

# XII REUNION DE MAICEROS DE LA ZONA ANDINA

## MEMORIAS



Quito — Ecuador  
29 de Septiembre al 3 de Octubre de 1986  
Eloy Alfaro y Amazonas Teléfonos: 230 - 354  
Casilla No. 2600 230 - 355



INIAP - Estación Experimental Santa Catalina

## I N T R O D U C C I O N

En la sesión de clausura de la XI Reunión de Maiceros de la Zona Andina y II Latinoamericana de Maíz realizada en Palmira, Colombia, del 2 al 7 de diciembre de 1984, se decidió que la nueva sede para la Reunión de Maiceros de la Zona Andina sea el Ecuador.

El país acogió esta responsabilidad por intermedio del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), el cual organizó la XII Reunión de Maiceros de la Zona Andina del 29 de septiembre al 4 de octubre de 1986, en las Estaciones Experimentales del INIAP, "Santa Catalina" y "Pichilingue".

A esta cita acudieron científicos de Bolivia, Brasil, Colombia, Ecuador, Estados Unidos, México, Paraguay, Perú y Venezuela quienes presentaron los resultados de las investigaciones efectuadas en sus respectivos países. Este intercambio de experiencias en los diferentes campos de la investigación del maíz (Zea mays L.) constituyó un acontecimiento científico, gracias al alto nivel técnico de los trabajos presentados.

El Comité Organizador, el CIMMYT y el INIAP, tienen la satisfacción de poner al alcance de los investigadores del Maíz, las Memorias de la XII Reunión de Maiceros de la Zona Andina, en ellas se encuentran recopilados los trabajos presentados, constituyendo un documento idóneo de consulta para los investigadores dedicados al cultivo del maíz.

Ing. Juan Gerardo Vega V.

INIAP - Estación Experimental Santa Catalina

INIAP - Estación Experimental Santa Catalina

VARIACION GENETICA DE HERMANOS COMPLETOS DEL COMPLEJO  
PERUANO 5 EN BLOQUES COMPLETOS AL AZAR \*

Edison Silva C.  
Wilson Vásquez C.  
Suketoshi Taba

\*  
\*\*  
\*\*\*

RESUMEN

En 1984-1985 en la Estación Experimental "Santa Catalina" se evaluaron cien progenies de hermanos completos del complejo peruano 5- (Morocho Precoz) en diseño de Bloques Completos al Azar, y se determinó la variación genética existente entre las cien familias en los modelos de Parcela Total (analizando el rendimiento de las familias en un surco de 5 m de largo), Parcela Promedio (análisis de la sumatoria del rendimiento de 10 plantas individuales con competencia completa) y Plantas Individuales de las 10 plantas dentro de cada familia), cuyos valores de heredabilidad fueron de 41.26, 28.58 y 5.70<sup>o</sup>/o respectivamente.

En los análisis de parcela promedio y plantas individuales se realizó además estimaciones muestrales de la variancia, agrupando 5, 10 y 20 familias, con el objeto de determinar cual es el mejor estimador de la variancia poblacional, obteniéndose valores en heredabilidad de: 14.13, 12.22 y 28.62<sup>o</sup>/o en parcela promedio, y 2.42, 2.06 y 5.71<sup>o</sup>/o para plantas individuales. Estos resultados demuestran que la agrupación de 20 familias fue el mejor estimador de la variancia genética existente en la población.

---

\* Trabajo presentando en la Reunión de Maiceros de la Zona Andina. Quito, Ecuador, del 29 de septiembre al 4 de octubre de 1986.

\*\* Técnicos del Programa de Maíz. Estación Experimental Santa Catalina, INIAP. Apartado 340. Quito, Ecuador.

\*\*\* Ph.D. Asesor Técnico del CIMMYT

Cuadro 16

**VARIETADES TARDIAS DE ALTURA: RENDIMIENTO kg/ha COM 14% DE HUMEDAD**  
**EN 9 LOCALIDADES Y PRUEBA DE TUKEY AL 5%.**  
**ESTACION EXPERIMENTAL "SANTA CATALINA" INIAP 1985 - 1986**

Tratamientos	Estación Sta. Catalina	Cutuglahua Huasipungo	Uyumbicho Chilcapamba	Ambato	Quimiag	Cotacachi	Guaranda	Yaruquí	Salcedo
1. Huandango	324.8 C	2219.8 BC	3986.5	3695.8	4600.8 AB	4350.2 AB	3757.2 B	633.8 B	3843.5 AB
2. Pool 4	1059.8 ABC	4309.8 A	5684.0	3623.5	6679.2 A	5077.5 AB	5812.2 AB	889.0 B	4867.5 A
3. Pool 7	1248.9 ABC	4060.0 AB	5183.2	4267.8	5737.8 A	4430.2 AB	5458.0 AB	677.8 B	4810.5 A
4. Morocho Blanco Imb.	617.8 BC	2081.8 C	4456.2	2868.5	4545.2 AB	4219.2 AB	4972.5 AB	296.2 B	2852.5 AB
5. Morocho Amar. Imb.	545.5 BC	1984.2 C	4581.0	3111.8	3284.5 B	3121.0 B	4542.5 AB	916.5 B	2514.2 B
6. INIAP-180	2374.8 A	5019.2 A	5116.2	5376.8	6160.2 A	5002.5 AB	5068.5 AB	2042.0 A	4160.2 AB
7. INIAP-131	1182.2 ABC	4596.2 A	4581.2	5245.8	6716.8 A	5616.5 A	6607.8 A	1395.0 AB	5109.8 A
8. Pool 8	2059.8 AB	4580.2 A	5810.5	4751.8	6369.5 A	5278.8 A	5347.2 AB	1196.8 AB	4547.5 AB
$\bar{X}$ kg/ha	1176.7	3606.7	4924.9	4117.7	5511.8	4637.0	5195.8	1005.9	4088.2

## INTRODUCCION

Debido a la gran diversidad de microclimas presentes en los países de la Zona Andina, el mejoramiento del maíz se dificulta, más aún cuando no se conoce la proporción de la variabilidad genética existente en los materiales con los cuales el fitomejorador se encuentra trabajando.

El desarrollo de un programa efectivo de mejoramiento es dependiente de la existencia de variabilidad genética en los materiales en proceso de mejoramiento. A través de los años, varios investigadores han desarrollado y experimentado parámetros y diseños matemáticos para la estimación de la varianza genética, por medio de la descomposición de los cuadrados medios del análisis de variancia, aplicados a los diferentes métodos de selección utilizados en el mejoramiento del maíz (Sprague 1977, Hallauer y Miranda 1982).

La información sobre qué proporción de la variabilidad se debe a efectos genéticos, ha permitido a los investigadores escoger el método de selección más adecuado en su programa de mejoramiento, y ha sido posible comparar la eficiencia entre los diferentes métodos.

En la variedad Blanco Urubamba, Sevilla y Quevedo (1973), determinaron la existencia de variabilidad genética, pero no obtuvieron ganancia por medio de los métodos: selección masal, y mazorca hilera modificada. Lo cual fue explicado por Salwana et al (1975), que la falta de ganancia en esta variedad, se debe a que la variancia aditiva para rendimiento fue muy pequeña, opinándose que el método más adecuado para elevar el rendimiento debe ser alguna forma de hibridación.

Caviedes y Taba (1984), reportaron la existencia de suficiente variación genética en la población Amarillo Duro Intermedio la cual puede responder por selección para mayor rendimiento.

La existencia de variabilidad también ha sido reportada en varias poblaciones y genotipos de tierras altas (Caviedes y Taba 1984); (Taba y Granados 1984), aunque su magnitud no ha sido medida a través de diseños o parámetros genéticos.

Paliwal y Sprague (1981), obtuvieron una ganancia promedio de 3.4% en rendimiento en 13 poblaciones tropicales por medio de selección recurrente de hermanos completos. Los que demuestran la existencia de variabilidad genética en esas poblaciones, complejos genéticos y variedades de la Zona Andina.

El presente trabajo tiene como objetivo determinar la variabilidad genética existente entre cien familias de hermanos completos del Complejo peruano 5 (Morocho Precoz) y obtener mediante agrupaciones muestrales de 5, 10 y 20 familias información de la cual es el mejor estimador de la variabilidad genética existente en la población.

## MATERIALES Y METODOS

En el ciclo agrícola 1983-84, en el Programa Nacional de Mejoramiento de Maíz del Perú, del Complejo Peruano 5 (Morocho Precoz) se generaron cien familias de hermanos completos, las cuales se evaluaron en la Sección Oriental de la Estación Experimental "Santa Catalina" del INIAP en el ciclo agrícola 1984-85. en un diseño de bloques Completos al Azar con dos repeticiones.

Las cien familias se agruparon en diez bloques, aleatorizando bloques y familias dentro de bloques en cada repetición. Cada familia se sembró en un surco de 5 m de largo x 0.80 m de ancho, en 11 sitios distanciados a 0.50 m con 2 plantas por sitio, lo que representa una densidad de 50.000 plantas/hectárea. Se realizó la fertilización con 82 kg de Nitrógeno, 92 kg de Fósforo y 0 kg de Potasio/ha.

A la cosecha en la parcela total se tomaron los siguientes datos: acame de raíz (%), acame de tallo (%), número de plantas, porcentaje de desgrane, porcentaje de humedad y peso de campo con el cual se calculó el rendimiento ajustado al 14% de humedad. Además se anotó el peso individual de 10 plantas que presentaban competencia completa dentro de cada parcela, e igualmente se hizo el ajuste al 14% de humedad

Los análisis estadísticos se realizaron en diseño de Bloques Completos al Azar tanto para la parcela total, parcela promedio (rendimiento total de las 10 plantas individuales) y para plantas individuales. En estos dos análisis se realizó las agrupaciones muestrales de la variancia en grupos de 5, 10 y 20 familias, con el fin de determinar cual de estas estima mejor a la variancia de la población (cien familias). Para esto se tomó en cuenta la secuencia aleatorizadas de las familias dentro de los bloques de la primera repetición.

Para los grupos 5, se dividió los bloques de 10 familias en dos grupos (Caso 1), en el caso 2, cada bloque constituyó un grupo, y en el caso 3 se agrupó las familias de dos bloques contiguos.

Los modelos y esperanza de cuadrados medios tanto para parcela promedio y plantas individuales, en cada una de las agrupaciones se presentan en la Tabla 1.

Para el caso de la parcela total y parcela promedio se calculó la heredabilidad de acuerdo con la siguiente fórmula:

$$h^2 = \frac{G_f^2}{G_f^2 + G^2_{fr}}$$

Para el análisis de plantas individuales la heredabilidad se calculó por medio de la siguiente fórmula

$$h^2 = \frac{G^2_f}{G^2_f + G^2 + G^2_w}$$

## RESULTADOS

En la Tabla 2 se presentan los análisis de variancia para número de plantas cosechadas, acame de raíz, acame de tallo y rendimiento de la parcela total del Completo Peruano 5. Observándose que para familias este complejo presentó diferencias estadísticas al nivel del 1<sup>o</sup>/o en todos los caracteres analizados. Para repeticiones presentó diferencias estadísticas al nivel del 1<sup>o</sup>/o en las variables acame de raíz y acame de tallo, mientras que, no presentó diferencias estadísticas para número de plantas cosechadas y rendimiento. Los coeficientes de variación que se determinaron para cada una de las variables son de: 5.70, 132.87, 61.24 y 19.24<sup>o</sup>/o para número de plantas cosechadas, acame de raíz, acame de tallo y rendimiento, respectivamente.

La heredabilidad estimada en este análisis es de 41.26<sup>o</sup> para rendimiento, con un coeficiente de variación genética de 11.40<sup>o</sup>/o.

En la Tabla 3 se presentan los análisis de variancia, estimación de la variancia genética, heredabilidad y coeficientes de variación genética para rendimiento, de las estimaciones muestrales de familias en el com-

pleto 5, basado en la parcela promedio, encontrándose diferencias estadísticas al nivel del 5<sup>o</sup>/o para familias en el muestreo de 20 y con las cien familias, y no se detectaron diferencias en las agrupaciones de 5 y 10 familias; además se detectó significación estadística al nivel del 1<sup>o</sup>/o entre grupos de familias, en las agrupaciones muestrales de 5 y 10 familias, no así en el caso de grupos de 20 familias. Los valores para la heredabilidad fueron de 14.13, 12.22, 28.62 y 28.58<sup>o</sup>/o para las agrupaciones de 5, 10, 20 y las cien familias respectivamente. Los coeficientes de variación genética encontrados para estas agrupaciones fueron de 5.4, 4.9, 8.4, 8.4<sup>o</sup>/o respectivamente.

En la Tabla 4 se presentan los análisis de variancia, estimación de la variancia genética, heredabilidad y coeficientes de variación genética para rendimiento de las estimaciones muestrales de familias, en análisis de las plantas individuales. Encontrándose que para las diferentes agrupaciones muestrales, las diferencias estadísticas entre familias y entre grupos de familias, presentan similar significación que en el análisis de la parcela promedio ya descrita; además se detectó diferencias estadísticas al nivel del 1<sup>o</sup>/o para familias (total) x repetición en todas las agrupaciones. En estos dos análisis, parcela promedio y plantas individuales no se detectaron diferencias estadísticas para repeticiones en todos los casos de agrupaciones. Los valores para la heredabilidad en las agrupaciones de 5, 10, 20 y las cien familias fueron de: 2.42, 2.06, 5.71 y 5.70<sup>o</sup>/o respectivamente, mientras los coeficientes de variación genética presentaron valores de 5.4, 4.9, 8.4 y 8.4<sup>o</sup>/o respectivamente.

Para todas las agrupaciones muestrales analizados en parcela promedio como en plantas individuales, se realizó la prueba de homogeneidad de las variancias (Barlett) entre grupos de familias, encontrándose que en todos los casos presentaron homogeneidad.

## DISCUSION Y CONCLUSIONES

La heredabilidad calculada en base a la parcela total fue alta (41.26<sup>o</sup>/o) debido posiblemente a que en la variancia de familias se encuentran enmascarados el efecto de otros factores no controlados que interfirieron en el número de plantas presentes en el ensayo. Mientras que en el análisis de parcela promedio la heredabilidad fue de 28.58<sup>o</sup>/o, debido a que se eliminaron estos efectos al tomar 10 plantas con competencia completa para cada familia.

Es importante indicar que de las 20 familias que presentaron los mayores rendimientos en el análisis de parcela total, 16 de ellas también lo hicieron en el análisis de parcela promedio. Al hacer la selección de las 10 mejores familias de la población, 9 de ellas coinciden en los dos tipos de análisis. Por lo que se podría indicar que la selección de las familias superiores fue eficiente con cualquiera de los dos métodos.

La magnitud de los cuadrados medios para familias para la agrupación de 20 y las 100 familias fueron casi similares, y es así que se puede notar claramente que al agrupar 20 familias, su conjunto estima de una mejor manera a la variancia poblacional, lo que quiere decir que un tamaño de muestra del 20<sup>o</sup>/o de las familias puede ser un indicador de la variancia existente en la población (cien familias). Se puede notar además que las magnitudes de los cuadrados medios para grupos de familias en las agrupaciones de 5 y 10 familias fueron altas, pero los cuadrados medios para familias fueron pequeños, esto se debe posiblemente a que la variación entre grupos de familias (bloques), está confundido con el promedio del comportamiento de las familias entre bloques.

#### LITERATURA CITADA

- CAVIEDES, M y TABA, S. 1984. *Variación de genotipos y predicción por selección del primer ciclo de hermanos completos de maíz de altura Amarillo Duro Tardío. XI Reunión de Maiceros de la Zona Andina y II Reunión Latinoamericana de Maíz. Palmira, Colombia. 2-7 diciembre*
- 1984. *Reporte sobre varios genotipos de Maíz de tierras altas en el Ecuador. XI Reunión de Maiceros de la Zona Andina y II Reunión Latinoamericana de Maíz. Palmira, Colombia. 2-7 diciembre*
- HALLAUER, A.R. and MIRANDA, J.B. 1982. *Quantitative Genetics in Maize Breeding Iowa, State University Press, Amex, Iowa 50010. United States of America*
- PALIWAL, R.L. SPRAGUE, W.E. 1981. *Improving Adaptation and Yield Dependability in Maize in the Developing World. CIMMYT, El Batán, México.*
- SALWANA, W. QUEVEDO, S y SEVILLA, R. 1975. *Estimación de variancias genéticas en la variedad de maíz Blanco Urubamba. Informativo del maíz, Universidad Nacional Agraria LA MOLINA, Lima, Perú.*
- SEVILLA, R.P. y S. QUEVEDO, *Respuesta a la selección masal en tres poblaciones de maíz de la sierra del Perú V Reunión de Maiceros de la Zona Andina. CIAT, Colombia.*
- SILVA C. EDISON, 1986. *Evaluación de progenies y variedades experimentales de diferentes tipos de maíz tardío (Zea mays L.) en el Ecuador, Tesis Ing. Agrónomo, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador, 115 p.p.*
- SPRAGUE, G.F., and EBERHART, S.A., 1977, *Corn Breeding pp 305-362, In Sprague, G.F. (ed). Corn and corn improvement, Am, Soc Agron., Madison, Wis.*
- TABA, S. y GRANADOS. G., 1984. *Avances en el Programa de Mejoramiento de maíz de altura del CIMMYT para la Zona Andina durante 1983-84 XI Reunión de Maiceros de la Zona Andina y II Reunión Latinoamericana de Maíz. Palmira, Colombia, 2-7 diciembre*



## AGRADECIMIENTO

*Los autores agradecen a los Ingenieros Mario Galarza, Mario Caviedes y Francisco Moreno, Técnicos del Programa de Maíz de la Estación Experimental "Santa Catalina", por la colaboración brindada. Igualmente al Ing. Gabriel Suárez por su valiosa cooperación en el procesamiento y análisis de los datos.*

**TABLA 1**      **MODELOS LINEALES Y DEL ANALISIS DE VARIANCIA PARA LAS AGRUPACIONES DE FAMILIAS. ANALISIS DE LA PARCELA PROMEDIO Y PLANTAS INDIVIDUALES**

**MUESTREO POR GRUPOS DE FAMILIAS**

MODFLO LINEAL  $Y_{ijkl} = \mu + r_i + \left[ \left( \sum_{k=1}^K F_{gk} \right) j + G_L \right] + e_{ijk} + W_{ijkl}$

CASO 1	i = 1... 2;	j = 1... 5;	k = 1... 20;	l = 1... 10
CASO 2	i = 1... 2;	j = 1... 10;	k = 1... 10;	l = 1... 10
CASO 3	i = 1... 2;	j = 1... 20;	k = 1... 5;	l = 1... 10
CASO 4:	i = 1... 2;	j = 1... 100;	k = 0	l = 1... 10

Donde i = No. de repeticiones; j = No. de familias por grupo; k = No. de grupos y l = No. de muestras por familias

**MODELO DEL ANALISIS DE VARIANCIA**

F.V.	G.L.	ESPERANZA DE CUADRADOS MEDIOS	
		PARCELA PROMEDIO	PLANTAS INDIVIDUALES
Repeticiones	r-1		
Fam. (Pooles de grupos)	(j-1) k	$M1\sigma^2 + r\sigma^2_f$	$M1\sigma^2_w + \sigma^2 + r\sigma^2_{f(G)}$
Grupos de Fam	(K-1)	$M2\sigma^2 + r\sigma^2_{(G)}$	$M2\sigma^2_w + \sigma^2 + r\sigma^2_{(G)}$
Fam. (Total)			
x Repet	(jk-1)(r-1)	$M3\sigma^2$	$M3\sigma^2_w + \sigma^2$
Dentro de Fam	jk(r-1)		$M4\sigma^2_w$

Estimación de las variancias:

**PARCELA PROMEDIO**

$$\sigma^2_f = \frac{M1 - M3}{r}$$

$$\sigma^2_F = \sigma^2_f + \sigma^2_{b^2/r}$$

Donde:  $\sigma^2_f$  = Variancia entre familias;  $\sigma^2$  = Variancia del error

(fam. x Rept.);  $\sigma^2_w$  = Error del muestreo  $\sigma^2_F$  = Variancia fenotípica

**PLANTAS INDIVIDUALES**

$$\sigma^2_{f(G)} = \frac{M1 - M3}{r}$$

$$\sigma^2_F = \sigma^2_{f(G)} + \sigma^2 + \sigma^2_w$$

TABLA 2. CUADROS MEDIOS DE LOS ANALISIS DE VARIANCIA PARA NUMERO DE PLANTAS COSECHADAS; ACAME DE RAIZ, ACAME DE TALLO Y RENDIMIENTO DE LA PARCELA TOTAL DEL COMPLEJO 5 (MOROCHO PRECOZ)

FUENTES DE VARIACION	G.L.	C U A D R O S M E D I O S			
		NUMERO DE PLANTAS COSECHADAS	ACAME DE RAIZ °/o	ACAME DE TALLO °/o	RENDIMIENTO kg/ha
Repeticiones	1	0.25 <sup>NS</sup>	1405.56 **	717.83**	939327.9 <sup>NS</sup>
Familias	99	5.88 **	169.95 **	323.33 **	1961590.5 **
Fam. x Repeticiones	99	1.42	104.48	98.46	1152308.1
X		20.90	7.69	16.20	5578.0
C.V.°/o		5.70	132.87	61.24	19.24
		Variancias: $\sigma^2 f$ = 404641.2 $\sigma^2 F$ = 980795.3 Heredabilidad $h^2$ = 41.26°/o Coefi. Var. Genét. C.V.G.(°/o) = 11.40°/o			

TABLA 3. ANALISIS DE VARIANCIA, ESTIMACION DE LA VARIANCIA GENETICA, HEREDABILIDAD Y COEFICIENTES DE VARIACION GENETICA PARA RENDIMIENTO DE LAS AGRUPACIONES MUESTRALES EN EL COMPLEJO PERUANO 5 (MOROCHO PRECOZ) 1/

FUENTES DE VARIACION	GRUPOS DE 5 FAMILIAS		GRUPOS DE 10 FAMILIAS		GRUPOS DE 20 FAMILIAS		CIEN FAMILIAS	
	G.L.	C.M.	G.L.	C.M.	G.L.	C.M.	G.L.	C.M.
REPETICIONES	1	15658.5 <sup>NS</sup>	1	15658.5 <sup>NS</sup>	1	15658 <sup>NS</sup>	1	15658.5 <sup>NS</sup>
FAMILIAS	80	55995.1 <sup>NS</sup>	90	54782.4 <sup>NS</sup>	95	67362.4*	99	67331.5*
<b>GRUPOS DE FAMILIAS</b>	<b>19</b>	<b>115063.6**</b>	<b>9</b>	<b>192822.2**</b>	<b>4</b>	<b>66597.5<sup>NS</sup></b>		
MANILIAS x REPETICIONES	99	48085.4	99	48085.4	99	48085.4	99	48085.4
<hr/>								
VARIANCIAS:	$\sigma^2_f$	=	3954.9	3348.5	9638.5	9623.1		
	$\sigma^2_f$	=	27997.6	27391.2	33681.2	33665.8		
HEREDABILIDAD $h^2$ %		=	14.13	12.22	28.62	28.58		
C.V.G. (%)		=	5.4	4.9	8.4	8.4		

1/ Análisis de la parcela promedio (Sumatoria de los datos de las diez plantas individuales).

TABLA 4. ANALISIS DE VARIANCIA, ESTIMACION DE LA VARIANCIA GENETICA, HEREDABILIDAD Y COEFICIENTES DE VARIACION GENETICA PARA RENDIMIENTO DE LA AGRUPACIONES EN EL COMPLEJO PERUANO 5. (MOROCHO PRECOZ ) 1/

FUENTES DE VARIACION	GRUPOS DE 5 FAMILIAS		GRUPOS DE 10 FAMILIAS		GRUPOS DE 20 FAMILIAS		CIEN FAMILIAS	
	G.L.	C.M.	G.L.	C.M.	G.L.	C.M.	G.L.	C.M.
REPETICIONES	1	1566.5 <sup>NS</sup>		1566.5 <sup>NS</sup>	1	1566.5 <sup>NS</sup>	1	1566.5 <sup>NS</sup>
FAMILIAS	80	5599.5 <sup>NS</sup>	90	5478.3 <sup>NS</sup>	95	6736.2*	99	6732.2*
GRUPOS DE FAMILIAS	19	11506.4**	9	19282.2**	4	6659.8 <sup>NS</sup>		
FAM. (Total)x REPETICIONES	99	4808.5**	99	4808.5**	99	4808.5**	99	4808.5**
DETRO DE FAMILIAS	1800	1233.5	1800	1233.5	1800	1233.5	1800	1233.5
<b>Variancia:</b>	$\sigma^2_f$	= 39.55		33.49		96.39		96.23
	$\sigma^2_f$	= 1630.53		1624.47		1687.37		1687.22
<b>Heredabilidad h<sup>2</sup> %</b>		= 2.42		2.06		5.71		5.70
<b>C. V. G. (% )</b>		= 5.04		4.09		8.04		8.04

1/ Analisis de plantas individuales.