

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LÍNEAS TROPICALES DE MAÍZ (*Zea mays* L.) Y SU RELACIÓN CON LOS PATRONES HETERÓTICOS

Laura González¹, Alexander Hernández¹ y Jesús Alezones²

RESUMEN

La diversidad del germoplasma es importante para los programas de mejoramiento genético. Se estudiaron 35 líneas de maíz blanco, pertenecientes a Fundación DANAC y 3 líneas probadoras (CML-144, CML-254 y L20-2#1) correspondientes al patrón heterótico tropical ETO x Tuxpeño. Se utilizaron 13 pares de iniciadores tipo SSR distribuidos en los diez cromosomas. La visualización de los productos de amplificación permitió la construcción de una matriz de datos para determinar la distancia genética ($DG=1-SG$) utilizando el coeficiente de similitud genética (SG) de Jaccard y realizar un dendrograma bajo el criterio del promedio aritmético no ponderado (UPGMA) y un análisis de coordenadas principales (ACP). Con los datos de rendimiento de las líneas e híbridos, se determinó la heterosis ($h=S_{AB}-0,5(L_A+L_B)$). Los SSR polimórficos amplificaron 25 bandas en las líneas con un promedio de 2,08 alelos por SSR y un rango de 2 a 3. Se ubicaron las líneas en tres grupos: el A al que pertenecen los probadores L20-2#1 junto con CML-254, el B en el que se encuentra el probador CML-144 y un tercero que no agrupa con ninguno de los dos. Al correlacionar los estimados de DG, con el rendimiento y la heterosis, se obtuvo una mayor correlación con esta última; $r = 0,09$ ns vs. $r = 0,36^{**}$, respectivamente. Cuando se correlacionaron la distancia entre las líneas del grupo opuesto y el probador por separado, se encontraron valores significativos y altos sólo en la comparación CML-144 por líneas agrupadas como A con $r = 0,55^{**}$.

Palabras clave adicionales: Genética, heterosis, marcadores moleculares, distancia genética

ABSTRACT

Molecular characterization of tropical maize (*Zea mays* L.) lines and its relation to heterotic patterns

The germplasma diversity is important for the breeding programs. Thirty five lines of white corn, belonging to DANAC Foundation and three tester lines (CML-144, CML-254, and L20-2#1) of the tropical heterotic pattern ETO x Tuxpeño were evaluated. Thirteen SSR primer pairs distributed in ten chromosomes were used. The amplification of products allowed the construction of a data matrix of information to determine the genetic distance ($GD=1-SG$) using the Jaccard's coefficient of genetics similarity (GS), to fulfill a dendrogram under the criterion of unweighted pair-group method with arithmetical averages (UPGMA) and perform a principal components analysis (PCA). The heterosis ($h=S_{AB}-0.5(L_A+L_B)$) was determined using yield information of the lines and hybrids. The polymorphic SSR amplified 25 bands in the lines, with an average of 2.08 alleles per SSR and a range from 2 to 3. The lines were located in three groups: Group A represented by the tester L20-2#1 together with CML-254, Group B represented by CML-144, and a third group that did not group with any of the former two. A correlation analysis was performed between the estimated GD's and the yield, or the heterosis, and significant correlation was obtained by the latter ($r = 0.09$ ns vs. $r = 0.36^{**}$, respectively). When the distance was correlated between the lines of the opposite group and the tester separately, significant and high values were found only in the comparison CML-144 versus the lines grouped as A with $r = 0.55^{**}$.

Additional key words: Genetics, heterosis, molecular marker, genetic distance, corn

INTRODUCCIÓN

El conocimiento de la diversidad genética y el grado de relación entre los materiales es indispensable para el desarrollo de nuevas líneas endogámicas, la asignación de líneas a grupos

heteróticos y la realización de ensayos de prueba para las combinaciones híbridas. Los marcadores moleculares demuestran ser una herramienta de gran utilidad para la delimitación de grupos heteróticos y la asignación de líneas dentro de estos grupos (Melchinger, 1999).

Recibido: Noviembre 3, 2008

Aceptado: Septiembre 25, 2009

¹ Decanato de Agronomía, Universidad Centroccidental "Lisandro Alvarado". Apdo. 400. Barquisimeto. Venezuela. email: ahernandez@ucla.edu.ve

² Fundación para la investigación Agrícola DANAC. San Javier del Valle, estado Yaracuy, Venezuela

Aunque el mejoramiento a través de las técnicas convencionales tiene un rol significativo en la producción de alimentos, aún existen muchas características a mejorar, que debido a sus propiedades de baja heredabilidad y alta interacción con el ambiente, requieren de nuevos métodos para ser identificadas y mejoradas (Khush, 2001).

El conocimiento de la diversidad genética entre el germoplasma es importante para el cultivo de maíz híbrido al momento de planear cruces entre germoplasma elite, al desarrollar nuevas líneas endocriadas y al asignar genotipos a determinados grupos heteróticos (Xia et al., 2004; Hernández, 2007). Esta diversidad genética puede ser determinada por marcadores moleculares (Bernardo, 2001; Warburton et al., 2002).

Dentro de las técnicas de biología molecular para caracterizar y evaluar la diversidad genética de líneas y poblaciones se encuentra el uso de los microsatélites, también llamados SSR, que se caracterizan por ser altamente polimórficos, se encuentran distribuidos al azar a lo largo del genoma, son loci específicos y multialélicos, se heredan de manera mendeliana, son somáticamente estables y codominantes ((Junjian et al., 2002). De esta manera su uso tiene ventajas sobre el de los marcadores RFLP por ser una técnica menos laboriosa y costosa. Asimismo, para este caso particular, aventajan a los marcadores RAPD en que con éstos se haría imposible, o poco fiable, la diferenciación del genotipo homocigoto dominante del heterocigoto cuando hay presencia de productos de amplificación.

Los objetivos de este estudio fueron caracterizar molecularmente líneas de maíz blanco y buscar la relación existente entre la clasificación generada con grupos heteróticos establecidos, así como relacionar la distancia genética de dichas líneas con su comportamiento en los cruces de cobertura en base a rendimiento y heterosis.

MATERIALES Y MÉTODOS

El germoplasma estudiado correspondió a 34 líneas endocriadas (S₄-S₅) de maíz blanco provenientes de diferentes proyectos de la Fundación DANAC, ubicada en San Javier, estado Yaracuy, y dos líneas probadoras pertenecientes al CIMMYT (México) ya clasificadas en patrones

heteróticos: la línea CML-144 que es de origen ETO y la CML-254 originaria de la población de Tuxpeño. También se incluyó la línea Tuxpeño L20-2#1, de la Fundación DANAC. En esta Fundación se realizaron los ensayos para la evaluación del rendimiento de híbridos simples resultantes entre las líneas sometidas a estudio y dos de las líneas probadoras, CML-144 y L20-2#1, correspondientes a los grupos heteróticos ETO y Tuxpeño, respectivamente

Con semillas de las 35 líneas y la de los probadores se obtuvieron plántulas para la extracción de ADN a partir del método modificado de extracción con CTAB al 2 % descrito por Doley y Doley (1987). El tejido foliar fue colocado en tubos de 1,5 mL y con ayuda de nitrógeno líquido se procedió a macerar el material para pulverizarlo. Luego se realizó la extracción de ADN, aplicando 700 µL de buffer CTAB 2 %; seguidamente se incubaron en un Termobloq seco a 65 °C por 30 minutos. Luego se dejaron en reposo durante 5 minutos y se aplicaron 600 µL de cloroformo: alcohol isoamílico (24:1) invirtiendo varias veces las muestras y centrifugándolas a 1200 rpm por 7 min. El sobrenadante originado de la centrifugación fue transferido a microtubos nuevos a los que se les agregó 500 µL de etanol al 100 % frío. Se continuó el protocolo con una centrifugación a 700 rpm durante 5 min. para obtener un pellet al descartar la fase acuosa, y se realizaron lavados con 400 µL de etanol al 70 %. Se dejó secar el pellet y se hidrató con 100 µL de TE.

La cantidad y calidad de ADN se determinó sobre un gel de agarosa al 0,8 % por electroforesis en una cámara horizontal y tinción con SYBR Green que fue visualizado en un transluminador Bio-Rad conectado al software Quantity One versión 4.2.3. Se utilizó como control de diluciones ADN lambda en concentraciones conocidas de 10, 30, 50 ng/µL. Por último, el ADN se diluyó a una concentración final de 10 ng/µL para ser usado en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

Las reacciones de PCR fueron realizadas con un volumen final de 15 µL, el cual contuvo 1X de tampón para PCR, 2,5 mM de MgCl₂, 150 mM de cada dNTPs, 0,3 mM de cada iniciador directo y reverso, 1U de TAQ polimerasa y 50 ng del ADN

molde (Hoisington et al., 2001). La amplificación del ADN se realizó en un termociclador Perkin Elmer 480, bajo los siguientes perfiles de temperatura: un ciclo de desnaturalización inicial por 2 min a 94 °C, seguido por 30 ciclos de amplificación comprendido por 94 °C de desnaturalización por 30 s, alineamiento que dependió de la temperatura de cada iniciador por 1 min y extensión por 1 min a 72 °C; por último, un ciclo de extensión final a 72 °C por 2 min.

Se utilizaron 13 marcadores distribuidos entre los 10 cromosomas del maíz (Sen et al., 2009) para amplificar sectores específicos del genoma y detectar similitud entre los materiales evaluados en las regiones microsátélites. Estos iniciadores se seleccionaron a partir del trabajo realizado por Warburton et al. (2002) bajo el criterio de mayor contenido de información polimórfica (PIC), y la ubicación en los cromosomas del maíz.

Los productos de amplificación se separaron por electroforesis en geles de poliacrilamida 10%. Se usó un marcador de peso molecular de 100 bp para establecer el peso molecular de los diferentes alelos. La visualización de las bandas se realizó mediante tinción con AgNO₃ al 0,02 % y permitió la construcción de una matriz de datos con los cuales se determinó la distancia genética (DG = 1-SG) utilizando el coeficiente de similaridad genética (SG) de Jaccard (Rohlf, 2000). Se realizó un dendrograma bajo el criterio del promedio aritmético no ponderado (UPGMA) y un análisis de coordenadas principales. Con los datos de rendimiento de las líneas y de los híbridos simples resultantes de los cruzamientos línea por probador se determinó la heterosis mediante la siguiente fórmula: $h = S_{AB} - 0,5(L_A + L_B)$, donde S_{AB} es el rendimiento del híbrido simple AB, L_A y L_B son el rendimiento de las líneas parentales.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Caracterización y agrupamiento de las 37 líneas de maíz blanco

De los 13 pares de SSR, 12 resultaron polimórficos y amplificaron un total de 25 alelos. El número de fragmentos por marcador estuvo en el rango de 2 a 3 alelos, con una media de 2,08 por marcador. Este valor promedio fue bajo al compararlo con el 3,02 obtenido por Gethi et al. (2002). Liu et al. (2003) obtuvieron valores

promedios de alelos por marcador de 2,89 para maíz dulce y 2,95 para maíz reventón al trabajar con líneas endocriadas de diferentes orígenes. Las causas de estas diferencias pueden atribuirse al tamaño de la muestra y la variabilidad de las líneas, y probablemente al número de marcadores SSR utilizados. La información del contenido polimórfico (PIC) para los 12 SSR varió entre 0,03 y 0,57 con un valor promedio de 0,41; este valor está dentro del rango reportado por Xia et al. (2004) quienes indicaron un valor promedio del PIC de 0,60 con un rango de 0,13 a 0,87, además de un mayor número de alelos por marcador.

En el dendrograma de la Figura 1 y el análisis de coordenadas principales (ACP) mostrado en la Figura 2, las líneas estudiadas son distribuidas en tres diferentes grupos: el A (GH-A), el B (GH-B), y un X (GH-X). Las líneas que se encuentran tanto en el GH-A y GH-B pudieran ser clasificadas en el grupo heterótico del que forman parte, pues entre ellas se encuentra el probador CML-144, CML-254 ó L20-2#1, que tienen identificado el grupo al que pertenecen. Además, se establece esta relación al tomar en cuenta la heterosis entre las líneas de cada uno de los grupos formados y el probador que discrimina. El análisis molecular y la heterosis orientaron la ubicación de las líneas en los grupos heteróticos A ó B; no siendo así para las líneas del grupo GH-X que no agrupan con ninguna de las líneas de grupos heteróticos conocidos.

Entre las poblaciones de origen conocido y utilizadas en ese estudio estuvo la población Tuxpeño, en la que se confirmó que pertenece al grupo heterótico A. Entre las líneas que se originaron de esta población se encuentra la línea CML-254, es decir, uno de los probadores utilizados y caracterizado en este trabajo. Además que el germoplasma tropical es, por lo general, de una amplia base genética al compararlo con los maíces templados, las líneas de maíz blanco utilizadas en el presente estudio no cuentan con una clara descripción de las poblaciones de origen lo que dificulta la identificación de líneas emparentadas o relacionadas dentro de los grupos heteróticos observados en el dendrograma (Figura 1). Sin embargo, se puede destacar que dentro de estos grupos formados hay alguna de ellas que proviene de la misma población base. En relación a esto se puede señalar que muchas de las líneas con pedigrí relacionado se ubican juntas dentro

del mismo grupo. Así, se puede observar dentro del GH-A a las líneas L43, L44 y L45 que provienen de la población base PC109; las líneas L31 con L32 de la población base FOR124; las líneas L16 con L17 de la población base FOR114 y las líneas L37 con L38 de la población base PC102. También se puede notar dentro del grupo GH-B a las líneas L39 y L40 que provienen de la población base PC102. Ubicadas muy próximas en el GH-X están las líneas L19, L20, L21 y L22, que provienen de la población base FOR115. En estos casos la clasificación y el análisis de ACP confirman la relación de pedigrí entre las líneas.

Las distancias genéticas entre las 34 líneas por el probador CML-144 presentan un rango de 0,25 a 0,71 (Cuadro 2) con un promedio de 0,43 y con el probador L20-2#1 presentaron un rango de 0,11 a 0,48 con un promedio de 0,36. A partir de estos datos se pudo observar que las distancias genéticas mayores están dadas entre las líneas por el probador CML-144 que pertenece al grupo heterótico B, caso contrario a lo ocurrido con el probador L20-2#1 del grupo heterótico A, en el cual las relaciones de distancia genética fueron menores. Al comparar las distancias genéticas entre las líneas de los grupos GH-A, GH-B y GH-X y la línea complementaria del patrón heterótico, se observaron mayores valores entre las líneas de GH-A y GH-X con el probador CML-144, con distancias promedio de 0,42 y 0,56, respectivamente. Estos resultados pueden explicarse por el hecho de que todas estas líneas presentaron menor similitud con este probador, confirmando que la mayoría de las líneas estudiadas eran del grupo A al que pertenecen las líneas Tuxpeño (CML-254 y L20-2#1).

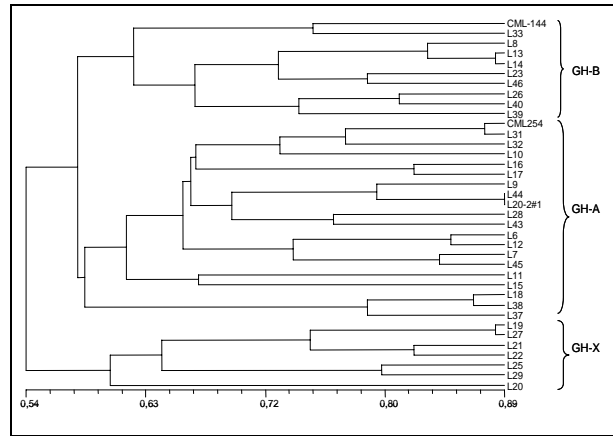


Figura 1. Dendrograma que muestra la relación entre las 37 líneas de maíz blanco, revelado con análisis de grupo UPGMA por el coeficiente de similaridad genética de Jaccard a partir de datos obtenidos con marcadores moleculares SSR

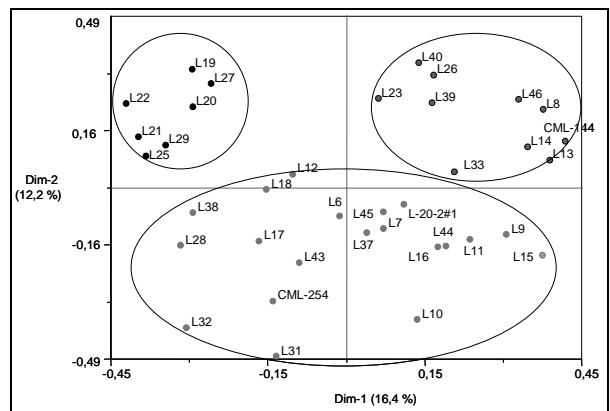


Figura 2. Análisis de coordenadas principales de 37 líneas de maíz blanco basados en el coeficiente de similaridad de Jaccard a partir de datos de marcadores moleculares SSR

Cuadro 2. Combinaciones de las líneas de maíz blanco por los probadores, donde se indica el número de híbridos (N) y los valores descriptivos de media, rango y dispersión a partir de las distancias genéticas obtenidas con el coeficiente de similitud genética (SG) de Jaccard y marcadores moleculares SSR

Distancia	N	Promedio	Mínimo	Máximo	SD
Líneas x CML-144	34	0,43	0,25	0,71	0,12
Líneas x L20-2#1	34	0,36	0,11	0,48	0,08
GH-A x CML-144	18	0,42	0,28	0,71	0,11
GH-B x L20-2#1	9	0,35	0,25	0,43	0,06
GH-X x CML-144	7	0,56	0,50	0,67	0,06
GH-X x L20-2#1	7	0,42	0,35	0,48	0,05

Teóricamente el patrón heterótico se establece entre líneas que están más distantes, tienen menos alelos en común, y es de esperar que esta mayor distancia relativa implique una mayor respuesta

heterótica, ya que los híbridos resultantes deberían tener una mayor cantidad de loci heterocigotos. Luego, los mejores híbridos deberían estar entre líneas A muy distantes con el probador B.

Cuadro 1. Lista de las 34 líneas de maíz blanco de DANAC bajo estudio y los 3 probadores utilizados en la investigación

Línea #	Código	Pedigrí	Patrón heterótico	Institución	Dureza del grano
L1	CML-144	Pob62c5HC182-2-1-2-B-B-3-1-#-#	B	CIMMYT	Duro
L4	CML-254	TUXSEQ-149-2-BBB-##-1-BB-f	A	CIMMYT	Semi-dentado
L49	L20-2#1	Tuxpeño Crema PB-5-2-#-1	A	DANAC	Dentado
L6	FOR-001	FOR102-1-1-1-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L7	FOR-003	FOR103-2-2-1-#-B	-	DANAC	Duro
L8	FOR-005	FOR104-2-2-2-#-B	-	DANAC	Semi-dentado
L9	FOR-007	FOR106-4-3-1-#-B	-	DANAC	Semi-dentado
L10	FOR-009	FOR107-2-3-2-#-B	-	DANAC	Semi-dentado
L11	FOR-010	FOR108-3-3-1-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L12	FOR-011	FOR109-1-1-2-#-B	-	DANAC	Duro
L13	FOR-012	FOR112-2-2-2-#-B	-	DANAC	Duro
L14	FOR-016	FOR113-1-1-1-#-B	-	DANAC	Duro
L15	FOR-018	FOR113-5-1-1-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L16	FOR-020	FOR114-1-3-1-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L17	FOR-022	FOR114-4-4-3-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L18	FOR-024	FOR114-5-2-1-#-B	-	DANAC	Dentado
L19	FOR-025	FOR115-1-4-1-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L20	FOR-027	FOR115-3-1-1-#-B	-	DANAC	Duro
L21	FOR-029	FOR115-3-2-1-#-B	-	DANAC	Semi-dentado
L22	FOR-031	FOR115-5-4-1-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L23	FOR-033	FOR116-2-1-1-#-B	-	DANAC	Semi-dentado
L25	FOR-035	FOR120-4-1-1-#-B	-	DANAC	Duro
L26	FOR-036	FOR120-4-2-2-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L27	FOR-037	FOR122-1-1-1-#-B	-	DANAC	Duro
L28	FOR-038	FOR122-3-2-1-#-B	-	DANAC	Semi-dentado
L29	FOR-040	FOR122-5-3-1-#-B	-	DANAC	Duro
L31	FOR-043	FOR124-3-2-1-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L32	FOR-045	FOR124-4-4-2-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L34	FOR-046	FOR124-4-4-3-#-B	-	DANAC	Semi-duro
L37	LPC-005	PC102-RC0-6-1-1-#-#	-	DANAC	Semi-dentado
L38	LPC-008	PC102-RC0-6-3-2-#-#	-	DANAC	Semi-duro
L39	LPC-009	PC102-RC1-9-1-1-#-#	-	DANAC	Semi-duro
L40	LPC-011	PC102-RC2-1-2-2-#-#	-	DANAC	Semi-dentado
L43	LPC-015	PC109-RC2-1-1-1-#-#	-	DANAC	Semi-dentado
L44	LPC-016	PC109-RC2-1-1-2-#-#	-	DANAC	Semi-dentado
L45	LPC-017	PC109-RC2-3-1-1-#-#	-	DANAC	Semi-dentado
L46	LPC-018	PC109-RC2-6-1-1-#-#	-	DANAC	Duro

El ACP, al igual que el dendrograma, ubica a la línea L20-2#1 de la Fundación DANAC en una posición intermedia entre los dos probadores

A y B del CIMMYT, por lo que se puede especular que esta línea aún siendo del grupo A conserva rasgos del probador B; luego ella no

sería el mejor probador A para discriminar entre un grupo de líneas y establecer el grupo heterótico al cual pertenecen cuando se hacen los cruces de prueba.

Correlación de los estimados de distancia genética con la heterosis

Se encontró una correlación no significativa ($r = 0,094$) entre la distancia genética con la información de rendimiento en campo de los híbridos simples (Figura 3). En este caso no podrían ser usados los valores de distancia

genética para correlacionarlos con los valores de rendimiento, pues la presencia de híbridos con alto rendimiento no sería un indicativo directo de la heterosis, pero sí de que los mismos pueden provenir de líneas progenitoras de alto rendimiento *per se*. Lanza et al. (1997), al trabajar con grupos de líneas que fueron obtenidas de dos poblaciones distintas, establecieron correlaciones significativas entre DG y rendimiento, y concluyeron que los mejores ajustes de los modelos de regresión se obtienen entre líneas de distintos grupos, no así dentro del mismo grupo.

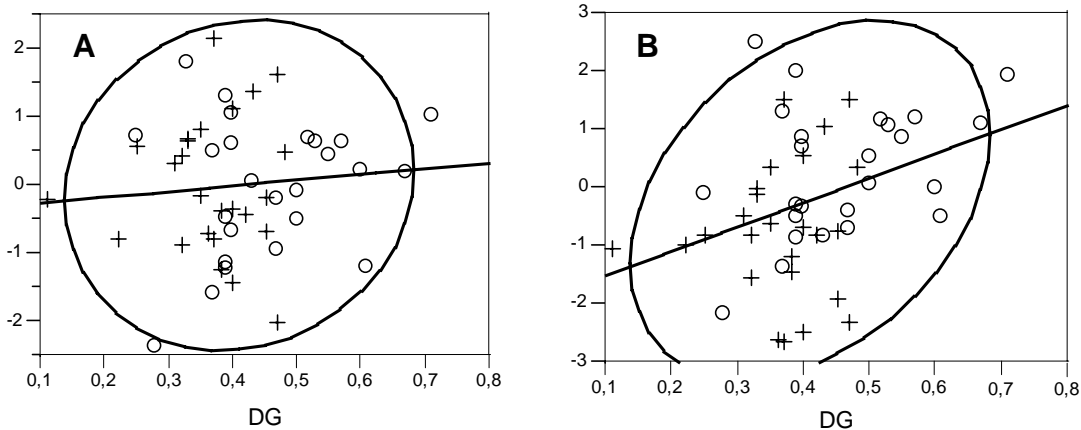


Figura. 3 Correlación de las líneas de maíz blanco por los probadores CML-144 y L20-2#1. A: correlación de los estimados de DG con los rendimientos de los híbridos estandarizados ($r=0,094$). B: correlación de los estimados de DG con heterosis estandarizados ($r = 0,37$; altamente significativo)

La correlación de los estimados de DG con los valores de heterosis resultó altamente significativa ($P \leq 0,009$) con $r = 0,37$. Para observar los estimados de distancia genética de las líneas con el probador CML-144, se correlacionaron tanto la heterosis de las líneas con este probador y con el L20-2#1, pero por separado (Cuadro 3). Con los estimados de heterosis de los híbridos que tienen como padre común el probador Tuxpeño (L20-2#1), y los valores de distancia genética entre las líneas con este probador, se observó una correlación baja ($r = 0,10$) y no significativa. Con el probador ETO (CML-144), se obtuvo una correlación algo mayor ($r = 0,33$) aunque no significativa. Los valores de distancia genética obtenidos de las 34 líneas de maíz blanco con el probador ETO (CML-144) tendieron a mostrar cierta relación con la heterosis expresada en campo por estos híbridos. Estas correlaciones se

pueden explicar por el hecho de que el mayor número de las líneas pertenece al GH-A asignado por el análisis de los datos moleculares y el probador CML-144, el cual es conocido que pertenece al grupo heterótico B.

Cuadro 3. Regresión entre la distancia genética y la heterosis de las líneas de maíz blanco con los probadores CML-144 y L20-2#1

F.V.	Líneas x CML-144		Líneas x L20-2#1	
	GL	CM	GL	CM
Modelo	1	3,27 ns	1	0,40 ns
Error	23	27,04	23	33,76
Total	24		24	
Coefficiente r	0,33		0,10	

Tratando de disminuir la distorsión causada por otras fuentes de variación no controladas y

observar la eficiencia de la clasificación molecular de las líneas, se establecieron correlaciones entre DG y heterosis tomando como referencia los grupos heteróticos obtenidos molecularmente y así observar el comportamiento individual de las líneas asignadas a cada uno de éstos con las líneas contrastantes del patrón heterótico ETO/Tuxpeño. Para esto, se observan en el Cuadro 4 los análisis de regresión de las líneas que pertenecen al GH-A con el probador CML-144, las líneas que pertenecen al GH-B con el probador L20-2#1 y las líneas que forman parte del GH-X con ambos probadores. La heterosis expresada por los híbridos simples, líneas GH-A por el probador CML-144, guardan una relación significativa con

los estimados de distancia genética, con valores de $r = 0,55$ (Figura 4) que en comparación con los híbridos obtenidos de las líneas GH-B por el probador L20-2#1, donde $r = 0,30$ y con modelo no significativo. Al tratar de establecer relación entre DG y heterosis tomando como base las líneas GH-X por ambos probadores no se encontraron diferencias. El estudio no permitió una clara discriminación entre el probador Tuxpeño L20-2#1 y las líneas del grupo contrario B; sin embargo, se podría señalar que esta línea probadora aun siendo clasificada como del grupo heterótico A podría guardar alguna similitud con el grupo B, enmascarando tal vez su función como probador.

Cuadro 4. Modelo de regresión entre la distancia genética y heterosis para las líneas de maíz blanco usando los grupos obtenidos en el análisis de coordenadas principales

F.V.	GH-A x (CML-144)		GH-B x (L20-2#1)		GH-X x (CML-144)		GH-X x (L20-2#1)	
	GL	CM	GL	CM	GL	CM	GL	CM
Modelo	1	5,87 **	1	1,28 ns	1	0,22 ns	1	0,21 ns
Error	12	13,65	4	10,87	4	1,08	4	4,37
Total	13		5		5		5	
Coefic. r	0,55		0,30		0,41		0,21	

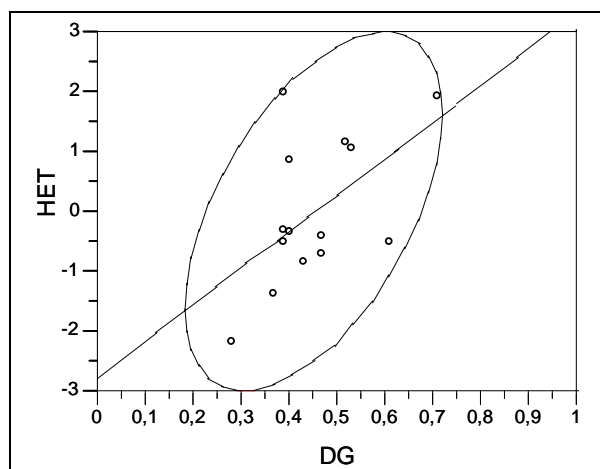


Figura 4. Distancia genética vs. heterosis de las líneas de maíz blanco pertenecientes al GH-A con el probador CML-144 ($r = 0,55$).

CONCLUSIONES

Las líneas tropicales de maíz estudiadas se agruparon en base a sus similitudes de acuerdo a la técnica de microsatélites. Este agrupamiento se relacionó con los grupos heteróticos de acuerdo a la presencia en éstos de líneas conocidas. El agrupamiento tomando como referencia la

caracterización molecular de las líneas confirmó la utilidad de este análisis. La distancia genética (DG) con marcadores microsatélites resultó eficaz para determinar el grado de relación entre las líneas.

Aunque las correlaciones dependen del grupo de líneas consideradas en el análisis y éstas no fueron concluyentes, las mejores se obtuvieron cuando se compararon los estimados de DG con los de heterosis, mas no con los de rendimiento. Los altos rendimientos de los híbridos simples no fueron indicativos directos de la respuesta heterótica pero sí de que las líneas progenitoras de estos híbridos tienen alto rendimiento.

Se comprobó la relación del patrón heterótico ETO x Tuxpeño y que la gran mayoría de las líneas bajo estudio pertenecen al grupo Tuxpeño (GH-A). La relación DG y heterosis puede orientar a los mejoradores en la búsqueda de híbridos de altos rendimiento.

LITERATURA CITADA

1. Bernardo, R. 2001. Breeding potential of intra- and interheterotic group crosses in maize. *Crop Sci.* 41: 68-71.

2. Doley J. y J. Doley. 1987. Isolation of DNA from fresh plant tissue. *Focus* 12: 13-15.
3. Gethi J., J. Labate, K. Lankey, M. Smith y S. Kresovich. 2002. SSR variation import U.S. maize inbred lines. *Crop Sci.* 42: 951-957.
4. Hernández, A. 2007. Predicción de híbridos simples mediante marcadores SSR y RAPD. Tesis. Facultad de Agronomía, UCV. Maracay. 109 p.
5. Hoisington, D., M. Khairallah y D. González de León. 2001. Laboratory protocols: CIMMYT applied molecular genetics laboratory. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. México, DF.
6. Junjian, N., M. Peter Colowit y D.J. Mackill. 2002. Evaluation of genetic diversity in rice subspecies using microsatellite markers. *Crop Sci.* 42: 601-607.
7. Khush, G. 2001. Green revolution: the way forward. *Nature Reviews Genetics* 2:815-822.
8. Lanza L., L. De Souza Jr., L.M. Ottoboni, M.L. Vieira y 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.
9. Liu K., M. Goodmand, S. Muse, S. Smith, E. Buckler y J. Doebley. 2003. Genetics structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites. *Genetics* 165: 2117-2128.
10. Melchinger, A. 1999. Genetic diversity and heterosis. *In: Coors y Pandey (eds.). The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops.* Crop Science Society of America. Madison, Wisconsin. pp. 99-118.
11. Rohlf, F. 2000. Ntsys-pc numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.70, Exeter Software Publ., Setanket, N. Y.
12. Sen, T., C. Andorf, M. Schaeffer, L. Harper, M. Sparks, J. Duvick, V. Brendel, E. Cannon, D. Campbell y C. Lawrence. 2009. MaizeGDB becomes 'sequence-centric' Database, the *Journal of Biological Databases and Curation* (doi: 10.1093/database/bap020).
13. Warburton M., X. Xianchun, J. Crossa, J. Franco, A. Melchinger, M. Frisch, M. Bohn y D. Hoisington. 2002. Genetic characterization of Cimmyt inbred maize lines and open pollinated populations using large scale fingerprinting methods. *Crop Sci.* 42: 1832-1840.
14. Xia, X., J. Rief, D. Hoisington, A. Melchinger, M. Frisch y M. Warburton. 2004. Genetic diversity among cimmyt maize inbred lines investigated with SSR markers: I. Lowland tropical maize. *Crop Sci.* 44: 2230-2237.