	1	2
NTA/Marcador			69	59	61	42	118	156	108	47	43
Promedio			2	2	2	1	3	4	3	1	1

Núm.	MAT	GENEALOGÍA	phi115	phi227562	phi448880	zaa391	phi331888	umc1277	phi062	phi065	t23796
1	Línea	Zacatecas 58 S -15-1	2	1	1	1	1	1	1	2	2
2	Línea	Cafime S-18-1	2	2	2	2	1	2	2	2	2
3	Línea	Cafime S-17-1-1	2	1	1	1	2	1	1	1	1
4	Línea	Cafime S-5-1-1-1	5	2	2	1	2	2	1	1	5
5	Línea	Hit-7-13-2-1	1	2	2	1	1	1	2	1	1
6	Línea	Hit-7-14-1-2	5	5	2	1	1	1	2	1	2
7	Línea	Hit-7-28-1-2	2	1	2	1	1	2	2	2	2
8	Línea	H40-3-3-2-	2	1	2	1	2	1	2	2	2
9	Línea	H40-23-3-2	5	2	2	1	2	1	2	2	2
10	Línea	H40-63-1-1	5	2	2	2	2	2	2	2	1
11	Línea	Zac.58 original 249-1-1	2	2	2	1	1	1	2	2	1
12	Línea	Zac.58 original 294-1-1	5	2	1	2	1	2	2	2	2
13	Línea	Zac.58 SM 15S (1-60)-18-1(6)-1-1	2	2	2	1	1	1	2	2	1
14	Línea	Zac.58SM15S(1-60)-41-1(5)-2-1-2	6	2	2	1	1	2	2	2	1
15	Cruza simple	(T1XT3)	2	3	2	1	2	1	2	2	2
16	Cruza simple	((Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2))	2	1	1	2	1	1	1	2	2
17	Cruza simple	((Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3-2))	5	2	2	2	2	2	2	1	2
18	Cruza simple	Cafime original X T18	2	2	2	1	1	2	2	2	2
19	Cruza simple	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	6	1	2	2	2	1	2	2	2
20	Trilineal	(T1XT3)XT4	5	2	4	2	1	1	2	2	2
21	Trilineal	(T3XT4)XT1	5	4	4	1	1	2	2	2	2
22	Trilineal	(T1XT3)XT18	2	4	2	2	2	2	2	2	2
23	Trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	1	1	2	1	1	1	2	1	1
24	Trilineal	((T1XT3)XH40-10-1-1((Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2)))XT18	2	2	2	1	2	2	2	1	2
25	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2))XT18	2	2	1	2	2	1	2	2	1
26	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3-2))	5	2	2	2	1	2	2	2	2

))XT18											
27	Trilineal	Híbrido H66 de INIFAP	2	2	0	2	1	0	2	1	1
28	Trilineal	Híbrido H70 de INIFAP	6	4	2	2	2	1	2	2	2
29	Variedad	Cafime original	1	2	2	1	1	1	1	1	1
30	Variedad	Cafime SM9 Sequía	6	5	2	1	1	2	2	2	2
31	Variedad	Cafime SM16 Sequía	1	1	1	2	2	1	1	0	1
32	Variedad	Zacatecas 58 Original	2	1	1	1	1	1	2	2	1
33	Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	5	4	2	1	2	1	2	1	2
34	Variedad	Zac.58SM18 Sequía	5	2	4	1	1	1	1	2	2
35	Variedad	Zap. Chico original	5	3	1	2	1	1	2	2	2
36	Variedad	Zap. Chico C15	2	1	2	1	1	1	2	1	1
37	Variedad	Compuesto Toluca C1	5	2	2	2	1	1	2	2	1
38	Variedad	Compuesto Toluca C4	2	2	2	1	1	2	2	2	2
39	Variedad	Criollo S.J.T Blanco	4	1	2	1	1	1	1	2	2
40	Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	1	1	1	1	1	1	1	1	1
41	Variedad	Cónico compuesto	5	0	0	1	2	2	1	2	2
NTA/Mar			43	137	84	75	56	56	55	72	68
Promedic			4	2	2	1	1	1	2	2	2

Núm.	MAT	GENEALOGÍA	nc133	phi072	phi089	phi116	phi121	phi328175	phi308707	hi108411	phi1545
1	Línea	Zacatecas 58 S -15-1	2	1	0	2	1	1	2	1	1
2	Línea	Cafime S-18-1	0	4	0	4	2	4	2	1	2
3	Línea	Cafime S-17-1-1	2	2	1	2	1	0	1	1	1
4	Línea	Cafime S-5-1-1-1	0	2	0	2	2	3	4	1	1
5	Línea	Hit-7-13-2-1	2	2	0	2	2	3	2	1	2
6	Línea	Hit-7-14-1-2	0	2	0	2	2	3	2	1	2
7	Línea	Hit-7-28-1-2	1	5	0	2	2	3	2	1	2
8	Línea	H40-3-3-2-	0	2	0	2	2	4	5	1	2
9	Línea	H40-23-3-2	1	2	0	7	2	0	0	2	4
10	Línea	H40-63-1-1	0	4	1	2	2	5	5	1	2
11	Línea	Zac.58 original 249-1-1	0	2	0	4	3	3	2	1	4
12	Línea	Zac.58 original 294-1-1	0	2	0	1	1	4	2	1	1
13	Línea	Zac.58 SM 15S (1-60)-18-1(6)-1-1	2	1	0	2	1	2	2	1	2
14	Línea	Zac.58SM15S(1-60)-41-1(5)-2-1-2	0	2	0	4	2	3	2	1	1
15	Cruza simple	(T1XT3)	0	2	0	2	2	3	0	1	2
16	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2)	0	1	0	6	1	4	1	1	1
17	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3-2)	0	2	1	2	2	2	2	1	4
18	Cruza simple	Cafime original X T18	0	2	1	7	2	3	5	1	1
19	Cruza simple	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	0	2	0	2	1	4	4	1	2
20	Trilineal	(T1XT3)XT4	0	2	0	2	2	4	5	2	2
21	Trilineal	(T3XT4)XT1	2	2	0	2	3	1	2	2	0
22	Trilineal	(T1XT3)XT18	0	5	0	6	2	4	2	1	2
23	Trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	2	2	0	2	1	1	2	1	1
24	Trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1	0	5	1	7	2	3	4	1	2

25	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-3-3-2-))XT18	2	2	0	5	2	0	5	1	2
26	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-23-3-2-))XT18	0	5	0	4	2	1	4	2	2
27	Trilineal	Híbrido H66 de INIFAP	2	2	1	2	1	0	0	0	1
28	Trilineal	Híbrido H70 de INIFAP	0	2	1	2	2	5	2	2	1
29	Variedad	Cafime original	2	1	1	2	1	4	2	1	2
30	Variedad	Cafime SM9 Sequía	0	2	0	2	2	5	5	1	1
31	Variedad	Cafime SM16 Sequía	2	1	0	2	1	1	2	1	2
32	Variedad	Zacatecas 58 Original	0	2	1	2	1	0	0	1	1
33	Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	0	2	1	5	1	0	2	1	1
34	Variedad	Zac.58SM18 Sequía	2	2	1	2	1	5	2	1	2
35	Variedad	Zap. Chico original	0	2	0	2	1	1	6	2	2
36	Variedad	Zap. Chico C15	2	2	1	2	1	2	1	1	1
37	Variedad	Compuesto Toluca C1	2	2	2	2	1	3	2	1	2
38	Variedad	Compuesto Toluca C4	2	2	1	2	2	3	6	1	1
39	Variedad	Criollo S.J.T Blanco	1	5	0	2	1	5	2	1	2
40	Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	2	1	1	5	2	0	1	1	1
41	Variedad	Cónico compuesto	0	2	0	2	3	3	5	1	1
NTA/Marc:			70	33	95	16	121	68	105	107	46
Promedio			1	3	0	3	2	2	3	1	2

Núm.	MAT	GENEALOGÍA	phi076	phi059	phi101049	phi1304	umc1399	phi109188	phi034	phi079	phi374118	NTA/Mat.
1	Línea	Zacatecas 58 S -15-	1	1	2	2	2	1	1	3	1	60
2	Línea	Cafime S-18-1	2	2	5	2	2	2	5	3	2	79
3	Línea	Cafime S-17-1-1	1	1	2	2	2	1	2	3	2	48
4	Línea	Cafime S-5-1-1-1	5	2	6	2	2	6	2	2	2	90
5	Línea	Hit-7-13-2-1	1	2	2	2	5	2	2	3	1	66
6	Línea	Hit-7-14-1-2	4	1	0	2	2	1	2	3	1	64
7	Línea	Hit-7-28-1-2	2	2	2	2	1	2	2	2	1	65
8	Línea	H40-3-3-2-	2	1	6	2	2	2	2	3	1	75
9	Línea	H40-23-3-2	2	2	5	2	2	2	2	2	1	74
10	Línea	H40-63-1-1	2	2	5	2	2	2	1	2	2	75
11	Línea	Zac.58 original 249-1	4	2	5	2	2	6	2	2	2	81
12	Línea	Zac.58 original 294-1	2	2	1	2	2	5	1	2	2	67
13	Línea	Zac.58 SM 15S (1-6(18-1(6)-1-1	2	1	2	2	2	2	2	3	1	55
14	Línea	Zac.58SM15S(1-60)-1(5)-2-1-2	2	2	2	2	2	5	2	2	1	70
15	Cruza simple	(T1XT3)	1	2	2	2	2	4	2	2	1	63
16	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-2)	2	2	5	2	2	1	2	1	1	66
17	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-2)	2	4	7	2	4	2	2	2	2	85
18	Cruza simple	Cafime original X T1	2	1	2	2	2	1	2	2	2	72
19	Cruza simple	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	2	2	2	2	2	2	2	2	2	68
20	Trilineal	(T1XT3)XT4	2	2	5	2	2	5	4	2	2	82
21	Trilineal	(T3XT4)XT1	2	2	4	2	2	2	2	2	1	74
22	Trilineal	(T1XT3)XT18	2	2	6	2	4	5	2	2	2	92

23	Trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	1	1	1	2	2	1	2	2	1	49
24	Trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1 ((Hit 7-28-1-2)X (H4C 3-2-))XT18	1	1	4	2	5	1	1	3	2	86
25	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H4C 3-2-))XT18	2	2	2	2	2	2	2	1	1	73
26	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H4C 3-2-))XT18	4	2	6	2	2	7	2	2	2	92
27	Trilineal	Híbrido H66 de INIFAP	1	1	1	2	0	1	2	1	1	41
28	Trilineal	Híbrido H70 de INIFAP	1	2	2	2	2	2	2	3	2	72
29	Variedad	Cafime original	2	1	2	2	2	2	2	3	1	56
30	Variedad	Cafime SM9 Sequía	2	2	6	2	2	2	5	2	1	86
31	Variedad	Cafime SM16 Sequía	2	2	2	2	2	2	2	2	2	53
32	Variedad	Zacatecas 58 Original	1	1	1	2	2	1	2	1	1	45
33	Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	2	2	5	2	2	2	2	2	2	76
34	Variedad	Zac.58SM18 Sequía	2	2	2	2	2	5	2	1	1	72
35	Variedad	Zap. Chico original	2	1	2	2	2	1	2	2	1	67
36	Variedad	Zap. Chico C15	1	1	1	2	2	1	2	3	1	51
37	Variedad	Compuesto Toluca C	2	2	2	2	2	1	2	2	2	68
38	Variedad	Compuesto Toluca C	2	2	6	2	2	6	2	2	2	79
39	Variedad	Criollo S.J.T Blanco	4	2	1	2	2	2	2	1	1	62
40	Variedad	Criollo S.J.T Amanal	1	1	1	2	1	1	2	1	1	46
41	Variedad	Cónico compuesto	2	2	5	2	2	2	2	2	1	77
NTA/Mar			69	82	70	130	82	88	103	86	86	59
Promedio			2	2	4	2	2	3	2	2	2	

Cuadro A 3. Número total de alelos de 36 loci por material, promedio de alelos por materiales y rangos de alelos por materiales.

Núm.	MAT	GENEALOGÍA	NTA	Núm.	MAT	GENEALOGÍA	NTA
1	Línea	Zacatecas 58 S -15-1	60	20	Trilineal	(T1XT3)XT4	82
2	Línea	Cafime S-18-1	79	21	Trilineal	(T3XT4)XT1	74
3	Línea	Cafime S-17-1-1	48	22	Trilineal	(T1XT3)XT18	92
4	Línea	Cafime S-5-1-1-1	90	23	Trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	49
5	Línea	Hit-7-13-2-1	66	24	Trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1 ((Hit 7-28-1-2)X (H40-3-3-2-))XT18	86
6	Línea	Hit-7-14-1-2	64	25	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-23-3-2-))XT18	73
7	Línea	Hit-7-28-1-2	65	26	Trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-23-3-2-))XT18	92
8	Línea	H40-3-3-2-	75	27	Trilineal	Híbrido H66 de INIFAP	41
9	Línea	H40-23-3-2	74	28	Trilineal	Híbrido H70 de INIFAP	72
10	Línea	H40-63-1-1	75	Promedio			73
11	Línea	Zac.58 original 249-1-1	81	Rango			41-92
12	Línea	Zac.58 original 294-1-1	67	29	Variedad	Cafime original	56
13	Línea	Zac.58 SM 15S (1-60)-18-1(6)- 1-1	55	30	Variedad	Cafime SM9 Sequía	86
14	Línea	Zac.58SM15S(1-60)-41-1(5)-2- 1-2	70	31	Variedad	Cafime SM16 Sequía	53
Promedio			69	32	Variedad	Zacatecas 58 Original	45
Rango			48-49	33	Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	76
15	Cruza simple	(T1XT3)	63	34	Variedad	Zac.58SM18 Sequía	72
16	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2)	66	35	Variedad	Zap. Chico original	67
17	Cruza simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3-2)	85	36	Variedad	Zap. Chico C15	51

18	Cruza simple	Cafime original X T18	72	37	Variedad	Compuesto Toluca C1	68
19	Cruza simple	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	68	38	Variedad	Compuesto Toluca C4	79
	Promedio		70	39	Variedad	Criollo S.J.T Blanco	62
	Rango		63-85	40	Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	46
				41	Variedad	Cónico compuesto	6
				Promedio			6
				Rango			45-86

Cuadro A 4. Cuadrados medios y nivel de significancia del análisis de varianza combinado del rendimiento y sus componentes.

FV	GL	RG (t/ha)	LM (cm)	DM (cm)	NH	NG
Ambientes	2	12.3**	43.5**	0.6**	8.7ns	197.5**
Genotipos	40	48.9**	41**	1.7**	25.4**	172.7ns
Líneas	13	362.7**	230.5**	8.5**	75.5**	1015**
CS	4	224.8**	105.5**	4.9**	112.3	267.8**
CT	8	449.5**	184.5**	8**	204.4**	511.5**
Variedades	3	362.8**	8.5**	75.5**	1015.8**	65653**
Gen*Amb	80	1.6ns	1.8**	0.1ns	1.1ns	6.4ns
Error	240	1.04**	1.9	0.07	1.2	7.4

Niveles de significancia a *($P < 0.01$), REND= Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca, NH=Numero de hileras, NG=Número de granos, CS=Cruzas Simples, CT=Cruzas Trilineales, Gen=Genotipo, Amb=Ambiente.

Cuadro A 5. Cuadrados medios y nivel de significancia del análisis de varianza combinado del rendimiento y sus componentes de 41 genotipos de maíz bajo riego.

FV	GL	RG (t/ha)	LM (cm)	DM (cm)	NH	NG
Ambientes	2	12.3**	43.6**	0.7**	8.7ns	197.5**
Genotipos	40	362.7**	230.5**	8.5**	75.4**	1015**
Líneas	13	247.8**	150.2**	5.6**	52.6**	626.8**
CS	4	224.8**	105.4**	4.9**	112.4**	267.7**
CT	8	449.5**	184.5**	8.01**	204.4**	511.5**
Variedades	3	362.7**	230.5**	8.5**	75.5**	1015.8**
Gen*Amb	80	1.2ns	1.02ns	0.08ns	0.7ns	6.8ns
Error	240	3.6	4.4	0.2	3.3	17.4

Niveles de significancia a *($P < 0.01$), REND= Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca, NH=Numero de hileras, NG=Número de granos, CS=Cruzas Simples, CT=Cruzas Trilineales, Gen=Genotipo, Amb=Ambiente.

Cuadro A 6. Cuadrados medios y nivel de significancia del análisis de varianza combinado del rendimiento y sus componentes de 41 genotipos de maíz bajo condiciones de temporal.

FV	GL	RG (t/ha)	LM (cm)	DM (cm)	NH	NG
Ambientes	2	20.5ns	11.7**	0.02ns	0.7ns	7.2**
Genotipos	40	247**	150**	05.5**	52.6**	626**
Líneas	13	229.2**	150.9**	5.8**	43.9**	633.5**
CS	4	138.6**	77.6**	3.4**	64.7**	164.6**
CT	8	276**	126.7**	5.9**	113.7**	324.8**
Variedades	3	229.2**	150.9**	5.8**	43.1**	633.5**
Gen*Amb	80	2ns	1.8ns	0.05ns	1.2ns	9.8ns
Error	240	3.3	4.5	0.01	3.3	18.2

Niveles de significancia a *($P < 0.01$), REND= Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca, NH=Numero de hileras, NG=Número de granos, CS=Cruzas Simples, CT=Cruzas Trilineales, Gen=Genotipo, Amb=Ambiente.

Cuadro A 7. Cuadrados medios y nivel de significancia del análisis de varianza combinado del rendimiento y sus componentes de 41 genotipos de maíz bajo condiciones de sequía.

FV	GL	RG (t/ha)	LM (cm)	DM (cm)	NH	NG
Ambientes	2	12.3**	43.5**	0.7**	8.7ns	197.5**
Genotipos	40	362**	230.5**	8.5**	75.4**	1015**
Líneas	13	362.7**	230**	8.5**	75.4**	1015**
CS	4	224.8**	105.4**	4.9**	112.3**	267.8**
CT	8	449.5**	184.5**	8.01**	204.4**	511.1**
Variedades	3	362.7**	230**	8.5**	75.4**	1015**
Gen*Amb	80	1.2ns	1ns	0.08ns	0.7ns	6.8ns
Error	240	3.6	4.4	0.2	3.3	17.4

Niveles de significancia a *($P < 0.05$), REND= Rendimiento, LM= Longitud de mazorca, DM=Diámetro de mazorca, NH=Numero de hileras, NG=Número de granos, CS=Cruzas Simples, CT=Cruzas Trilineales, Gen=Genotipo, Amb=Ambiente.

Cuadro A 8. Materiales y tamaños de los alelos.

Genotipo	Genealogía	umc1153	phi085	phi96100	phi014	phi089	
Linea	Zacatecas 58 S -15-1	104	104	250 250	272 272	418 418	85 85
Linea	Cafime S-18-1	106	107	250 259	271 271	418 418	85 90
Linea	Cafime S-17-1-1	104	104	260 260	269 269	418 418	84 84
Linea	Cafime S-5-1-1-1	104	104	260 260	274 274	415 415	85 90
Linea	Hit-7-13-2-1	104	104		270 270	416 416	84 84
Linea	Hit-7-14-1-2	104	104	260 258	271 271	415 415	85 90
Linea	Hit-7-28-1-2	105	105	262 262	274 271	416 416	85 85
Linea	H40-3-3-2-	98	106	259 259	271 269	415 415	85 85
Linea	H40-23-3-2	99	99	258 260	269 269	416 416	85 84
Linea	H40-63-1-1	106	106	258 260	270 270	416 416	85 84
Linea	Zac.58 original 249-1-1	107	107	250 259	268 268	415 415	85 84
Linea	Zac.58 original 294-1-1	107	107	259 259	271 271	418 418	85 85
Linea	Zac.58 SM 15S (1-60)-18-1(6)-1-1	107	107	249 258	268 268	418 418	85 85
Linea	Zac.58SM15S(1-60)-41-1(5)-2-1-2	105	109	258 258	271 271	418 418	85 84
Cruza Simple	(T1XT3)	104	108	249 259	269 269	418 418	84 84
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2)	107	107	250 259	268 268	416 418	85 84
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3-2)	107	107	250 258	271 271	415 418	90 90
Hibrido trilineal	Cafime original X T18	104	104	258 258	271 271	415 415	85 90
Hibrido trilineal	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	106	106	250 259	268 268	415 415	85 85
Hibrido trilineal	(T1XT3)XT4	107	107	259 259	271 271	415 418	85 85
Hibrido trilineal	(T3XT4)XT1	104	108	259 259	269 269	419 419	85 85
Hibrido Trilineal	(T1XT3)XT18	107	107	249 258	268 269	418 418	85 84
Hibrido trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	103	107	258 258	270 270	418 418	85 84
Hibrido trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1	103	107	250 258	271 271	416 416	85 84
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-3-3-2-))XT18	104	107	258 263		418 418	85 84
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-23-3-2-))XT18	103	106	250 258	268 268	416 418	85 84
Cruza Simple							
Intervarietal	Híbrido H66 de INIFAP	98	98	250 250	269 269	415 415	84 84
Mestizo Cruza Simple	Híbrido H70 de INIFAP	103	107	259 259	271 271	418 418	85 84
Variedad	Cafime original	104	104	250 250	269 271	416 416	84 84
Variedad	Cafime SM9 Sequía	98	98	250 250	271 271		85 85
Variedad	Cafime SM16 Sequía	107	107	235 250	269 269	415 415	85 84
Variedad	Zacatecas 58 Original	110	110	250 250	268 268	415 415	84 84
Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	110	110	235 250	269 269	416 416	84 84
Variedad	Zac.58SM18 Sequía	110	110	235 250	270 270	415 416	85 90
Variedad	Zap. Chico original	108	108	259 259 ..		418 418	90 90
Variedad	Zap. Chico C15	107	107	235 259	271 271	418 418	85 85
Variedad	Compuesto Toluca C1	104	104	250 259	271 271	415 418	85 85
Variedad	Compuesto Toluca C4	104	107	250 258	269 269	418 418	84 84
Variedad	Criollo S.J.T Blanco	107	110	235 258	268 268	416 419	84 84
Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	102	107	259 259	271 271	416 418	85 84
Variedad	Cónico compuesto	104	110	258 258	271 271	417 419	85 84

Genotipo	Genealogia		phi064		phi453121		phi056		phi121		phi328175		phi308707		phi374118	
Linea	Zacatecas 58 S -15-1	164	78	97	208	214	246	252	94	100			131	131	230	230
Linea	Cafime S-18-1	162	84	87	206	220	243	246	94	100	118	123	122	127	235	235
Linea	Cafime S-17-1-1	162	84	89	214	220			96	96	119	119	121	131	233	233
Linea	Cafime S-5-1-1-1	162	91	97	208	225	246	252	94	99	118	122	116	131	230	230
Linea	Hit-7-13-2-1	162	78	84	210	225	237	252	94	99	122	122	116	128	232	232
Linea	Hit-7-14-1-2	162	74	80	214	224	249	250	95	100	118	123	116	122	232	232
Linea	Hit-7-28-1-2	162	72	78	214	225	247	247	95	95			131	131	231	231
Linea	H40-3-3-2-	162	78	104	200	214	243	249	94	99	118	122	122	131	232	232
Linea	H40-23-3-2	162	78	93	214	220	246	252	94	99	119	123	116	122	230	230
Linea	H40-63-1-1	162	80	104	214	220	243	246	94	100	119	122	116	130	230	235
Linea	Zac.58 original 249-1-1	166	78	97	208	214	247	252	94	100	123	123			230	230
Linea	Zac.58 original 294-1-1	168	88	88	214	220	237	246	94	99	119	122	116	131	230	235
Linea	Zac.58 SM 155 (1-60)-18-1(6)-1-1	162	84	93	208	214	249	252	92	94	119	123	122	130	230	230
Linea	Zac.58SM155(1-60)-41-1(5)-2-1-2	168	80	84	214	225	249	250	95	95	122	122	116	122	230	230
Cruza Simple	(T1XT3)	164	84	97	208	225	238	252	94	99	118	123			234	234
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2)	162	90	97	208	214	249	252	94	94	122	122			230	230
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3-2)	162	78	80	214	220	243	249	94	100	122	122	116	130	230	235
Hibrido trilineal	Cafime original X T18	168	80	104	206	220	237	252	94	100	122	125	128	131	231	231
Hibrido trilineal	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	162	74	80	210	225	249	249	94	94			116	122	230	235
Hibrido trilineal	(T1XT3)XT4	166	78	97	214	214	246	252	94	99	122	122	116	130	230	235
Hibrido trilineal	(T3XT4)XT1	162	74	80	208	214	246	249	94	100	122	125	116	122	233	233
Hibrido Trilineal	(T1XT3)XT18	164	78	84	208	210	238	252	92	100	118	123	121	131	230	235
Hibrido trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	163	80	87	208	214	246	252	94	100	122	125	118	128	230	235
Hibrido trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1	162	78	84	214	220	246	249	94	99	118	122	116	122	235	230
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-3-3-2))XT18	168	90	97			238	252	94	94					233	233
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-23-3-2))XT18	162	74	80	214	220	249	252	92	100			116	122	230	235
Cruza Simple Intervarietal	Híbrido H66 de INIFAP	162	80	89	208	220	243	249	94	94	122	122	128	131	230	235
Mestizo Cruza Simple	Híbrido H70 de INIFAP	162	78	84	214	225	246	249	94	99	119	123	116	131	230	230
Variedad	Cafime original	162	81	87	209	224	246	249	95	95	119	123	131	131	230	230
Variedad	Cafime SM9 Sequía	162	80	104	205	220	249	249	94	94	122	122	122	131	230	235
Variedad	Cafime SM16 Sequía	166	80	93	214	224	246	249	94	100	122	125	116	131	233	233
Variedad	Zacatecas 58 Original	160	78	88	200	214	243	252	94	99	120	125	122	130	233	233
Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	162	90	97	208	220	243	246	94	94	122	122	125	128	234	234
Variedad	Zac.58SM18 Sequía	162	78	104	214	220	237	243	95	95	118	122	121	131	235	235
Variedad	Zap. Chico original	162	97	104	213	225	246	249	94	99	122	123	116	125		
Variedad	Zap. Chico C15	157	74	80	208	214	237	252	95	95					230	230
Variedad	Compuesto Toluca C1	162	80	97	208	220			94	94	122	122			230	230
Variedad	Compuesto Toluca C4	162	78	80	208	214	249	252	94	94	124	124	116	125	235	235
Variedad	Criollo S.J.T Blanco	162	80	82	200	214			94	99			116	116	230	235
Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	162	80	84	206	220	246	249	94	94	118	122	121	130	230	235
Variedad	Cónico compuesto	164	78	89	208	220	243	249	94	94	118	125	119	128	230	235

Genotipo	Genealogia	phi115		umc1109		phi063		umc1545		phi108411		phi076	
Linea	Zacatecas 58 S -15-1	92	100	96	104	160	172	78	83	119	119	166	166
Linea	Cafime S-18-1	92	100	96	104	160	172	79	82	119	119	161	161
Linea	Cafime S-17-1-1	84	91	96	106	164	172	76	79	119	119	161	166
Linea	Cafime S-5-1-1-1	91	103	96	106	164	172	68	79	119	119	166	171
Linea	Hit-7-13-2-1	87	100	96	104	164	172	67	79	119	119	166	171
Linea	Hit-7-14-1-2	91	103	96	106	164	172	79	79	119	119	166	169
Linea	Hit-7-28-1-2	84	91	96	106	164	164	80	80	114	114	166	166
Linea	H40-3-3-2-	96	103	96	106	163	163	76	79	119	119	166	171
Linea	H40-23-3-2	96	103	96	106	161	172	79	79	119	119	166	171
Linea	H40-63-1-1	87	100	96	104	172	176	68	79	119	119	166	171
Linea	Zac.58 original 249-1-1	91	103	99	106	163	172	80	83	114	119	161	166
Linea	Zac.58 original 294-1-1	91	103	96	106	163	172	75	79	119	119	166	171
Linea	Zac.58 SM 155 (1-60)-18-1(6)-1-1	92	100	96	104	163	172	76	79	119	119	166	171
Linea	Zac.58SM155(1-60)-41-1(5)-2-1-2	91	103	96	106	163	172	79	79	119	119	166	169
Cruza Simple	(T1XT3)	92	100	96	104	163	172	79	83	119	119	161	161
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2)	96	103	99	106	157	164	76	80	119	119	161	166
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3-2)	91	103	96	106	163	176	77	79	119	119	161	166
Hibrido trilineal	Cafime original X T18	91	103	96	106	160	172	77	83	115	119	166	166
Hibrido trilineal	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	91	91	99	106	165	172	78	78	119	119	171	171
Hibrido trilineal	(T1XT3)XT4	91	103	96	106	160	172	79	82	119	119	171	171
Hibrido trilineal	(T3XT4)XT1	91	103	96	106	163	170	75	79	117	119	166	171
Hibrido Trilineal	(T1XT3)XT18	91	103	96	106	160	172			115	119	161	166
Hibrido trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	91	103	96	106	160	172	76	79	119	119	166	171
Hibrido trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1	91	103	96	106	164	172	76	79	114	119	161	171
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-3-3-2-))XT18	85	91			159	170	68	68				
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-23-3-2-))XT18	87	100	104	112	172	172	69	76	119	119	166	171
Cruza Simple Intervarietal	Hibrido H66 de INIFAP	91	103	96	106	165	165	68	80	119	119	166	171
Mestizo Cruza Simple	Hibrido H70 de INIFAP	96	103	96	106	163	172	79	79	119	119	166	171
Variedad	Cafime original	85	91	96	106	164	164	76	79	119	119	161	166
Variedad	Cafime SM9 Sequía	92	100	96	104	157	165	80	80	115	115	166	166
Variedad	Cafime SM16 Sequía	91	103	96	106	164	172	79	79	119	119	166	171
Variedad	Zacatecas 58 Original	91	103	96	106	163	172	79	79	119	119	161	171
Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	100	100	96	104	165	172	76	80	119	119	161	166
Variedad	Zac.58SM18 Sequía	91	103	96	106	162	172	79	82	119	119	161	166
Variedad	Zap. Chico original	91	103	96	106	160	172	78	78	119	119	166	171
Variedad	Zap. Chico C15	85	91	96	106	164	172	77	83	119	119	161	161
Variedad	Compuesto Toluca C1	91	103	96	106	163	172	77	80	119	119	166	171
Variedad	Compuesto Toluca C4	91	103	96	106	164	168	67	79	119	119	161	171
Variedad	Criollo S.J.T Blanco	91	91	96	106	164	164	79	79	119	119	166	166
Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	91	103	96	106	160	172	67	77	119	119	160	171
Variedad	Cónico compuesto	91	103	96	106	164	164	76	80	116	119	161	171

Genotipo	Genealogia	zcaa391		phi331888		phi448880		phi227562		umc1304		phi059	
Linea	Zacatecas 58 S -15-1	90	90	130	130					121	121	145	154
Linea	Cafime S-18-1	79	79	125	125	173	173			122	122	143	154
Linea	Cafime S-17-1-1	78	78	125	125	184	187	312	312	122	122	143	154
Linea	Cafime S-5-1-1-1	90	90	124	124	172	184	309	309	122	122	144	153
Linea	Hit-7-13-2-1	79	79	124	124	173	184			122	122	144	154
Linea	Hit-7-14-1-2	78	79	126	126	184	186	314	314	123	123	154	158
Linea	Hit-7-28-1-2	79	79	130	130	187	187			121	121	158	158
Linea	H40-3-3-2-	79	79	129	129	172	184	308	308	121	123	144	154
Linea	H40-23-3-2	79	79	131	131	172	187	309	309	121	121	154	158
Linea	H40-63-1-1	80	80	129	129	172	184	309	309	122	122	144	154
Linea	Zac.58 original 249-1-1	80	80	129	129	184	187			121	121	154	158
Linea	Zac.58 original 294-1-1	80	80	129	129	184	187	309	314	123	123	144	154
Linea	Zac.58 SM 155 (1-60)-18-1(6)-1-1	100	100	130	130	172	184	309	312	122	122	144	154
Linea	Zac.58SM155(1-60)-41-1(5)-2-1-2	78	78	129	129	184	186	306	314	123	123	144	154
Cruza Simple	(T1XT3)	80	80	128	128	172	187	312	312	122	122	144	154
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-3-3-2)	79	79	129	129	184	184	312	312	123	123	144	154
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)X(H40-23-3-2)	80	80	129	129	184	187	321	321	123	123	150	154
Hibrido trilineal	Cafime original X T18	80	80	126	126	172	187	306	306	121	121	144	158
Hibrido trilineal	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	78	78	128	128	184	187	309	309	123	123	154	154
Hibrido trilineal	(T1XT3)XT4	80	80	129	129	185	184	314	314	123	123	154	154
Hibrido trilineal	(T3XT4)XT1	79	92	132	132	172	184	302	312	121	121	150	154
Hibrido Trilineal	(T1XT3)XT18	80	80	130	130	184	187	312	312	121	121	154	158
Hibrido trilineal	(T1XT3)XH17-13-2-1	78	80	130	130	172	184	306	314	122	122	144	154
Hibrido trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1	80	80	130	130	184	187	309	314	123	123	144	154
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-3-3-2-))XT18							309	309	121	121	144	144
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)X (H40-23-3-2-))XT18	79	79	130	130	187	187	309	314	122	122	154	158
Cruza Simple Intervarietal	Hibrido H66 de INIFAP	80	80	130	130	175	187	302	308	122	122	143	154
Mestizo Cruza Simple	Hibrido H70 de INIFAP	79	79	130	130	178	187	309	309	127	127	154	154
Variedad	Cafime original	78	78							122	122	144	154
Variedad	Cafime SM9 Sequia	79	79	126	126	175	186	322	322	122	122	149	149
Variedad	Cafime SM16 Sequia	79	79	130	130	184	187			122	122	144	154
Variedad	Zacatecas 58 Original	79	80	130	130					121	121	154	158
Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	79	79	130	130	184	184	302	302	122	122	143	154
Variedad	Zac.58SM18 Sequia	79	79	130	130	184	186	312	312	121	121	144	154
Variedad	Zap. Chico original					184	187	314	314	122	122	148	158
Variedad	Zap. Chico C15	78	78	130	130	184	184	309	309	127	127	143	154
Variedad	Compuesto Toluca C1	78	78	130	130	184	187	302	309	125	125	144	154
Variedad	Compuesto Toluca C4	78	80	130	130	184	187	314	231	124	124	144	154
Variedad	Criollo S.J.T Blanco	76	77	130	130	187	187	324	324	123	123	144	158
Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	79	79	130	130	178	184	309	313	122	122	144	154
Variedad	Cónico compuesto	79	80	130	130	184	187	314	319	123	123	144	154

Genotipo	Genealogia	phi101049		phi062		umc1277		phi109188		phi079		umc1399	
Linea	Zacatecas 58 S -15-1	259	259	155	155	131	131	147	147	193	196	103	110
Linea	Cafime S-18-1	239	245	159	159	130	130	148	156	194	194	107	119
Linea	Cafime S-17-1-1	235	259	159	161	131	131	153	164	192	192	104	110
Linea	Cafime S-5-1-1-1	245	258	159	159	131	131	163	168	193	193	104	110
Linea	Hit-7-13-2-1					135	135			194	194	103	110
Linea	Hit-7-14-1-2	230	234	159	159	130	138	160	164	194	194	104	110
Linea	Hit-7-28-1-2	231	243	158	160	136	136	152	164	195	195	104	110
Linea	H40-3-3-2-	243	250	159	159	131	135	147	160	193	194	110	110
Linea	H40-23-3-2	230	234	159	159	131	136	147	164			103	110
Linea	H40-63-1-1	242	249	154	159	131	131	147	164	194	194	104	110
Linea	Zac.58 original 249-1-1	239	243	157	161	135	135	147	164	193	193	104	110
Linea	Zac.58 original 294-1-1	244	249	153	159	131	136	147	167	194	194	103	110
Linea	Zac.58 SM 155 (1-60)-18-1(6)-1-1	249	258	156	159	131	131	147	164			104	110
Linea	Zac.58SM155(1-60)-41-1(5)-2-1-2	235	235			126	135	149	161	194	194	104	110
Cruza Simple	(T1XT3)	239	259	159	159	131	131	147	160	194	194	103	110
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)(H40-3-3-2)	243	259			130	130	147	164	193	193	110	115
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)(H40-23-3-2)	245	253	160	160	131	136	147	164	193	193	110	119
Hibrido trilineal	Cafime original X T18	249	254	160	160	130	130	160	164	193	194	104	110
Hibrido trilineal	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	245	245			130	130	164	164	194	194	104	110
Hibrido trilineal	(T1XT3)XT4	230	234	156	159	130	138	147	164	194	195	105	110
Hibrido trilineal	(T3XT4)XT1	234	244	160	160	131	136	147	164	195	195	103	110
Hibrido Trilineal	(T1XT3)XT18	242	258	157	161	131	136	147	164	193	193	104	110
Hibrido trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	245	254	160	160	127	136	147	160	194	194	103	110
Hibrido trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1	230	238	155	160	132	136	160	167	193	193	104	110
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)(H40-3-3-2-))XT18	234	234					147	147	194	194		
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)(H40-23-3-2-))XT18	231	235	156	159	131	131	147	167	194	194	104	110
Cruza Simple Intervarietal	Hibrido H66 de INIFAP	239	243	160	160	135	135	147	164	194	193	104	110
Mestizo Cruza Simple	Hibrido H70 de INIFAP	230	246	160	160	130	135	147	147	193	193	104	110
Variedad	Cafime original	235	235					147	164	193	193	104	110
Variedad	Cafime SM9 Sequía	244	244	159	159	132	132	147	147	193	194	104	110
Variedad	Cafime SM16 Sequía	230	234	159	159	131	136	147	160	193	193	104	110
Variedad	Zacatecas 58 Original	244	249					147	164	193	193	106	110
Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	245	259			130	130	147	164	194	194	108	115
Variedad	Zac.58SM18 Sequía	234	245	159	159	131	131	160	164	193	193	107	110
Variedad	Zap. Chico original	234	258	160	160	130	131	160	164			104	110
Variedad	Zap. Chico C15	259	259	160	160	130	130	147	147	194	194	108	115
Variedad	Compuesto Toluca C1	244	244	161	161	130	130	152	164	193	194	104	110
Variedad	Compuesto Toluca C4	242	245	160	160	131	135	167	160	193	193	103	105
Variedad	Criollo S.J.T Blanco	235	235			136	136	171	171	193	194	83	83
Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	255	258	159	159	131	131	147	164	193	194	106	110
Variedad	Cónico compuesto	242	245	160	161	131	131	146	146	193	193	106	110

Genotipo	Genealogia	nc133		phi423796		phi065		phi034		phi072	
Linea	Zacatecas 58 S -15-1	118	118	122	128	128	140	131	131	157	157
Linea	Cafime S-18-1	116	116	130	130	129	129	120	131	149	155
Linea	Cafime S-17-1-1	118	118	129	129	129	151	129	139	150	150
Linea	Cafime S-5-1-1-1	117	117	129	131	129	140	128	139	149	154
Linea	Hit-7-13-2-1	116	116	122	129	129	129	129	138	149	155
Linea	Hit-7-14-1-2	118	118	129	129	129	152	129	139	155	154
Linea	Hit-7-28-1-2	118	118	129	129	129	129	120	139	149	150
Linea	H40-3-3-2-	116	116	129	131	129	152	121	139	149	158
Linea	H40-23-3-2	118	118	129	131	129	129	129	139	149	155
Linea	H40-63-1-1	116	116	129	131	129	151	134	139	154	158
Linea	Zac.58 original 249-1-1	118	118	123	129	129	140	129	139	151	158
Linea	Zac.58 original 294-1-1	119	119	129	129	129	140	120	120	151	154
Linea	Zac.58 SM 15S (1-60)-18-1(6)-1-1	116	116	129	129	129	151	129	139	150	158
Linea	Zac.58SM15S(1-60)-41-1(5)-2-1-2	118	118	131	131	129	151			141	151
Cruza Simple	(T1XT3)	118	118	123	129	129	140	133	139	149	158
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)(H40-3-3-2)	118	118	131	132	129	151	120	139	151	151
Cruza Simple	(Hit 7-28-1-2)(H40-23-3-2)	118	118	124	131	129	129	121	131	151	154
Hibrido trilineal	Cafime original X T18	111	111	122	129	129	151	131	139	149	153
Hibrido trilineal	Zac. 58 SM24 X Zap.chico C15	117	118	129	129	129	129	120	139	142	154
Hibrido trilineal	(T1XT3)XT4	118	118	122	129	129	129	120	120	155	155
Hibrido trilineal	(T3XT4)XT1	118	118	122	131	129	140	136	139	141	150
Hibrido Trilineal	(T1XT3)XT18	118	118	123	129	129	140	129	139	150	158
Hibrido trilineal	(T1XT3)XHit7-13-2-1	118	118	123	131	129	140	131	139	151	154
Hibrido trilineal	(T1XT3)XH40-10-1-1	118	118	128	131	128	140	121	131	150	154
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)(H40-3-3-2-))XT18	115	115	129	129	129	129	129	139	141	154
Hibrido trilineal	((Hit 7-28-1-2)(H40-23-3-2-))XT18	117	118	129	129	129	140	120	139	141	153
Cruza Simple Intervarietal	Híbrido H66 de INIFAP	116	117	129	131	127	152	120	139	155	154
Mestizo Cruza Simple	Híbrido H70 de INIFAP	117	117	123	131	129	140	130	139	151	154
Variedad	Cafime original	110	110	129	129	129	129	129	139	149	149
Variedad	Cafime SM9 Sequía	110	110	128	128	129	129	128	139	141	153
Variedad	Cafime SM16 Sequía	118	118	132	139	139	139	129	139	155	154
Variedad	Zacatecas 58 Original	116	116	129	131	129	152	120	138	151	154
Variedad	Zac. 58 SM24 Rot	116	116	126	126					150	150
Variedad	Zac.58SM18 Sequía	115	115	128	128	129	152	120	139	150	154
Variedad	Zap. Chico original			129	130	140	151	129	139	141	151
Variedad	Zap. Chico C15	115	115	131	131	129	151	121	139	149	150
Variedad	Compuesto Toluca C1	115	115	125	129	129	151	120	138	151	154
Variedad	Compuesto Toluca C4	116	117	129	131	129	129	120	139	150	154
Variedad	Criollo S.J.T Blanco	115	115	122	122	129	129	129	139	151	151
Variedad	Criollo S.J.T Amanalco	115	115	128	131	129	131	120	138	149	154
Variedad	Cónico compuesto	116	117	129	131	129	151	120	139		

Figura A 1. Geles de poliacrilamida de los SSRs phi 374118.

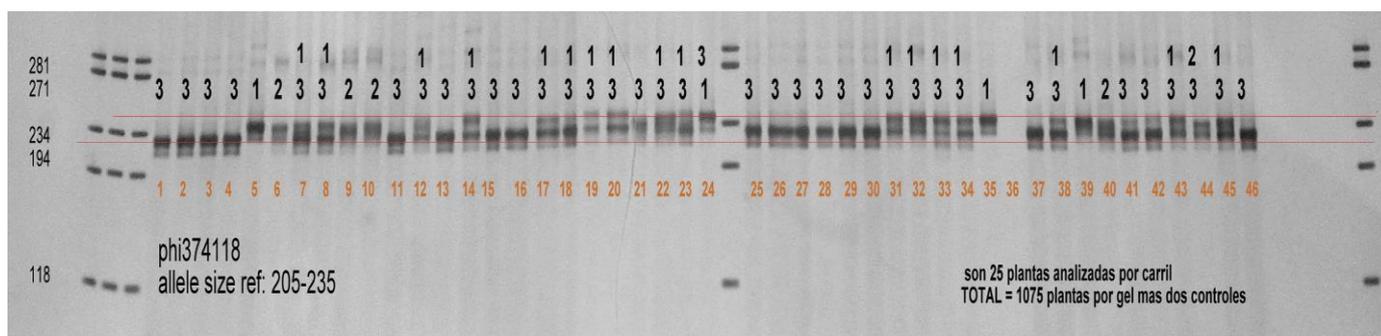
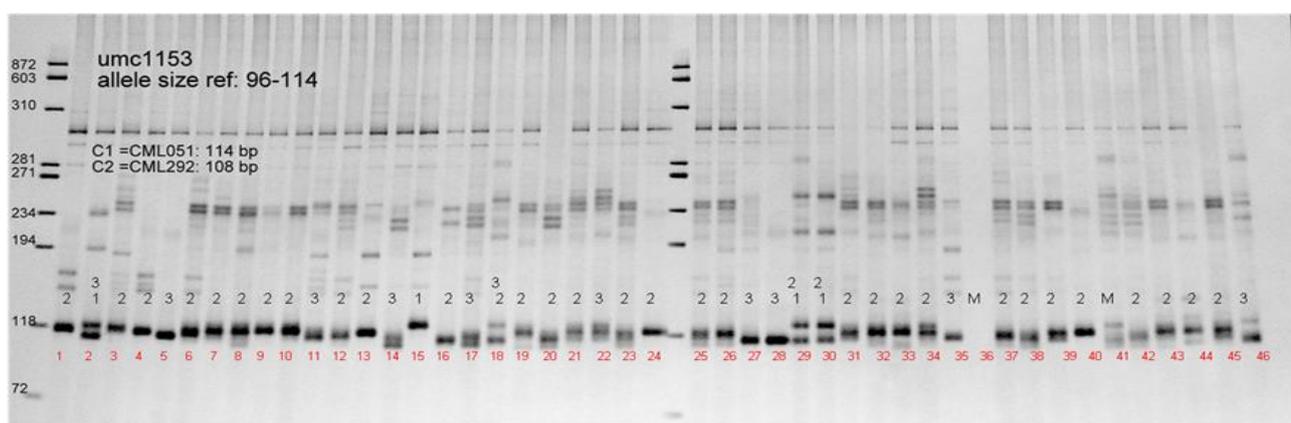


Figura A 2. Geles de poliacrilamida de los SSRs umc1153.



CUADROS PARA VARIABLES SOBRE NÚMERO DE ALELOS POR MARCADOR

Cuadro A 9. Coeficientes de regresión lineal simple (b), errores estándar (es) y coeficientes de determinación R² (%) del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos por ambiente. Análisis combinado e individual de 42 materiales genéticos de maíz bajo riego.

Variable Marcador	REND			LM			DM			NH			NG		
	R ²	b	es												
Umc1153	0.108	1.770	0.812	0.090	1.380	0.705	0.000	0.003	0.150	0.015	0.500	0.639	0.101	3.074	1.464
Phi085	0.118	1.582	0.692	0.070	1.046	0.610	0.216	0.373	0.113	0.179	1.457	0.500	0.058	1.994	1.284
Phi014	0.016	0.637	0.794	0.030	0.754	0.677	0.054	0.203	0.135	0.009	-0.362	0.597	0.080	2.547	1.380
Phi96100	0.020	-2.333	2.569	0.003	-0.783	2.225	0.049	-0.625	0.441	0.015	-1.489	1.928	0.005	-2.125	4.650
Phi453121	0.007	0.137	0.260	0.023	0.215	0.221	0.002	0.012	0.046	0.015	0.151	0.194	0.008	0.272	0.467
Phi064	0.000	0.002	0.210	0.004	0.076	0.180	0.011	0.024	0.036	0.003	-0.050	0.157	0.000	0.037	0.0378
Phi056	0.012	0.184	0.260	0.020	0.202	0.222	0.047	0.070	0.050	0.053	0.282	0.191	0.007	0.250	0.470
Umc1109	0.011	-0.639	0.955	0.002	-0.260	0.823	0.018	-0.142	0.166	0.000	0.087	0.719	0.000	-0.294	1.725
Phi063	0.017	0.469	0.570	0.013	0.350	0.490	0.044	0.131	0.098	0.146	0.026	0.398	0.004	0.450	1.029
Phi115	0.000	0.019	0.411	0.000	0.014	0.197	0.000	0.006	0.040	0.000	-0.015	0.171	0.000	0.019	0.411
Phi227562	0.087	0.656	0.340	0.032	0.341	0.300	0.030	0.067	0.061	0.009	0.158	0.265	0.007	0.324	0.637
Phi448880	0.096	0.0939	4.469	0.049	0.577	0.407	0.000	0.015	0.085	0.003	0.126	0.363	0.034	1.009	0.859

Zcaa391	0.087	1.535	0.794	0.023	0.685	0.705	0.169	0.372	0.132	0.009	0.372	0.619	0.008	0.066	1.486
Phi331888	0.003	0.275	0.762	0.070	1.182	0.689	0.045	0.192	0.141	0.004	0.256	0.621	0.027	1.532	1.472
Umc1277	0.003	-0.256	0.764	0.000	0.114	0.256	0.657	0.006	0.133	0.018	0.485	0.568	0.004	0.552	1.372
Phi062	0.009	0.561	0.927	0.010	-0.049	0.797	0.004	0.062	0.162	0.057	1.039	0.678	0.017	-1.373	1.660
Phi065	0.002	-0.219	0.764	0.042	-0.842	0.643	0.002	-0.038	0.133	0.008	0.367	0.571	0.004	-0.513	1.372
Phi423796	0.031	0.625	0.557	0.022	0.459	0.480	0.050	0.138	0.096	0.006	0.211	0.423	0.011	0.688	1.011
nc133	0.005	0.204	0.423	0.008	0.203	0.363	0.006	-0.037	0.073	0.005	-0.145	0.317	0.000	0.068	0.762
Phi072	0.000	-0.017	0.346	0.004	0.112	0.297	0.003	0.022	0.060	0.040	0.024	0.254	0.003	0.209	0.620
Phi089	0.000	-0.039	0.747	0.017	0.526	0.636	0.017	0.105	0.129	0.010	0.349	0.557	0.071	2.243	1.294
Phi116	0.023	0.229	0.237	0.036	0.244	0.202	0.067	0.068	0.040	0.162	0.452	0.164	0.086	0.790	0.412
Phi121	0.035	0.770	0.645	0.027	0.581	0.556	0.018	0.098	0.114	0.064	0.781	0.475	0.025	1.184	1.164
Phi328175	0.000	0.045	0.244	0.000	0.037	0.210	0.009	0.026	0.042	0.000	-0.007	0.182	0.017	0.356	0.451
Phi308707	0.008	0.131	0.237	0.000	-0.015	0.204	0.004	0.017	0.041	0.045	-0.236	0.174	0.000	0.006	0.427
Phi108411	0.024	0.977	1.002	0.002	0.272	0.870	0.000	-0.011	0.177	0.000	-0.129	0.760	0.000	0.083	1.821
Phi1545	0.011	-0.314	0.474	0.000	0.014	0.050	0.002	0.023	0.083	0.060	0.546	0.346	0.035	-0.994	0.841
Phi076	0.000	0.036	0.427	0.002	-0.112	0.366	0.000	0.002	0.075	0.005	-0.136	0.319	0.009	-0.459	0.764
Phi059	0.057	1.007	0.654	0.104	1.164	0.547	0.203	0.330	0.105	0.065	0.803	0.487	0.031	1.341	1.190
Phi101049	0.045	0.272	0.200	0.070	0.291	0.170	0.212	0.103	0.032	0.059	0.232	0.149	0.138	0.270	0.366
umc1399	0.000	0.061	0.459	0.028	0.416	0.389	0.005	0.037	0.080	0.008	0.198	0.342	0.011	0.549	0.820
Phi109188	0.038	0.283	0.225	0.009	0.117	0.197	0.026	0.040	0.040	0.007	0.092	0.171	0.003	0.161	0.412
Phi034	0.085	0.922	0.484	0.002	0.130	0.034	0.083	0.159	0.085	0.002	0.111	0.038	0.010	-0.558	0.905
Phi079	0.073	-1.031	0.588	0.044	-0.694	0.512	0.073	-0.180	0.102	0.008	-0.254	0.455	0.081	-0.960	1.051
Phi374118	0.016	0.636	0.800	0.020	0.625	0.685	0.090	0.264	0.134	0.006	0.293	0.602	0.027	1.487	1.429

Cuadro A 10. Coeficientes de regresión lineal simple (b), errores estándar (es) y coeficientes de determinación R² (%) del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos por ambiente. Análisis combinado e individual de 42 materiales genéticos de maíz de temporal.

Variable Marcador	REND			LM			DM			NH			NG		
	R ²	b	es												
Umc1153	0.121	1.723	0.740	0.101	1.566	0.746	0.019	0.136	0.158	0.036	0.688	0.570	0.154	3.802	1.423
Phi085	0.153	1.656	0.623	0.093	1.284	0.641	0.170	0.352	0.124	0.146	1.186	0.460	0.077	2.310	1.274
Phi014	0.153	1.656	0.623	0.027	0.759	0.722	0.055	0.218	0.144	0.004	-0.210	0.540	0.040	1.809	1.412
Phi96100	0.033	-2.735	2.344	0.006	-1.176	2.366	0.099	-0.947	0.456	0.042	-2.249	1.715	0.017	-3.845	4.630
Phi453121	0.012	0.168	0.238	0.030	0.260	0.235	0.000	-0.000	0.048	0.003	0.067	0.176	0.003	0.157	0.459
Phi064	0.005	-0.084	0.192	0.003	0.064	0.192	0.004	0.017	0.039	0.002	0.046	0.141	0.000	-0.015	0.387
Phi056	0.018	0.205	0.238	0.122	0.366	0.232	0.070	0.080	0.046	0.068	0.289	0.170	0.006	0.244	0.470
Umc1109	0.005	-0.415	0.880	0.001	0.186	0.878	0.008	-0.102	0.177	0.014	0.490	0.644	0.010	1.083	1.720
Phi063	0.015	0.404	0.524	0.056	0.779	0.510	0.095	0.205	0.101	0.101	0.773	0.368	0.009	0.616	1.029
Phi115	0.000	0.000	0.210	0.004	0.086	0.209	0.012	0.029	0.042	0.000	0.029	0.154	0.001	0.101	0.412
Phi227562	0.083	0.591	0.303	0.086	0.597	0.311	0.050	0.092	0.064	0.109	0.157	0.239	0.030	0.694	0.630
Phi448880	0.070	0.742	0.430	0.071	0.743	0.428	0.012	0.063	0.089	0.000	-0.014	0.328	0.042	1.120	0.856
Zcaa391	0.100	3.125	0.724	0.018	0.649	0.753	0.221	0.452	0.136	0.070	0.928	0.541	0.007	0.801	1.490

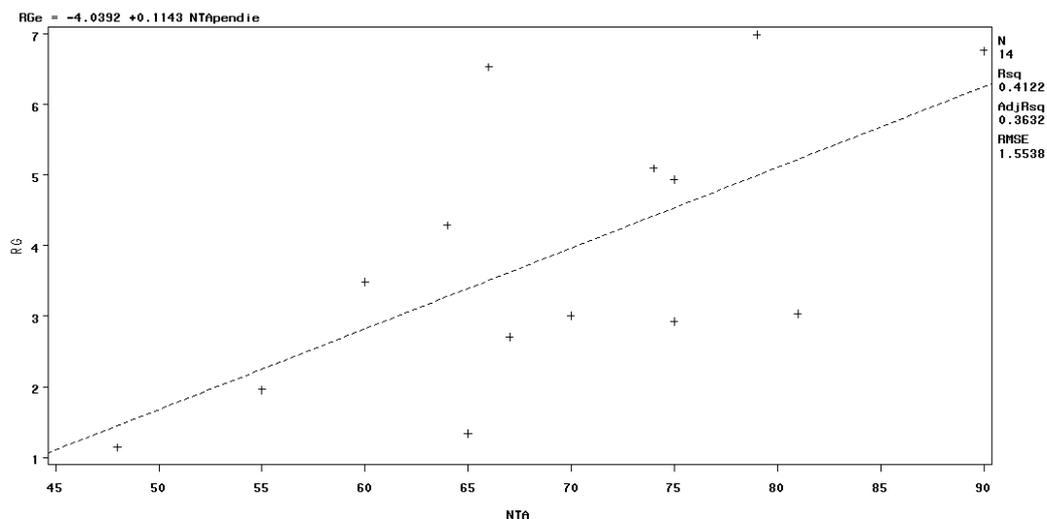
Phi331888	0.003	0.275	0.762	0.025	0.763	0.750	0.013	0.116	0.159	0.047	0.765	0.547	0.007	0.813	1.490
Umc1277	0.000	-0.128	0.703	0.003	0.264	0.698	0.005	0.065	0.141	0.015	0.403	0.512	0.000	-0.046	1.377
Phi062	0.006	0.408	0.854	0.000	-0.160	0.852	0.038	0.210	0.170	0.031	0.700	0.619	0.012	-1.182	1.1667
Phi065	0.005	-0.328	0.701	0.016	0.554	0.694	0.001	-0.027	0.141	0.000	-0.071	0.516	0.023	-1.321	1.361
Phi423796	0.020	0.470	0.515	0.060	0.795	0.502	0.046	0.140	0.102	0.003	0.132	0.381	0.032	1.144	1.002
nc133	0.010	0.246	0.388	0.002	-0.124	0.387	0.015	-0.061	0.087	0.015	-0.222	0.284	0.000	0.067	0.764
Phi072	0.000	0.057	0.317	0.001	-0.071	0.316	0.003	0.023	0.064	0.048	0.322	0.227	0.000	-0.005	0.622
Phi089	0.001	0.142	0.686	0.006	0.352	0.681	0.009	0.085	0.138	0.043	0.658	0.493	0.048	1.851	1.312
Phi116	0.041	0.281	0.216	0.071	0.366	0.211	0.031	0.049	0.043	0.102	0.324	0.153	0.047	0.585	0.422
Phi121	0.033	0.685	0.593	0.027	0.619	0.592	0.027	0.125	0.120	0.046	0.596	0.433	0.020	1.055	1.170
Phi328175	0.000	-0.033	0.224	0.019	0.192	0.221	0.040	0.056	0.044	0.006	0.080	0.164	0.022	0.409	0.434
Phi308707	0.001	0.054	0.218	0.006	0.107	0.217	0.005	0.020	0.044	0.050	-0.226	0.156	0.000	-0.018	0.428
Phi108411	0.023	0.884	0.921	0.002	0.269	0.926	0.003	0.064	0.187	0.017	0.570	0.678	0.000	-0.118	1.825
Phi1545	0.008	-0.246	0.436	0.006	-0.216	0.434	0.003	0.033	0.088	0.099	0.634	0.305	0.027	-0.893	0.846
Phi076	0.000	-0.009	0.392	0.002	0.129	0.390	0.000	0.012	0.079	0.000	-0.042	0.288	0.001	-0.157	0.768
Phi059	0.057	0.929	0.600	0.085	1.104	0.590	0.194	0.343	0.112	0.166	1.159	0.415	0.025	1.212	1.196
Phi101049	0.048	0.258	0.184	0.086	0.344	0.179	0.132	0.086	0.035	0.066	0.222	0.134	0.006	0.185	0.368
umc1399	0.000	-0.011	0.422	0.023	0.400	0.415	0.006	0.041	0.084	0.064	0.492	0.300	0.016	0.654	0.820
Phi109188	0.042	0.237	0.206	0.009	0.124	0.209	0.020	0.038	0.042	0.004	0.063	0.155	0.002	0.140	0.413
Phi034	0.062	0.727	0.450	0.017	0.380	0.459	0.127	0.209	0.087	0.001	0.247	0.910	0.001	0.247	0.910
Phi079	0.103	-1.126	0.531	0.028	-0.584	0.550	0.059	-0.173	0.109	0.005	-0.182	0.411	0.060	-1.684	1.065
Phi374118	0.017	0.604	0.735	0.014	0.558	0.732	0.038	0.183	0.146	0.075	0.973	0.523	0.011	0.972	1.443

Cuadro A 11. Coeficientes de regresión lineal simple (b), errores estándar (es) y coeficientes de determinación R² (%) del rendimiento y sus componentes sobre el número de alelos por ambiente. Análisis combinado e individual de 42 materiales genéticos de maíz bajo sequía.

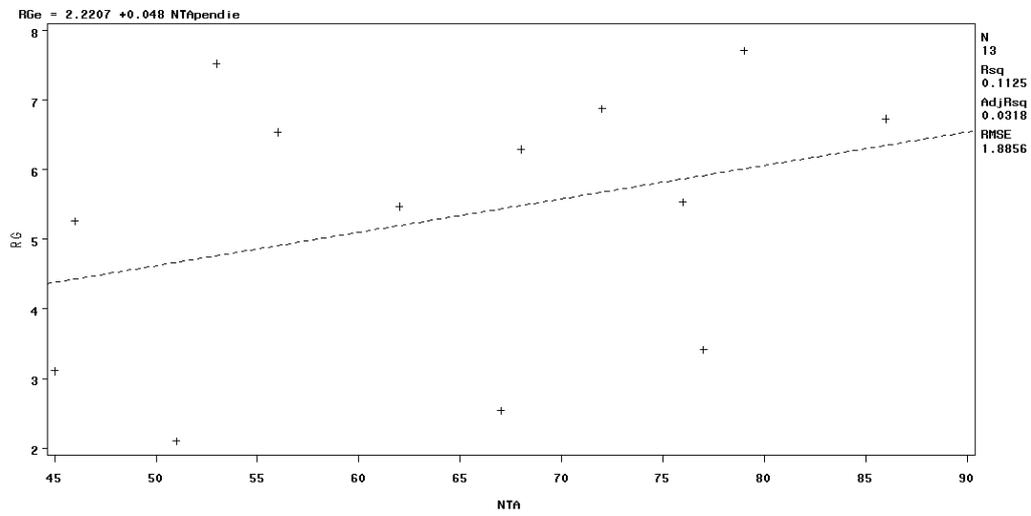
Variable	REND			LM			DM			NH			NG		
	R ²	b	es												
Umc1153	0.088	1.500	0.769	0.101	1.565	0.745	0.018	0.135	0.158	0.013	0.433	0.586	0.154	3.802	1.427
Phi085	0.121	1.504	0.647	0.107	1.299	0.599	0.173	0.377	0.132	0.053	0.727	0.492	0.106	2.106	1.245
Phi014	0.047	1.016	0.732	0.022	0.651	0.681	0.037	0.190	0.154	0.000	0.054	0.549	0.059	2.173	1.388
Phi96100	0.031	-2.671	2.393	0.007	-1.183	2.225	0.084	-0.927	0.489	0.020	-1.599	1.763	0.008	-2.693	4.617
Phi453121	0.001	0.057	0.244	0.029	0.242	0.221	0.000	-0.002	0.051	0.007	0.097	0.178	0.012	0.326	0.463
Phi064	0.000	0.033	0.197	0.001	0.035	0.181	0.000	0.007	0.041	0.000	0.001	0.144	0.000	0.041	0.375
Phi056	0.007	0.129	0.244	0.054	0.328	0.219	0.047	0.070	0.050	0.015	0.138	0.178	0.017	0.382	0.464
Umc1109	0.000	0.028	0.900	0.015	0.386	0.490	0.000	-0.012	0.189	0.018	0.558	0.653	0.022	1.593	1.697
Phi063	0.000	0.019	0.583	0.015	0.386	0.490	0.050	0.158	0.110	0.055	0.580	0.383	0.004	0.433	1.024
Phi115	0.007	-0.118	0.213	0.000	-0.014	0.197	0.001	-0.010	0.045	0.003	-0.059	0.157	0.003	0.149	0.408
Phi227562	0.036	0.395	0.327	0.027	0.318	0.302	0.007	0.036	0.069	0.000	0.025	0.244	0.016	0.510	0.630
Phi448880	0.047	0.622	0.444	0.060	0.642	0.405	0.022	0.090	0.094	0.003	0.121	0.333	0.044	1.144	0.849
Zcaa391	0.058	1.175	0.755	0.020	0.638	0.708	0.113	0.344	0.154	0.013	0.411	0.566	0.017	1.230	1.471
Phi331888	0.002	0.257	0.777	0.044	0.939	0.699	0.021	0.149	0.162	0.021	0.527	0.564	0.021	1.348	1.469
Umc1277	0.011	-0.483	0.712	0.003	0.240	0.657	0.015	0.116	0.149	0.041	0.667	0.541	0.000	-0.087	1.367

Phi062	0.020	0.771	0.864	0.000	-0.108	0.802	0.044	0.241	0.179	0.020	0.566	0.633	0.001	-0.391	1.664
Phi065	0.038	-0.876	0.703	0.010	-0.413	0.655	0.001	-0.037	0.150	0.003	-0.190	0.524	0.003	-0.526	1.364
Phi423796	0.002	0.168	0.529	0.026	0.490	0.481	0.016	0.089	0.110	0.000	0.025	0.388	0.021	0.930	1.000
nc133	0.017	0.325	0.394	0.000	0.054	0.365	0.002	-0.028	0.083	0.000	0.055	0.291	0.000	-0.030	0.758
Phi072	0.002	0.100	0.323	0.015	0.232	0.295	0.063	0.107	0.066	0.031	0.261	0.233	0.016	0.489	0.613
Phi089	0.010	0.449	0.696	0.025	0.644	0.635	0.029	0.157	0.145	0.057	0.767	0.498	0.080	2.360	1.281
Phi116	0.041	0.287	0.220	0.136	0.447	0.192	0.102	0.094	0.044	0.067	0.267	0.159	0.121	0.935	0.402
Phi121	0.008	0.347	0.623	0.020	0.499	0.559	0.043	0.168	0.126	0.041	0.574	0.441	0.007	0.641	1.169
Phi328175	0.003	-0.023	0.228	0.000	-0.013	0.210	0.022	0.045	0.047	0.001	0.037	0.167	0.000	0.040	0.436
Phi308707	0.000	0.041	0.223	0.001	-0.041	0.204	0.000	0.004	0.046	0.018	-0.137	0.162	0.000	-0.034	0.425
Phi108411	0.001	0.239	0.949	0.000	0.116	0.875	0.001	-0.045	0.199	0.007	-0.386	0.693	0.000	-0.020	1.811
Phi1545	0.007	-0.238	0.445	0.000	-0.074	0.410	0.010	0.059	0.093	0.014	0.248	0.325	0.011	-0.561	0.847
Phi076	0.019	-0.347	0.396	0.000	-0.039	0.367	0.005	-0.040	0.083	0.040	-0.369	0.287	0.000	-0.120	0.763
Phi059	0.044	0.829	0.616	0.113	1.217	0.545	0.177	0.349	0.120	0.083	0.833	0.442	0.045	1.600	1.175
Phi101049	0.010	0.123	0.191	0.030	0.193	0.174	0.066	0.065	0.039	0.022	0.132	0.139	0.006	0.184	0.365
umc1399	0.000	0.028	0.900	0.014	0.299	0.392	0.007	0.048	0.090	0.048	0.434	0.307	0.006	0.425	0.818
Phi109188	0.003	0.075	0.215	0.007	0.104	0.197	0.000	0.008	0.045	0.000	-0.013	0.157	0.002	0.126	0.410
Phi034	0.016	0.379	0.470	0.000	0.040	0.435	0.034	0.115	0.098	0.008	-0.200	0.346	0.001	-0.180	0.904
Phi079	0.062	-0.890	0.554	0.084	-0.952	0.503	0.078	-0.211	0.115	0.009	-0.077	0.419	0.140	-2.552	1.012
Phi374118	0.016	0.602	0.749	0.037	0.833	0.681	0.044	0.208	0.155	0.026	0.562	0.546	0.031	1.590	1.418

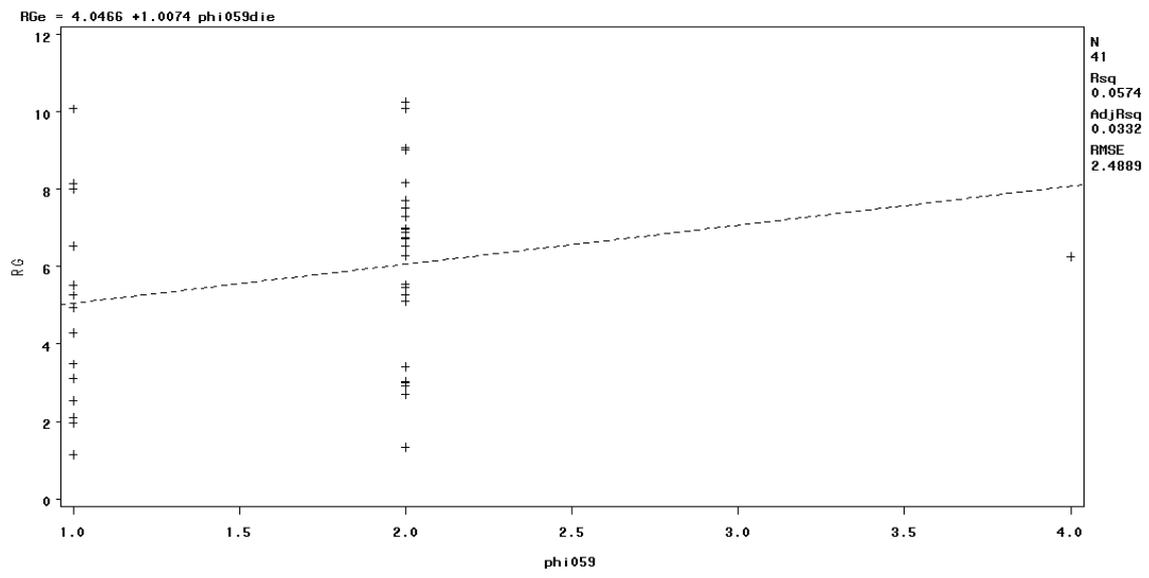
Gráfica A 1. Combinado de líneas para rendimiento entre el número total de alelos.



Gráfica A 2. Combinado de variedades para rendimiento entre número total de alelos.



Gráfica A 3. Marcador phi 059 para el ambiente de riego, regresión lineal de rendimiento entre número de marcadores.



Gráfica A 4. Marcador phi 085 para el ambiente de riego, regresión lineal de rendimiento entre número de marcadores.

