



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

**POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD
GENÉTICA**

**MODELADO DE LA INTERACCIÓN DE HÍBRIDOS TROPICALES DE MAÍZ
EN AMBIENTES MÚLTIPLES**

AGUEDA LOZANO RAMIREZ

T E S I S

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

MAESTRA EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MÉXICO

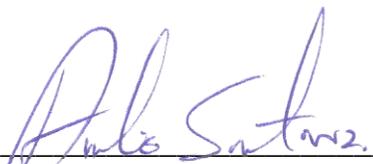
2014

La presente tesis titulada **Modelado de la interacción de híbridos tropicales de maíz en ambientes múltiples**, realizada por la alumna **Águeda Lozano Ramírez**, 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



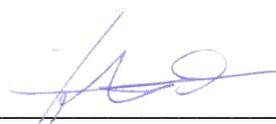
Dr. Amalio Santacruz Varela

DIRECTOR DE TESIS



Dr. Félix San Vicente García

ASESOR



Dr. José Crossa Hiriart

ASESOR



Dr. José D. Molina Galán

Montecillo, Texcoco, Estado de México, abril de 2014

AGRADECIMIENTOS

Agradezco primeramente a **Dios Padre, Dios Hijo y Dios Espíritu Santo**, por permitirme terminar, lo que un día empecé.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT)

Al Colegio de Postgraduados, PREGEP-Genética

A cada uno de los integrantes de mi Consejo Particular

Al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMyT)

A todas y cada una de las personas que de una u otra manera estuvieron involucradas en este trabajo. Que Dios las bendiga.

DEDICATORIA

Toda corona a ti rendiré oh **Dios**, hoy rindo esta corona a Ti.

Especialmente a mis padres †**Silvia** y †**Noé**, que a pesar de los momentos difíciles que pase por su ausencia, me levante una vez más, aunque no están conmigo en cuerpo, pero sus palabras siguen dentro de mi como testimonio fiel.

A cada una de mis hermanas, por su apoyo, no solo como un vínculo carnal, sino como mis amigas y compañeras de toda mi vida.

A Mí.

CONTENIDO

	Página
RESUMEN	vii
ABSTRACT	viii
INDICE DE CUADROS	ix
INDICE DE FIGURAS	x
INDICE DE CUADROS DEL ANEXO	xi
I. INTRODUCCIÓN	1
1.1 Planteamiento del problema.....	1
1.2 Objetivos.....	1
1.3 Hipótesis.....	2
II. REVISION DE LITERATURA	3
2.1 El concepto de interacción genotipo x ambiente.....	3
2.2 Implicaciones de la interacción genotipo x ambiente en el fitomejoramiento.....	4
2.3 Uso de modelos estadísticos para modelar la interacción.....	5
2.4 El modelo AMMI (Efectos Principales Aditivos e Interacción Multiplicativa).....	6
2.5 Modelos de regresión en los sitios (SREG).....	8
2.6 Modelación de la estructura de covarianza xFA.....	10
III. MATERIALES Y MÉTODOS	13
3.1 Material genético.....	13
3.2 Ubicación de los ensayos.....	13
3.3 Diseño y unidad experimental.....	13
3.4 Establecimiento y conducción de los experimentos.....	15

3.5 Variables evaluadas.....	16
3.6 Análisis estadístico.....	17
IV. RESULTADOS Y DISCUSION.....	20
4.1 Análisis de varianza.....	20
4.1.2 Análisis de varianza individuales por localidad.....	20
4.1.3 Análisis de varianza combinados a través de localidades....	25
4.2 Método AMMI.....	27
4.3 Evaluación de agrupamiento de ambientes y genotipos con SREG con dos componentes: FA.....	35
V. CONCLUSIONES.....	45
VI. LITERATURA CITADA.....	46
ANEXO.....	51

MODELADO DE LA INTERACCIÓN DE HÍBRIDOS TROPICALES DE MAÍZ EN AMBIENTES MÚLTIPLES

Agueda Lozano Ramírez, M.C.

Colegio de Postgraduados, 2014

Los programas de mejoramiento a través de hibridación se enfocan a la obtención de mayores rendimientos, por lo que es necesario determinar los mejores ambientes predictores de su comportamiento; la interacción genotipo-ambiente (GA) puede interferir en dicha predicción y así complicar la selección. Con la finalidad de predecir el rendimiento, y estudiar la interacción GA se utilizaron diferentes modelos estadísticos. Se realizó un estudio con un grupo de 32 híbridos blancos y otro grupo de 24 híbridos amarillos del Programa Global de Maíz del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo, en 15 y 16 ambientes de América tropical respectivamente, cada uno en un diseño experimental en α -látice con 3 repeticiones. Se evaluaron seis variables a las cuales se les practicó análisis de varianza individual y combinado. La variable rendimiento se sometió a los análisis de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) y análisis de regresión de sitios (SREG) con estructura FA, para modelar la interacción GA. El análisis AMMI mostró que un grupo de tres localidades (de Guatemala, México y Nicaragua) aportaron más a la interacción para el grupo de híbridos de endospermo blanco, y lo mismo ocurrió en otro grupo diferente de tres localidades de los mismos países para los híbridos de endospermo amarillo. El método SREG permitió identificar para híbridos de endospermo blanco dos grandes grupos de ambientes, uniendo ambientes pertenecientes a diferentes países, por la relación existente de características edafoclimáticas en común; mientras que para el grupo de híbridos de endospermo amarillo se observaron tres mega-ambientes marcados. El método SREG FA es eficiente para agrupar conjuntos de ambiente y genotipos con baja interacción.

Palabras clave: AMMI, SREG FA

MODELING THE INTERACTION OF TROPICAL MAIZE HYBRIDS IN MULTIPLE ENVIRONMENTS

Águeda Lozano Ramírez M. Sc.

Colegio de Postgraduados, 2014

Breeding programs through hybridization focus on obtaining higher yields, so it is necessary to determine the best predictors of their behavior environments, genotype- environment (GA) interaction can interfere with this prediction and thus complicate the selection. In order to predict yield, and to study the interaction GA different statistical models were used. A study with a group of 32 white hybrids and another group of 24 yellow hybrid of the International Center for the Improvement of Maize and Wheat , 15 and 16 environments tropical respectively Americas Global Maize Program was conducted , each in an experimental design α - lattice design with 3 replications . Six variables which underwent combined analysis of variance were individually evaluated. The performance variable is subjected to the analysis of additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) and regression analysis of sites (SREG) , to model the interaction GA . The AMMI analysis showed that a group of three locations (Guatemala, Mexico and Nicaragua) contributed most to the interaction for the group of hybrids of white endosperm, and so did another group of three different locations in the same countries for hybrid yellow endosperm . The SREG method allowed to identify hybrids of two major groups of white endosperm environments, linking environments belonging to different countries, the relationship of edaphoclimatic features in common, while for the group of hybrid yellow endosperm three mega - environments were observed marked . The SREG method is efficient to group sets of genotypes with low environment and interaction.

Key Word: AMMI, SREG FA

INDICE DE CUADROS

		Página
Cuadro 1	Híbridos trilineales de endospermo Blanco QPM y normal de maíz evaluados en el estudio. Ciclo B, 2012.....	14
Cuadro 2	Híbridos trilineales y dobles tropicales de endospermo amarillo QPM y normal. Ciclo B, 2012.....	15
Cuadro 3	Ubicación geográfica de las localidades donde se establecieron los ensayos.....	16
Cuadro 4	Análisis combinado a través de localidades para las variables rendimiento de grano, días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz, acame de tallo y mazorcas podridas para 29 híbridos de endospermo blanco evaluados en 15 ambientes de América Tropical	26
Cuadro 5	Análisis combinado a través de localidades para las variables rendimiento de grano, días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz y acame de tallo para 20 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 16 ambientes de América Tropical.....	27
Cuadro 6	Prueba de Gollob utilizada para obtener la significancia de los componentes del modelo multiplicativo AMMI para los 29 híbridos de endospermo blanco evaluados en 15 ambientes	28
Cuadro 7	Prueba de Gollob mostrando la significancia de los componentes del modelo multiplicativo AMMI para 20 híbridos tropicales de endospermo amarillo evaluados en 16 ambientes.....	31

INDICE DE FIGURAS

	Página
Figura 1. Gráfico biplot de la contribución de los genotipos y de los ambiente a la interacción representada mediante los ejes de los dos primeros componentes principales para el rendimiento de los 29 híbridos evaluados en 15 ambientes.....	29
Figura 2. Grafico biplot de la contribución de los genotipos y de los ambientes a la interacción, representada mediante los ejes de los dos primeros componentes principales para el rendimiento de 20 híbridos tropicales de endospermo amarillo evaluados en 16 ambientes.....	33
Figura 3. Grafico biplot del SREG FA con los dos componentes de los datos de rendimiento de grano de 29 genotipos tropicales de grano blanco y 15 ambientes.....	36
Figura 4. Dendrograma de 15 ambientes de los datos de rendimiento de grano de 29 híbridos de maíz de endospermo blanco, usando los dos componentes de SREG FA para los ambientes bajo evaluación.....	37
Figura 5. Dendrograma para los 29 genotipos tropicales de maíz con endospermo blanco agrupados por su rendimiento de grano utilizando los dos componentes de los genotipos del SREG FA.....	39
Figura 6. Grafico biplot del SREG FA con los dos componentes de los datos de rendimiento de grano de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo, evaluados en 16 ambientes...	40
Figura 7. Dendrograma mostrando el agrupamiento de 16 ambientes para producción de híbridos de maíz de endospermo amarillo usando los dos componentes de SREG FA.....	42
Figura 8. Dendrograma que muestra la agrupación de 20 genotipos de maíz tropical con endospermo amarillo, usando las cargas de los genotipos de SREG FA.....	44

INDICE DE CUADROS DEL ANEXO

	Página
Cuadro 1A. Análisis de varianza por localidad para rendimiento de grano de 32 híbridos de endospermo blancos evaluados en 15 ambientes	52
Cuadro 2A. Análisis de varianza por localidad para días a floración masculina de grano de 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 14 ambientes	53
Cuadro 3A. Análisis de varianza por localidad para días a floración femenina de grano de los 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 14 ambientes	54
Cuadro 4A. Análisis de varianza por localidad para acame de raíz de los 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 12 ambientes	55
Cuadro 5A. Análisis de varianza por localidad para acame de tallo de los 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 11 ambientes	56
Cuadro 6A. Análisis de varianza por localidad para acame de tallo de los 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 14 ambientes	57
Cuadro 7A. Promedio del rendimiento de grano (t ha ⁻¹) de 29 híbridos tropicales de maíz de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 15 ambientes.....	58
Cuadro 8A. Promedio de la variable días a floración masculina de 29 híbridos de maíz tropical de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 14 ambientes	60
Cuadro 9A. Promedios de la variable días a floración femenina de 29 híbridos tropicales de maíz de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 14 ambientes	62
Cuadro 10A. Promedio de acame de raíz (%) de 29 híbridos tropicales de maíz de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 12 ambientes de América tropical	64

INDICE DE CUADROS DEL ANEXO

	Página
Cuadro 11A. Promedio de acame de tallo (%) de 29 híbridos tropicales de maíz de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 11 ambientes de América tropical	66
Cuadro 12A. Promedio de mazorcas podridas (%) de 29 híbridos tropicales de maíz de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 14 ambientes de América tropical	68
Cuadro 13A. Análisis de varianza individual para rendimiento de grano de 24 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 16 ambientes	70
Cuadro 14A. Análisis de varianza para días a floración masculina de grano de 24 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 15 ambientes	71
Cuadro 15A. Análisis de varianza individual para días a floración femenina de 24 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 15 ambientes	72
Cuadro 16A. Análisis de varianza para acame de raíz de 24 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 14 ambientes	73
Cuadro 17A. Análisis de varianza individual para acame de tallo de 24 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 14 ambientes.....	74
Cuadro 18A. Promedio del rendimiento de grano ($t\ ha^{-1}$) de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo y cuatro testigos evaluados en 16 ambientes.....	75
Cuadro 19A. Promedio de días a floración masculina de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo y cuatro testigos evaluados en 15 ambientes	77
Cuadro 20A. Promedio de días a floración femenina de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo y cuatro testigos evaluados en 15 ambientes.....	79

INDICE DE CUADROS DEL ANEXO

	Página
Cuadro 21A. Promedio de acame de raíz de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo y cuatro testigos evaluados en 14 ambientes	81
Cuadro 22A. Promedio de acame de tallo de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo y cuatro testigos evaluados en 14 ambientes	83

I. INTRODUCCIÓN

1.1. Planteamiento del problema

Uno de los principales retos de un programa de fitomejoramiento es la obtención de genotipos con mayores rendimientos, para lo cual es deseable determinar buenos ambientes predictores del comportamiento de los genotipos, generalmente enmascarado por la interacción genotipo-ambiente y por lo tanto complicando la selección.

Uno de los puntos que se persigue es modelar el rendimiento en distintos ambientes haciendo uso de diferentes modelos estadísticos para hacer una predicción más exacta de los genotipos en ambientes particulares. El conocimiento de la magnitud y la dirección o sentido de la interacción GA es de suma importancia para el fitomejorador en la toma de decisiones.

La diferente respuesta de los genotipos cuando están sujetos a diferentes ambientes ha sido encontrada en muchos organismos, e ignorar su existencia puede conducir a decisiones erróneas en la recomendación de genotipos óptimos para un ambiente determinado, pudiendo causar pérdidas para los agricultores.

Con base en lo anterior, en este trabajo se estudió el rendimiento y la interacción de híbridos tropicales de maíz en ambiente múltiples, con los objetivos e hipótesis siguientes:

1.2. Objetivos

- a) Modelar el rendimiento de un grupo de híbridos de maíz blanco y de un grupo de maíces amarillos en distintos sitios de clima tropical.

- b) Estudiar la interacción genotipo \times ambiente mediante distintos modelos estadísticos.
- c) Visualizar el agrupamiento de genotipos y ambiente (megambientes) con patrones similares de respuesta.

1.3. Hipótesis

- a) La aplicación de métodos estadísticos multivariados es eficaz en el estudio de la interacción genotipo \times ambiente.
- b) Existen sitios con mayor representatividad que otros para la evaluación de híbridos en un programa de mejoramiento genético de maíz.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. El concepto de interacción genotipo x ambiente

Márquez (1976) menciona que la interacción genotipo por ambiente es el comportamiento genético diferencial que exhiben los genotipos cuando se les somete a diferentes ambientes. Chaves (2001) indica que la interacción genotipo por ambiente debe ser abordada como un fenómeno biológico en sus aplicaciones en el mejoramiento de plantas y no, como un simple efecto estadístico

Gauch y Zobel (1997) explican la importancia de la interacción genotipo ambiente mencionando que “si no hubiera interacción, en una sola variedad de maíz o cualquier otro cultivo se podría alcanzar aquella que rendiría más en todo el mundo y además el ensayo de cultivos se podría realizar en una sola ubicación y proporcionar resultados universales”. La interacción genotipo-ambiente ocurre cuando hay respuestas diferentes de los genotipos en diferentes ambientes. Esta interacción merece gran importancia en la evaluación de híbridos desarrollados para diferentes circunstancias de producción.

Los trabajos clásicos sobre la interacción genotipo x ambiente son el de Bucio (1966) y el de Eberhart y Russell (1966). El primero establece por primera vez que existe una relación lineal entre los efectos de interacción genotipo-ambiente y los de los ambiente, y desarrolla un modelo de regresión lineal que establece dicha relación. El segundo establece un modelo fenotípico que permite estimar los parámetros de estabilidad ecológica de un genotipo y define el concepto de “variedad estable”. Posteriormente, Márquez (1976) hace una revisión de la interacción genotipo-ambiente y sus implicaciones en el mejoramiento genético vegetal.

Se han realizado análisis segmentados de la información en el estudio de la interacción genotipo x ambiente como el de Verma *et al.* (1978), quienes utilizaron los parámetros de estabilidad de Eberhart y Russell (1966) para analizar la

producción de grano. Verma *et al.* (1978) separaron los ambientes con base en sus índices (sitios de alto rendimiento y sitios de bajo rendimiento) y realizaron el análisis correspondiente para cada grupo de sitios; además, propusieron una nueva clasificación de los genotipos.

Tanto los factores bióticos y abióticos son los principales contribuyentes de la interacción genotipo por ambiente y producen inestabilidad en los cultivos.

2.2. Implicaciones de la interacción genotipo × ambiente en el fitomejoramiento

De acuerdo con Pandey y Vargas (1985), generalmente los programas de mejoramiento intentan desarrollar variedades estables en su rendimiento y otros atributos deseables a través de un amplio rango de condiciones ambientales. El principal problema que el mejorador de plantas tiene que encarar para obtener un genotipo ideal es lo impredecible de la dirección y magnitud de la interacción GA. Entre los factores cuyas causas son desconocidas, y por lo tanto no manejables, figuran los errores en el desarrollo fisiológico, en general, los caracteres relacionados con los procesos metabólicos tales como el crecimiento, la fertilidad así como el rendimiento de grano en cereales, son altamente influenciados por los factores del medio externo como factores de tipo nutricional y materno, factores climáticos, técnica experimental deficiente y errores de medición (Molina, 1992).

Los fitomejoradores han reconocido durante mucho tiempo los efectos de la interacción GA en los programas de mejoramiento genético de las especies. El conocimiento de la naturaleza y magnitud de la interacción contribuye significativamente a determinar el número de ambiente de evaluación en los que los genotipos deben ser evaluados con el objetivo de lograr la precisión necesaria para medir las diferencias entre genotipos (Yan y Kang, 2003). Sprague y Eberhart

(1977) recomiendan aumentar el número de ambientes para los ensayos si la interacción GA se debe a factores ambientales impredecibles.

2.3. Uso de modelos estadísticos para modelar la interacción

La presencia de interacción GA en ensayos de rendimiento multiambiente se expresan como respuestas inconsistentes de algunos genotipos con respecto a otros en diferentes ambientes. Varios modelos se utilizan comúnmente para describir la respuesta media de los genotipos a través de ambientes y para estudiar e interpretar la interacción interacción GA en experimentos agrícolas: modelos lineales, modelos bilineales y modelos lineal-bilineal (Crossa, 1990). Los modelos de efectos fijos lineal-bilineal, como el de regresión en los sitios (SREG) (Cornelius *et al.*, 1996; Crossa y Cornelius, 1997) y el de efectos principales aditivos e interacción multiplicativo (AMMI) (Gauch, 1988; Gauch y Zobel, 1997) se utilizan para el estudio de los patrones de respuesta genotípica a través de ambientes. En estos modelos los patrones de respuesta de los genotipos y ambientes se pueden visualizar gráficamente utilizando la técnica de biplot (Gabriel, 1971; Kempton, 1984), que permite al mejorador observar el genotipo de alto rendimiento en una o varias regiones o subregiones y en uno o varios ambientes.

Los modelos lineales mixtos como el AMMI y SREG han sido ampliamente aceptados y utilizados para el análisis multiambiente en el fitomejoramiento (Piepho, 1998; Crossa *et al.*, 2006; Burgueño *et al.*, 2008). Los modelos conducen naturalmente a una forma análisis de factores de la varianza-covarianza genética para ambientes que es más parsimoniosa y flexible que otras estructuras de covarianza (Piepho, 1997; 1998). Como se trata de modelos lineal-bilineal mixtos, también tienen ventajas tales como que la varianza del error se puede modelar fácilmente, en particular la heterogeneidad de los bloques, la varianza del error entre ambientes y la correlación espacial dentro de ambientes, y que los datos incompletos se manejan con mayor facilidad.

2.4. El modelo AMMI (Efectos Principales Aditivos e Interacción Multiplicativo)

El modelo AMMI, cuyas siglas provienen del idioma inglés (Additive Main Effect and Multiplicative Interaction), se basa en un modelo estadístico lineal-bilineal (Crossa y Cornelius, 2000), donde los efectos principales de genotipos y de ambiente, considerados términos lineales, se explican mediante un análisis de varianza convencional; el componente bilineal (no aditivo) se atribuye a la interacción genotipo por ambiente y se analiza mediante la técnica de componentes principales. Este modelo ha sido aplicado en diferentes cultivos (Gauch, 2006; Glaz y Kang, 2008).

El análisis AMMI se basa en el siguiente modelo lineal mixto:

$$y_{ijkl} = \mu + \beta_{l(kj)} + \tau_i + \delta_j + \sum_{n=1}^t \lambda_n \alpha_{in} \gamma_{jn} + \varepsilon_{ijkl} \quad [\text{Ecuación 1}]$$

Donde: y_{ijkl} es la respuesta del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente en la k -ésima repetición en el l -ésimo bloque para la variable medida, μ efecto de la media general, $\beta_{l(kj)}$ es el efecto del bloque l dentro de la repetición k en el ambiente j , τ_i es el efecto de genotipos, δ_j es el efecto de ambiente, ε_{ijkl} es el error aleatorio no observable que se asume homogéneo con distribuciones normales e independientes, o sea, NID $(0, \sigma^2)$ ($\sigma^2 =$ varianza del error aleatorio). La interacción genotipo-ambiente está dada por la suma de los términos multiplicativos $\sum_{n=1}^t \lambda_n \alpha_{in} \gamma_{jn}$. Los parámetros a ser estimados, aparte de la varianza del error aleatorio, σ^2_ε y los efectos principales del genotipo y ambientes, son los siguientes: λ_n es el parámetro de escala o valor singular del n -ésimo componente multiplicativo que, ordenados en forma decreciente, quedan $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_t$; α_{in} es el vector singular izquierdo del n -ésimo componente y representa sensibilidades de los genotipos a ciertos factores ambientales

hipotéticos dados por el vector singular derecho, γ_{jn} del n -ésimo componente del ambiente asociados a λ_n . Los α_{in} y los γ_{jn} están sujetos a restricciones de normalización $\sum_i \alpha_{in}^2 = \sum_j \gamma_{jn}^2 = 1$ y a restricciones de ortogonalidad $\sum_i \alpha_{in} \alpha_{in'}, \sum_j \gamma_{jn} \gamma_{jn'} = 0$ para $n \neq n'$ (Crossa *et al.*, 2000).

En el modelo AMMI los estimadores de mínimos cuadrados de los efectos aditivos, media general, efecto de genotipo y ambientes, no dependen de los estimadores de mínimos cuadrados de los efectos multiplicativos y son $\hat{\mu} = \bar{y}_{..}$, $\hat{\tau}_i = \bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}$ y $\hat{\delta}_j = \bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}$. Los estimadores de mínimos cuadrados de los efectos multiplicativos son calculados a partir de la descomposición del valor singular de la matriz de residuales $Z = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..}$ obtenida luego de estimar los efectos aditivos. Para el modelo saturado donde $t = \min(g-1, e-1)$ (Crossa *et al.*, 2000).

$$\sum_i \alpha_{in}^2 = \sum_j \gamma_{jn}^2 = 1$$

Se ha observado que el modelo AMMI no es sensible al caso de concurrencia de genotipos o de ambientes, o sea al caso donde hay entrecruzamiento de respuestas de genotipos en ambientes. El modelo AMMI ha mostrado ser efectivo en el análisis de ensayos multi-ambientes, ya que captura una gran proporción de la suma de cuadrados de la interacción genotipo por ambiente, separando en forma precisa los efectos principales de aquellos correspondientes a la interacción (Gauch, 1992).

El objetivo del modelo AMMI es estudiar la interacción entre dos factores; es decir, identificar comportamientos diferenciales de los niveles de un factor, por ejemplo genotipo, a través de los distintos niveles del otro, por ejemplo ambientes.

Los resultados del modelo AMMI pueden ser graficados en un biplot donde se colocan tanto los efectos principales como los efectos de interacción para los genotipos y los ambientes (Vallejo *et al.*, 2005). La interpretación de los resultados

del análisis AMMI se facilita mucho con la representación gráfica del tipo biplot, en el mismo espacio, de los genotipos y los ambientes, y con los genotipos más alejados del espacio bidimensional conectados mediante líneas rectas configuran los vértices de un polígono; mostrando que los genotipos vértices son los que más aportan a la interacción, es decir los de más alto y más bajo rendimiento; haciendo más fácil la interpretación del gráfico para el agrupamiento de ambientes para el mejorador de plantas. Cubero y Flores (1995) mencionan algunas ventajas que tiene el método AMMI: 1) aporta gran información sobre la naturaleza de la interacción genotipo por ambiente, 2) permite clasificar tanto los genotipos como los ambientes según sus patrones de comportamiento, y 3) se obtiene la misma precisión en la estimación del rendimiento que en otros tipos de análisis.

El modelo AMMI ha sido empleado en trabajos de interacción genotipo-ambiente en distintos cultivos (Zobel *et al.* 1988; Crossa *et al.*, 1990; Shafii *et al.*, 1992). Este modelo multivariado ha resultado ser de suma utilidad en la explicación de la suma de cuadrados de la interacción en estudios que involucran una amplia diversidad ambiental o ante un elevado número de ambientes (Riggs, 1986; Zobel *et al.*, 1988; Gauch, 1992; Nachit *et al.*, 1992).

2.5. Modelos de regresión en los sitios (SREG)

El modelo SREG (Site Regression, por sus siglas en inglés) Crossa y Cornelius, 1997.; se basa en un modelo similar al modelo AMMI, en este modelo los efectos principales de los genotipos se envían a la interacción GA para modelarlos de forma multiplicativa mediante un análisis de componentes principales junto con la interacción GA (Yan *et al.*, 2000).

El modelo SREG está dado por:

$$y_{ijkl} = \mu + \beta_{l(kj)} + \delta_j + \sum_{n=1}^t \lambda_n \alpha_{in} \gamma_{jn} + \varepsilon_{ijkl} \quad \text{[Ecuación 2]}$$

Donde y_{ijkl} = rendimiento promedio del genotipo i en el ambiente j en la repetición k en el bloque l ; μ = Efecto de la media general; $\beta_{l(kj)}$ = Efecto del bloque l dentro de la repetición k en el ambiente j ; δ_j = Efecto ambiental; λ_n = Valor singular para el componente principal; α_{in} = Valores de los vectores de los genotipos para cada componente principal; γ_{jn} = Valores de los vectores de los ambiente para cada componente principal; ε_{ijkl} = Error experimental

Un mérito exclusivo de este modelo es que permite agrupar ambientes y fenotipos con similar desempeño e identificar gráficamente al genotipo con mayor potencial en cada sub-grupo de ambientes (Salas *et al.*, 2009). El modelo SREG, que incluye genotipo más interacción genotipo por ambiente en el término bilineal, proporciona un análisis gráfico de fácil interpretación del comportamiento de los genotipos más el efecto de la interacción genotipo por ambiente, denominado biplot GGE (Yan *et al.*, 2000; Yan y Hunt, 2001).

El gráfico permite visualizar el agrupamiento de genotipos y ambientes (megambiente) con patrones más representativos y los más discriminatorios (Yan, 2002). El biplot GGE se construye a partir de los primeros dos componentes principales del modelo SREG. El primer componente, cuando se encuentra altamente correlacionado con el efecto principal de genotipo representa la proporción del rendimiento que se debe sólo a las características del genotipo. El segundo componente representa la parte del rendimiento debida a la interacción genotipo por ambiente. Los genotipos cercanos entre sí en el biplot presentan patrones similares de respuesta a través de los ambientes. Los ambientes similares entre sí, identificados por el ángulo agudo entre sus vectores, indican asociación ambiental positiva; es decir, patrones similares de respuesta en el comportamiento relativo de un conjunto de genotipos. La ausencia de asociación entre ambientes es dada por un ángulo recto entre vectores y la asociación negativa por un ángulo obtuso (Yan *et al.*, 2000)

2.6. Modelación de la estructura de covarianza FA

El modelo lineal mixto básico para analizar i genotipos en j ambientes con l bloques dentro de k repeticiones es el siguiente:

$$Y = Xb + Z_k r + Z_i g + e$$

Donde X es la matriz de incidencia para los efectos fijos ambientales, $Z_k r$ y $Z_i g$ son matrices de incidencia de los efectos aleatorios de bloques dentro de repeticiones y el efecto de genotipos dentro de ambientes respectivamente. Este último incluye el efecto principal del genotipo más la interacción genotipo-ambiente. El vector b es de efectos fijos de ambientes y/o el efecto del diseño (es decir de repeticiones, bloques, etc.) y los vectores r , g , y e , contienen los efectos aleatorios de repeticiones, genotipos y el residual, todos dentro de ambientes respectivamente. Se asume como vectores aleatorios normalmente distribuidos con media cero y matriz de varianza-covarianza R , G , y E , respectivamente. La matriz de varianza-covarianza G es indexada por dos factores, ambientes y genotipos y puede ser escrita como el producto Kronecker (o directo, \otimes) de dos matrices indexadas, $G = \Sigma_g \otimes I_g$, donde el j -ésimo elemento de la diagonal, de la matriz $s \times s$ Σ_g es la varianza genética $\sigma_{g_j}^2$ dentro del j -ésimo ambiente, y la covarianza genética $\rho_{jj'} \sigma_{g_j} \sigma_{g_{j'}}$, entre los ambientes j y j' ; así $\rho_{jj'}$ es la correlación de los efectos genéticos entre ambientes j y j' . Así para el factor de genotipo, la matriz identidad I_g (del orden g) se usa cuando se supone que los genotipos no están relacionados, y el valor genético de cada genotipo se predijo sólo por el valor de la respuesta empírica del propio genotipo.

Crossa *et al.* (2006), mostró cómo usar el modelo FA derivado del SREG usando la matriz aditiva de parentesco (matriz de relaciones numéricas) A para modelar la interacción GA. El componente genético-ambiental de G , Σ_g puede ser modelado con un modelo FA mientras que el componente genotípico es modelado por la matriz identidad I_g ; esto significa que no hay relación entre los genotipos.

El modelo FA, expresa el efecto aleatorio del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente como una función lineal de variables latentes x_{ik} con coeficientes δ_{jk} para $k=1, 2, \dots, t$ más un residual η_{ij} . Entonces $\mathbf{G} = (\mathbf{\Delta}\mathbf{\Delta}' + \mathbf{\Psi}) \otimes \mathbf{I}_g = \text{FA}(k) \otimes \mathbf{I}_g$ donde $\mathbf{\Delta}$ es una matriz $s \times t$ con la k -ésima columna conteniendo los coeficientes de los ambientes para el t -ésimo factor latente ($k=1, \dots, t$) (Crossa et al, 2006; Burgueño et al., 2008).

El FA es una estructura que modela varianzas-covarianzas dentro del modelo mixto; dicha estructura es utilizada al realizar la regresión de la media genotípica sobre la media de los sitios (Piepho, 1997). Esta estructura es útil en los modelos aplicados para la selección de genotipos por ambiente y a través de todos los ambientes, así mismo, hace uso de los mejores predictores lineales e insesgados (BLUP por sus siglas en inglés) (Smith *et al.*, 2002, 2005, Kelly *et al.*, 2007).

El FA ofrece una potente solución para modelar simultáneamente la interacción genotipo-ambiente con heterogeneidad de varianzas y covarianzas entre los ambientes junto con la matriz de relación (\mathbf{A}) obtenida a partir de los coeficientes de parentesco entre los genotipos, para el estudio genético aditivo \times ambiente y genético aditivo \times aditivo entre las interacciones ambientales (Crossa *et al.*, 2006; Oakey *et al.*, 2006; Burgueño *et al.*, 2007). El modelo FA permite construir una gráfica biplot para la interacción genotipo-ambiente en el contexto de un modelo único de factores aleatorios, lo que le da ventajas sobre el modelo de análisis en dos etapas de efectos fijos; además, permite manejar más fácilmente el desbalance y el análisis es más eficiente al realizarse en una etapa (Burgueño *et al.*, 2008).

El modelo permite incorporar información relativa a los genotipos, tanto la matriz de parentesco como cualquier estructura poblacional de los genotipos cambiando la matriz \mathbf{I}_g por una matriz adecuada de relaciones entre genotipos. Si

se incorpora la matriz de parentesco, entonces es posible separar el componente aditivo y aditivo \times aditivo, usando la matriz de parentesco aditiva **A** y la matriz producto por elemento de **A**, lo que puede ser usado para identificar grupos de ambientes y genotipos sin interacción de efectos cruzados, ya que es posible efectuar pruebas de hipótesis sobre los coeficientes de los ambientes y los registros de genotipos, dando un criterio estadístico para formar los grupos. Finalmente, también ha sido utilizado para la elaboración de mapas de asociación (Crossa *et al.*, 2007; Burgueño, 2009).

El modelo del FA también se puede expresar como una regresión lineal múltiple del *i*-ésimo genotipo en el *j*-ésimo ambiente en función lineal de variables latentes x_{ik} con coeficientes δ_{jk} para $k=1,2,\dots,t$ más un residual η_{ij} y μ_j como la media general de los genotipos; para un solo factor, por lo tanto:

$$\bar{y}_{ij} = \mu_j + x_{i1}\delta_{j1} + \eta_{ij} \quad \text{[Ecuación 3]}$$

Para dos factores latentes la ecuación 4 puede escribirse como:

$$\bar{y}_{ij} = \mu_j + x_{i1}\delta_{j1} + x_{i2}\delta_{j2} + \eta_{ij} \quad \text{[Ecuación 4]}$$

Por lo tanto el modelo de FA es miembro de la clase general de los modelos lineales-bilineales SREG. Las matrices de coeficientes y registros están rotadas para obtener una solución de componente principales (Smith *et al.*, 2002) y producir el mismo gráfico como el desarrollado por el SREG con la misma interpretación en términos de 1) direcciones y proyecciones de genotipos y ambientes, y 2) los subgrupos de ambiente y genotipos con entrecruzamiento de genotipos en diversos ambientes (Burgueño, 2008).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Material genético

El material genético utilizado estuvo compuesto por dos grupos de híbridos; el primer grupo fue de 29 híbridos trilineales de endospermo blanco QPM y normal de maíz (Cuadro 1) y el segundo grupo estuvo compuesto por 20 híbridos tropicales trilineales y dobles de endospermo amarillo QPM y normal (Cuadro 2). Ambos grupos provienen de líneas élite desarrolladas en el sub-programa Trópicos Bajos del Programa Global de Maíz del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. En cada sitio se utilizaron testigos diferentes de acuerdo con recomendaciones locales.

3.2 Ubicación de los ensayos

Los ensayos se establecieron en 16 localidades, tres de ella de México y el resto distribuidas en siete países de América tropical, en el ciclo B (junio-diciembre, 2012). En el Cuadro 3 se resume la ubicación geográfica de las localidades de evaluación.

3.3 Diseño y unidad experimental

Los híbridos se organizaron en dos ensayos, uno de ellos de híbridos trilineales de endospermo blanco QPM y normal y el otro de híbridos tropicales trilineales y dobles de endospermo amarillo, QPM y normal.

El diseño experimental para cada ensayo de híbridos en todas las localidades fue de alfa-látice (Patterson y Williams, 1976) con tres repeticiones. La unidad experimental estuvo constituida por 2 surcos de 5 m de longitud y 0.80 m de ancho y una separación entre plantas de 0.20 m, resultando en 24 plantas por

surco, lo que es equivalente a una densidad de población de 60 mil plantas por hectárea.

Cuadro 1. Híbridos trilineales de endospermo Blanco QPM y normal de maíz evaluados en el estudio. Ciclo B, 2012.

Híbrido	Genealogía	Endospermo	Origen
H1	(CML495/CLRCW105)//CML494	Normal	AF12A-210-1/4
H2	(CML495/CLRCW105)//CLWN201	Normal	AF12A-210-1/5
H3	(CML494/CLWN201)//CLRCW105	Normal	AF12A-210-2/6
H4	(CML494/CLWN201)//CLRCW87	Normal	AF12A-210-2/7
H5	(CML494/CLWN201)//CLRCW96	Normal	AF12A-210-2/8
H6	(CML494/CLWN201)//CLRCW99	Normal	AF12A-210-2/9
H7	(CML494/CLWN201)//CML495	Normal	AF12A-210-2/10
H8	(CML494/CLWN201)//CLWN216	Normal	AF12A-210-2/12
H9	(CLQRCWQ83/CML491)//CML503	QPM	AF12A-210-14/17
H10	(CLQRCWQ48/CML503)//CML491	QPM	AF12A-210-15/23
H11	(CLRCW96/CLRCW85)//CLWN247	Normal	AF12A-423-2/14
H12	(CLRCW96/CLRCW85)//CLWN306	Normal	AF12A-423-2/16
H13	(CLRCW96/CLRCW85)//CML269	Normal	AF12A-423-2/21
H14	(CLRCW96/CLRCW85)//CML498	Normal	AF12A-423-2/23
H15	(CLRCW105/CLRCW106)//CLWN306	Normal	AF12A-423-4/16
H16	(CLRCW105/CLRCW106)//CLRCW100	Normal	AF12A-423-4/20
H17	(CLRCW105/CLRCW106)//CML269	Normal	AF12A-423-4/21
H18	(CLRCW105/CLRCW106)//CML494	Normal	AF12A-423-4/22
H19	(CLRCW105/CLRCW106)//CML498	Normal	AF12A-423-4/23
H20	(CLRCW105/CLWN216)//CLWN306	Normal	AF12A-423-5/16
H21	(CLRCW105/CLWN216)//CLRCW100	Normal	AF12A-423-5/20
H22	(CLRCW105/CLWN216)//CML494	Normal	AF12A-423-5/22
H23	(CLRCW105/CLWN216)//CML498	Normal	AF12A-423-5/23
H24	(CLRCW105/CLWN218)//CLWN306	Normal	AF12A-423-6/16
H25	(CLRCW105/CLWN218)//CLRCW100	Normal	AF12A-423-6/20
H26	(CLRCW105/CLWN218)//CML269	Normal	AF12A-423-6/21
H27	(CLRCW105/CLWN218)//CML494	Normal	AF12A-423-6/22
H28	(CML498/CML500)//CML494	Normal	AF12A-209-2/8
H29	(CML264/CML269)//CML494	Normal	AF12A-209-3/8
H30	Testigo Local 1		Testigo local 1
H31	Testigo comercial 1		Testigo comercial 1
H32	Testigo comercial 2		Testigo comercial 2

Cuadro 2. Híbridos trilineales y dobles tropicales de endospermo amarillo QPM y normal. Ciclo B, 2012.

Híbrido	Genealogía	Endospermo	Origen
H1	(CLRCY016/CL02450)//CL02720	Normal	AF12A-258-1/3
H2	(CLRCY016/CL02450)//CLYN205	Normal	AF12A-258-1/4
H3	(CLRCY016/CL02450)//CLYN201	Normal	AF12A-258-1/5
H4	(CLRCY016/CL02450)//CML451	Normal	AF12A-258-1/7
H5	(CL02720/CML451)//CLRCY016	Normal	AF12A-258-2/8
H6	(CL02720/CML451)//CL02450	Normal	AF12A-258-2/9
H7	(CL02720/CML451)//CLRCY017	Normal	AF12A-258-2/10
H8	(CL02450/CLRCY041)//CLRCY040	Normal	AF12A-470-1/4
H9	(CL02450/CLRCY041)//CLRCY044	Normal	AF12A-470-1/6
H10	(CL02450/CLRCY041)//CLYN205	Normal	AF12A-470-1/7
H11	(CL02450/CLRCY041)//CLYN214	Normal	AF12A-470-1/9
H12	(CLRCY017/CL02450)//CLRCY040	Normal	AF12A-470-2/4
H13	(CLRCY017/CL02450)//CLRCY044	Normal	AF12A-470-2/6
H14	(CLRCY017/CL02450)//CLYN205	Normal	AF12A-470-2/7
H15	(CLRCY017/CL02450)//CLYN214	Normal	AF12A-470-2/9
H16	(CLRCY040/CLYN206)//CLRCY017	Normal	AF12A-424-2/10
H17	(CLRCY044/CLRCY039)//CL02450	Normal	AF12A-424-3/11
H18	(CL02450/CLRCY041)//CML451	Normal	AF12A-424-5/12
H19	(CLRCY017/CL02450)//CML451	Normal	AF12A-424-4/12
H20	(CLQRCYQ49/CLQG2508)//CML165	QPM	AF12A-257-6/10
H21	Testigo local 1		Testigo local 1
H22	Testigo local 2		Testigo local 2
H23	Testigo comercial 1		Testigo comercial 1
H24	Testigo comercial 2		Testigo comercial 2

3.4 Establecimiento y conducción de los experimentos

Los ensayos de México fueron en las localidades de Agua Fría, Puebla; Tlaltizapan, Morelos; y Cotaxtla, Veracruz se establecieron en junio de 2012 y se cosecharon en noviembre del mismo año, mientras que aquellos establecidos en otros países se sembraron en octubre de 2012 y se cosecharon en marzo de 2013, todos ellos conducidos de acuerdo con recomendaciones locales.

Cuadro 3. Ubicación geográfica de las localidades donde se establecieron los ensayos.

Localidad	Latitud (N)	Longitud (W)
Agua Fría, Puebla, México	20° 27' 19.51"	97° 43' 18.36"
Cotaxtla, Veracruz, México	18° 59' 28.71"	96° 16' 09.56"
Tlaltizapan, Morelos, México	18° 41' 00.18"	99° 07' 09.43"
San Andrés, El Salvador	13° 48' 38.85"	89° 24' 12.22"
Santa Cruz Porrillo, El Salvador	13° 26' 49.84"	88° 48' 50.59"
Palmira, Colombia	03° 34' 06.24"	76° 15' 02.39"
Sabana, Escuintla, Guatemala	14° 18' 13.87"	90° 47' 38.07"
Tiucal Jutiapa, Guatemala	14° 17' 04.24"	89° 43' 30.67"
Las Monjas, Jalapa, Guatemala	14° 30' 03.72"	89° 52' 21.44"
Quesada, Jutiapa, Guatemala	14° 45' 01"	90° 33' 14"
Yorito, Yoro, Honduras	15° 03' 58.60"	86° 17' 01.61"
Sulaco, Yoro, Honduras	14° 54' 46.32"	87° 15' 45.28"
Managua, Nicaragua	12° 08' 02.54"	86° 15' 46.55"
San Gilberto, Chinandenga, Nicaragua	12° 37' 27.27"	87° 07' 46.45"
Tocorón, Aragua, Venezuela	10° 05' 31.44"	67° 35' 08.92"
El Ejido, Panamá	07° 55' 00.43"	80° 22' 58.11"
Playita, Comayagua, Honduras	14° 27' 00.00"	87° 38' 00.00"
La Máquina, Suchitepéquez, Guatemala	14° 22' 59.88"	91° 34' 59.87"
Cuyutla, Escuintla, Guatemala	14° 05' 59.99"	90° 52' 59.98"

3.5 Variables evaluadas

- a) Días a floración femenina (DFF), contabilizados desde el día de la siembra hasta que el 50% de las plantas en cada unidad experimental presentó estigma expuestos en el jilote.
- b) Días a floración masculina (DFM), realizando conteos a partir del día de la siembra hasta que el 50% de las plantas en cada unidad experimental presentó anteras dehiscentes.
- c) Altura de mazorca (AM) y altura de planta (AP); se midieron en cm desde la superficie del suelo hasta el punto de inserción de la mazorca principal para

altura de mazorca; y hasta la base de la espiga, para el caso de altura de planta.

- d) Acame de raíz. En porcentaje; las plantas que se observaron con acame (de 0° a 30° con relación a la vertical).
- e) Acame de tallo. Se tomó el número total de plantas que presentaron un doblez en el tallo, del suelo al tallo erecto y el resultado se convirtió a porcentaje.
- f) Aspecto de mazorca (pudrición). Se asignó una calificación en una escala de 1 a 5, donde 1 correspondió a mazorcas totalmente sanas y 5 a mazorca extremadamente enfermas.
- g) Rendimiento de grano (REND), en toneladas por hectárea, ajustado a 12.25% de humedad y considerando un factor de desgrane de 80%.

3.6 Análisis estadístico

Se realizaron análisis de varianza individuales por localidad y combinados a través de ambientes. El modelo lineal utilizado para el análisis individual fue el siguiente, de acuerdo con lo propuesto por Martínez (1988):

$$y_{ilk} = \mu + r_k + \beta_{l(k)} + \tau_i + \varepsilon_{ilk}$$

$i = 1,2, \dots$ genotipos, $k = 1,2, \dots$ repeticiones, $l = 1,2, \dots$ bloque,

Donde: y_{ijk} = Valor del genotipo i en el bloque l en la repetición k ; μ = Media general de todas las observaciones; r_k = Efecto de la repetición k ; $\beta_{l(k)}$ = Efecto del bloque l dentro de la repetición k ; τ_i = Efecto del i -ésimo genotipo; ε_{ilk} = Error experimental

Con relación al análisis combinado, el modelo elegido para explicar el comportamiento de los genotipos en los diferentes ambiente es:

$$y_{ijkl} = \mu + r_{k(j)} + \beta_{l(kj)} + \tau_i + \delta_j + (\tau\delta)_{ij} + \varepsilon_{ijkl}$$

$i = 1,2, \dots$ genotipos, $j = 1,2, \dots$ ambientes, $k = 1,2, \dots$ repeticiones, $l = 1,2, \dots$ bloques

Dónde: y_{ijkl} = Comportamiento medio del genotipo i en bloque l en la repetición k en el ambiente j ; μ = Media general; $r_{k(j)}$ =Efecto de la repetición k dentro del ambiente j ; $\beta_{l(kj)}$ = Efecto del bloque l dentro de la repetición k en el ambiente j ; τ_i = Efecto del i -ésimo genotipo; δ_j = Efecto del j -ésimo ambiente; $(\tau\delta)_{ij}$ = Efecto de la interacción (GE) del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente; ε_{ijkl} = Error experimental.

Los análisis individuales se realizaron para determinar la existencia de diferencias significativas entre genotipos, mientras que la finalidad de los análisis combinados fue para determinar la existencia de diferencias significativas entre genotipos a través de todas las localidades y así determinar los materiales (híbridos) más rendidores en promedio; asimismo, para determinar si los genotipos estuvieron influenciados por el ambiente. Se realizaron análisis posteriores de interacción genotipo por ambiente cuando el análisis de varianza determinó significancia estadística para este efecto. A partir de esto se plantearon los análisis AMMI (Ecuación 1), SREG FA (Ecuación 4).

Los resultados obtenidos por descomposición del valor singular de los tres modelos, para reducir la direccionalidad de las variables en componente principal, se plasmaron en un gráfico biplot.

En el análisis AMMI se realizó la prueba de Gollob (1968) para determinar la significancia de cada componente de este modelo.

Para simplificar el agrupamiento de subconjuntos de ambientes y genotipos se realizó un análisis de conglomerados con los factores obtenidos en el SREG FA, utilizando distancias euclidianas y el método de ligamiento de Ward.

Los modelos aplicados son mixtos, con los genotipos como factor fijo y los ambientes y repeticiones como factores aleatorios. La diferencia de FA con AMMI y SREG, es que FA es una estructura de covarianza modelada en el residual.

Todos los análisis estadísticos fueron realizados utilizando el paquete estadístico SAS (Statistical Analysis System), versión 9.1.

IV. RESULTADOS Y DISCUSION

4.1 Análisis de varianza

4.1.2 Análisis de varianza individuales por localidad

Ensayo 1 (Materiales tropicales de endospermo blanco)

En los cuadros 1A-6A del Anexo se presentan los cuadrados medios de los análisis de varianza individuales por localidad para las diferentes variables: rendimiento de grano ($t\ ha^{-1}$), días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz (%), acame de tallo (%) y mazorcas podridas (%).

Del análisis de varianza del cuadro 1A del anexo se concluye que para la variable rendimiento existen diferencias altamente significativas ($P < 0.01$) entre los diferentes híbridos en todos los ambientes, lo cual indica que existen diferencias en la expresión del potencial genético de cada híbrido, permitiendo discriminar genotipos de rendimiento alto, bajo o intermedio. Por otra parte, en las localidades de San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Sabana, Escuintla, Guatemala y Tocarón Aragua, Venezuela, los híbridos no presentaron diferencias significativas.

Para las variables días a floración masculina del Cuadro 2A y días a floración femenina del cuadro 3A del anexo, en las localidades P.Com (Playita, Comayagua, Guatemala), S.Es (Sabana Escuintla), S.G.Chi (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua), Ti.Ju(Tiucal Jutiapa, Guatemala) y Yo.Ho (Yoro Honduras), los cuadrados medios de los híbridos no mostraron diferencias significativas. Referente a la variable floración femenina genotipos y repeticiones mostraron diferencias altamente significativas ($P < 0.01$), sólo en las localidades Pl.Com (Platita Comayagua, Honduras), S.G.Chi (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua), Ti.Ju (Tiucal Jutiapa, Guatemala), y Yo.Ho (Yoro, Honduras).

En lo que respecta a la variedad acame de raíz en las localidades P. Com (Playita Comayagua, Honduras), S.Es (Sabana Escuintla, Guatemala), S.G.Chi (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua) y Ti.Ju (Tiucal Jutiapa Guatemala) no presentaron diferencias significativas en híbridos; para acame de tallo en las localidades de Mo.Ja (Monjas Jalapa, Guatemala), Ti.Ju (Tiucal Jutiapa, Guatemala) y Tla (Tlaltizapan Morelos, México) presentaron diferencias significativas ($P < 0.05$). Por otro lado se presentaron diferencias significativas ($P < 0.05$) en S.An (San Andrés, El Salvador), S.Cruz (Santa Cruz Porrillo, El Salvador) y Tla (Tlaltizapan, Morelos, México) para la variable acame de tallo.

Las localidades que en las variables no presentaron diferencias significativas, se atribuye a que dichas localidades son buenas discriminantes para los ambientes o en caso contrario, no discriminan los genotipos y por lo tanto no se presentan diferencias significativas para los mismos, lo cual es indicativo de que se trata de localidades adecuadas para realizar análisis más detallados.

En los Cuadro 7A-12A del anexo se presenta los valores promedio para las diferentes variables por localidades: rendimiento ($t\ ha^{-1}$), días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz (%), acame de tallo (%), mazorcas podridas (%); así mismo se presentan los valores promedio, diferencia mínima significativa y el coeficiente de variación.

El promedio de rendimiento varió desde 1.4 (Sabana Escuintla, Guatemala) hasta $11.14\ t\ ha^{-1}$ (Tlaltizapán, Morelos, México). Los valores de la diferencia mínima significativa fueron en general bajos, inferiores de 1.88 en las distintas localidades, con excepción de Tocarón, Aragua, Venezuela ($2.84\ t\ ha^{-1}$) y de San Gilberto Chinandenga, Nicaragua ($3.06\ t\ ha^{-1}$), lo cual lleva a la inclusión de un mayor número de híbridos dentro de un agrupamiento. Los coeficientes de variación presentaron valores desde 6.71% (Cotaxtla, Veracruz, México) hasta 19.55% (Tocarón, Aragua, Venezuela), con excepción de Sabana Escuintla, Guatemala, donde se obtuvo un valor de 31.06%. La mayoría de las localidades

presentó un coeficiente de variación por debajo de 19.55%, lo cual es indicativo de buen control del ambiental y de la precisión de la técnica experimental utilizada.

Para los promedios de la variable días a floración masculina (Cuadro 8A del Anexo) y días a floración femenina (Cuadro 9A del Anexo), los coeficientes de variación para cada una de las localidades fueron bajos, por debajo de 5.61% (valor observado en Playitas Comayagua, Honduras), en Tlaltizapán, Morelos, México se presentó un coeficiente de 0.8%, los promedios en cada una de las localidades indican que en ambas variables se mantuvo una buena asociación.

En relación con los promedio de acame de raíz (Cuadro 10A del Anexo) el más bajo promedio presentó 0.32% (Tocorón, Aragua, Venezuela), y los más altos promedios se presentaron en San Andrés, El Salvador (16.49%) y en Cotaxtla, Veracruz, México (19.57%). Los coeficientes de variación presentaron una amplitud muy marcada que va desde 56.65% (San Andrés, El Salvador) hasta 274.65% (Sabana Escuintla, Guatemala), estos coeficientes seguramente fueron afectados por factores ambientales aleatorios que no siguieron un gradiente controlado por el diseño experimental, u otros factores ambientales no controlados.

Para los promedio de acame de tallo (Cuadro 11A del Anexo) las variaciones entre los diferentes híbridos evaluados en las diferentes localidades fueron bajas. El coeficientes de variación más alto (800%) se presentó en (Cotaxtla, Veracruz, México y en San Andrés, El Salvador) con un promedio de 0.02 y 0.04% respectivamente; y el coeficiente de variación más bajo (de 29.41%) se presentó en Sabana Escuintla, Guatemala, lo que representa un rango muy grande de variación de 770.59%.

En relación al porcentaje de mazorcas podridas (Cuadro 12A del Anexo) el promedio más bajo (2.33%) se presentó en Tlaltizapán, Morelos, México, con un coeficiente de variación de 57.40% y el promedio más alto (31.4%) en Sabana

Escuintla, Guatemala, con un coeficiente de variación de 27.17%. El promedio general de mazorcas podridas en todas las localidades fue de 9.52%, el cual se considera como un porcentaje bajo de pudrición con un coeficiente que variación que fue desde 27.17% en Sabana Escuintla, Guatemala hasta 93.84% en San Gilberto Chinandenga, Nicaragua.

Por razones de logística en las algunas localidades no se realizaron la toma de algunas de las variables, por lo cual no se reportan.

Ensayo 2 (Materiales tropicales de endospermo amarillo)

En los cuadros 13A-17A del Anexo se presentan los cuadrados medios de los análisis de varianza individuales por localidad para las diferentes variables: rendimiento de grano ($t\ ha^{-1}$), días a floración masculina, días a floración masculina, acame de raíz (%) y acame de tallo (%).

Se detectaron diferencias altamente significativas ($P < 0.01$) en rendimiento de grano ($t\ ha^{-1}$) de los diferente híbridos en todos los ambientes evaluados. En las localidades de MO (Las Monjas, Jalapa, Guatemala), SE (Sabana Escuintla, Guatemala) y SY (Sulaco, Yoro, Honduras), los híbridos no presentaron diferencias significativas. Para las variables días a floración masculina y días a floración femenina, cinco localidades (CE, Cuyutla Escuintla, Guatemala; MJ, Las Monjas Jalapa, Guatemala; Managua, Nicaragua, Sulaco, Yoro, Honduras y Tiucal Jutiapa, Guatemala) no hubo significancia para los híbridos, para estas variables, lo que se puede atribuir a que dichos ambientes presentaron condiciones climáticas no favorables, aumentando con ello la magnitud de la varianza no controlada, que finalmente desembocó en el error experimental.

En la fuente de variación correspondiente a híbridos se presentaron diferencias significativas para la variable acame de raíz sólo en las localidades de AF(Agua Fría, Puebla, México), Cot (Cotaxtla, Veracruz, México), PC (Playita,

Comayagua, Honduras), SCP (Santa Cruz Porrillo, El Salvador), SY (Sulaco, Yoro, Honduras) y Tla (Tlaltizapán, Morelos, México). En lo que respecta a la variable acame de tallo, no se presentaron diferencias significativas entre los híbridos, sólo en dos localidades se presentaron diferencias altamente significativas ($P < 0.01$).

En general, se puede señalar que en las fuentes de variación correspondientes a híbridos, repeticiones y bloques anidados en repeticiones para cada una de las variables en las diferentes localidades en evaluación, aquellas que presentaron diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) y diferencias significativas ($P \leq 0.05$), muestran un patrón en que los genotipos tuvieron un comportamiento significativo en cada una de las localidades; y donde no se presentó significancia implica que esos ambiente no alteran el comportamiento de los genotipo o en caso contrario son ambientes que discriminan los genotipos.

En los cuadro 18A-22A del Anexo se presentan los valores promedio para las diferente variables por localidades rendimiento ($t\ ha^{-1}$), días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz (%) y acame de tallo (%); así mismo se presentan los valores promedio, diferencia mínima significativa y el coeficiente de variación.

El promedio de rendimiento (Cuadro 18A del anexo) varió de 1.9 (Sabana, Escuintla, Guatemala) a $9.8\ t\ ha^{-1}$ (Tlaltizapán, Morelos, México), los coeficientes de variación presentaron una amplitud desde 6.5% (Agua Fría, Puebla, México) hasta 17.9% (Sulaco, Yoro, Honduras). La mayoría de las localidades presentaron coeficientes bajos, lo cual indica que se tuvo un control aceptable del ambiente experimental.

Para los promedio de la variable días a floración masculina (Cuadro 19A del anexo), y días a floración femenina (Cuadro 20A del anexo), los coeficientes de variación para cada una de las localidades fueron relativamente bajos, por debajo de 5.2% (Playita, Comayagua, Honduras) con coeficiente de variación mínimo de

0.9%, lo cual indica que en ambas variables se mantuvo un buen control experimental.

El porcentaje promedio de acame de raíz se muestra en el Cuadro 21A del anexo; el más bajo promedio fue de 1.4% (Las Monjas, Jalapa, Guatemala), y el más alto promedio presentó 17.4% (Cotaxtla, Veracruz, México). Los coeficientes de variación presentaron una amplitud muy marcada desde 63.2% (Cotaxtla, Veracruz, México) hasta 692.8% (Managua, Nicaragua), estos coeficiente es un indicativo que se presentó afectación por factores no controlables.

Para los promedio de acame de tallo (Cuadro 22A del Anexo) las variaciones entre los diferentes híbridos evaluados en las diferentes localidades fueron desde 0.0% (San Andrés, El Salvador) hasta 30.7 (Tlaltizapan, Morelos, México). El coeficiente de variación más alto (692.8%) se presentó en SA (San Andrés, El Salvador), y el más bajo 33.4% en Tla (Tlaltizapan, Morelos, México), lo que presenta un rango muy grande de variación de 659.4%

Por razones de logística, no se tomaron los datos correspondientes en algunas variables evaluadas en algunos ambientes, por tal motivo no se reportan.

4.1.3 Análisis de varianza combinado a través de localidades

Ensayo 1

En el Cuadro 4 se presenta el análisis de varianza combinado a través de localidades para las variables rendimiento de grano ($t\ ha^{-1}$), días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz (%), acame de tallo (%) y mazorcas podridas (%). Este análisis arrojó diferencias altamente significativas ($P < 0.01$) entre localidades, genotipos, localidades \times genotipos para todas las variables evaluadas.

Cuadro 4. Análisis combinado a través de localidades para las variables rendimiento de grano, días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz, acame de tallo y mazorcas podridas para 29 híbridos de endospermo blanco evaluados en 15 ambientes de América Tropical.

Factor de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios					
		Rend t ha ⁻¹	DFM	DFF	Ac. Raíz (%)	Ac. Tallo (%)	Mz. Pod (%)
Localidades	14	576.9**	3788.8**	3725.7**	2180.4**	9974.2**	7817.6**
Genotipo	28	22.1**	40.4**	50.3**	172.3**	32.5*	94.0**
Loc x Gen	392	2.3**	3.5**	4.0**	65.1**	28.2*	52.7*
Rep(Loc)	30	3.5**	3.1*	2.9	148.7**	36.5*	59.3*
Blo(RexLoc)	315	1.3**	2.5**	3.1**	56.4**	24.1*	36.9*
Error	523	0.9	1.3	1.5	6.1	4.5	6.2
CV (%)		5.6	0.7	0.7	50.2	28.4	18.4
Promedio		6.5	59.3	59.9	3.8	4.3	9.4

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad de $P \leq 0.01$; LocxGen=Localidad por genotipo; Rep(Loc)=repeticiones anidadas en localidades; Blo(Rexloc)= bloques anidados en repeticiones por localidades; CV=coeficiente de variación; Rend=rendimiento; DFM=días a floración masculina; DFF=días a floración femenina; Ac. Raíz=acame de raíz; Ac. tallo= acame de tallo; Mz. Pod= mazorcas podridas.

La interacción indica que los genotipos no se comportan de manera similar ante las variaciones ambientales de las diferentes localidades y por ende, pudiera haber mejores materiales para unas localidades pero que no responden bien en otras. Lo anterior permite proponer un análisis más detallado para modelar de manera más apropiada la naturaleza de la interacción genotipo por ambiente y establecer ambientes que permitan una buena discriminación de los genotipos, así como determinar genotipos de adaptación específica y elegir los ambientes más representativos en la evaluación de híbridos de maíz tropical.

Ensayo 2

En el Cuadro 5 se presenta el análisis de varianza combinado a través de localidades para las variables rendimiento de grano (t ha⁻¹), días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz (%) y acame de tallo (%).

Cuadro 5. Análisis combinado a través de localidades para las variables rendimiento de grano, días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz y acame de tallo para 20 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 16 ambientes de América Tropical.

Factor de variación	GL	Cuadrados medios				
		Rend (t ha ⁻¹)	DFM	DFF	Ac. Raíz (%)	Ac. Tallo (%)
Localidades	15	261.81**	2512.23**	2307.32**	1335.58**	24222.49**
Genotipos	19	5.95**	9.19**	15.26**	101.85**	60.73**
Loc x Gen	285	0.86**	2.62*	3.31**	78.96**	48.31**
Rep(Loc)	32	1.19**	9.41**	12.07**	22.03ns	103.84**
Bloc(Rep*Loc)	240	0.41ns	3.78**	4.41**	71.68**	58.74**
Error	365	0.36	2.03	1.96	33.70	28.52
CV(%)		5.23	0.73	0.79	50.96	19.33
Promedio		5.32	59.69	60.56	4.12	10.04

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; Loc x Gen= Interacción localidades por genotipos; Rep(Loc)= repeticiones anidadas en localidades; Bloc(Rep*Loc)=bloques anidados en repeticiones por localidades; CV=coeficiente de variación; Rend=rendimiento; DFM=días a floración masculina; DFF=días a floración femenina; Ac. Raíz=acame de raíz; Ac.tallo= acame de tallo.

Este análisis muestra diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) entre localidades, genotipos, localidades x genotipos para todas las variables evaluadas. El factor de variación de localidades por genotipos (interacción) indica que los genotipos no se comportaron de igual manera ante las variaciones ambientales de las diferentes localidades, y por lo tanto podría haber mejores materiales para localidades en particular, pero que no responden bien a otras; por ello es necesario un análisis más detallado.

4.2 Método AMMI

Ensayo1

El Cuadro 6 indica que los primeros cuatro componentes son altamente significativos ($P < 0.01$), los componentes explican el 45.09%, 17.57%, 9.69% y 8.76% respectivamente de la variación debida a la interacción. El estudio de la interacción realizado con el AMMI se complementó con el empleo del grafico biplot en dos dimensiones (Figura 1), el cual en conjunto explica un 62.67% de la

varianza (% de CP1 + CP2). De acuerdo con Yan *et al.* (2000), al graficar las puntuaciones de ambos ejes principales (CP1 y CP2) se forma un polígono usando como vértices los híbridos que se ubican en la parte externa del biplot.

Cuadro 6. Prueba de Gollob utilizada para obtener la significancia de los componentes del modelo multiplicativo AMMI para los 29 híbridos de endospermo blanco evaluados en 15 ambiente.

F.V.	GL	SC	% SC	CM
CP1	41	476.11	45.09	11.61**
CP2	39	185.60	17.57	4.75**
CP3	37	102.37	9.69	2.76**
CP4	35	92.48	8.76	2.64**

** Significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; F.V.=Fuentes de variación; GL= Grados de libertad; SC=Suma de cuadrados; %SC=Porcentaje de suma de cuadrados; CM=Cuadrado medio

Los genotipos ubicados en posiciones cercanas al origen de los ejes, contribuyen poco a la interacción y se consideran más estables con relación a los que se encuentran más alejados del origen; así, el híbrido 11 mostró tener mayor interacción con respecto a rendimiento; sin embargo, el híbrido 15 es el más cercano al origen del eje de las abscisas, por lo cual este híbrido es más estable y además con buen rendimiento. Los híbridos 11, 7, 13, 22 y 18 presentaron altos rendimientos, por encima de la media general, pero su rendimiento difiere de manera considerable de un ambiente a otro (Figura 1).

En la Figura 1 se observa que los híbridos 11, 27, 10, 12, 23 y 19 son los que más aportaron a la interacción. Los híbridos 1, 14, 19, 20, 21 y 23, ubicados en el margen izquierdo del biplot sobre el eje de las abscisas, presentaron baja adaptación a los ambientes evaluados (Medina *et al.*, 2001).

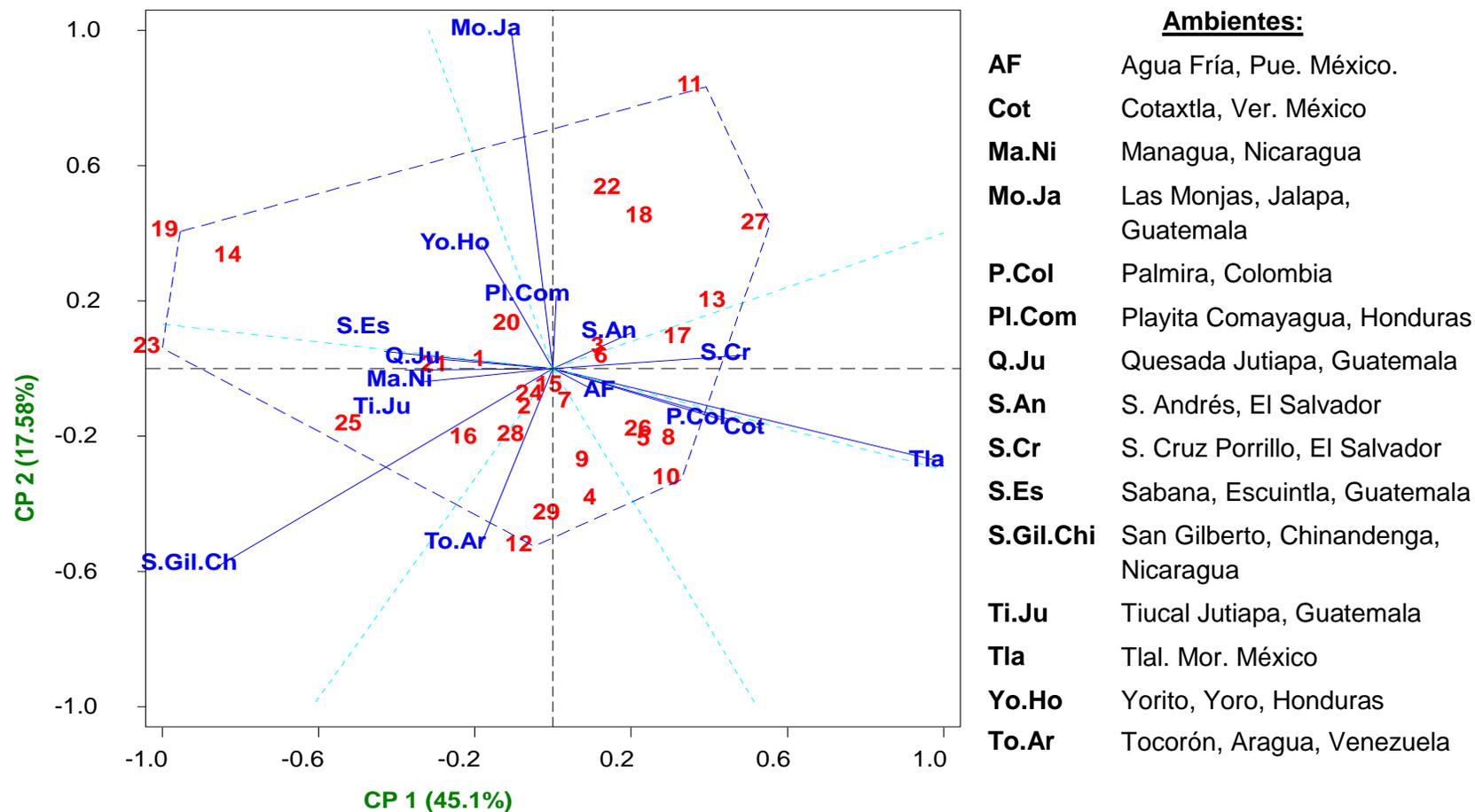


Figura 1. Gráfico biplot de la contribución de los genotipos y de los ambiente a la interacción representada mediante los ejes de los dos primeros componentes principales para el rendimiento de los 29 híbridos evaluados en 15 ambientes.

Con referente a los ambientes, aquellos que están cercanos al origen como AF (Agua Fría, México); S.An (San Andres, El Salvador); Pl.Com (Playita Comayagua, Honduras); Ma.Ni (Managua, Nicaragua) y Q.Ju (Quesada, Jutiapa, Guatemala), son ambientes que presentaron menor interacción y por lo tanto se considera que presentan condiciones edafoclimaticas semejantes con respecto a factores importantes para la interacción; Mo.Ja (Las Monjas Jalapa, Guatemala); Tla (Tlaltizapán, México); S.Gil.Ch (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua) y To. Ar (Tocorón Aragua, Venezuela) son los que contribuyen más a la interacción y mejor discriminan a los genotipos.

Con esta información, fue posible identificar grupos de ambientes. El primer grupo lo conformaron las localidades de AF (Agua Fria, México), P.Col (Palmira, Colombia) y Cot(Cotaxtla, México); el segundo grupos lo conformaron las localidades de S.Cr(Santa Cruz Porrillo, El Salvador), S.An (San Andrés, El Salvador); el tercer grupo formado por Pl.Com (Playita Comayagua, Honduras), Yo.Ho (Yoro, Honduras) y Mo.Ja (Las Monjas Jalapa, Guatemala); el cuarto grupo estuvo formado por S.Es (Sabana Escuintla, Guatemala), Q.Ju (Quesada Jutiapa, Guatemala), Ma.Ni (Managua, Nicaragua) y Ti.Ju (Tiucal Jutiapa, Guatemala), y un quinto grupo integrado por los ambientes de S.Gil.Chi (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua) y To.Ar (Tocorón Aragua, Venezuela). El valor de esta información radica en que permite reducir el número de ambientes de evaluación, eliminando aquellos que contribuyen por igual en la interacción y discriminación de genotipos, con el consecuente abatimiento de los costos de experimentación, permitiendo por lo tanto hacer más eficientes los programas de mejoramiento genético de maíz.

Por la longitud de los vectores, el ambiente que mejor discrimina a los genotipos en la evaluación es el ambiente Mo.Ja (Las Monjas Jalapa, Guatemala), Tla (Tlaltizapán, México), S.Gil.Chi (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua) y To.Ar (Tocorón Aragua, Venezuela); esto de acuerdo con los planteamientos de

Kempton (1984) y Yan *et al.* (2000); mientras que los más contrastantes fueron S.Cr (Santa Andres, El Salvador), con S.Gil.Ch (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua); Mo.Ja (Las Monjas Jalapa, Guatemala) con To.Ar (Tocorón Aragua, Venezuela).

Algunos materiales presentaron mayor adaptación en algunos ambientes específicos; por ejemplo, para el caso de Agua Fría, México los híbridos 15 y 7 tuvieron un comportamiento sobresaliente, mientras que para Sabana, Escuintla, Guatemala; Tiucal, Jutiapa, Guatemala y Managua, Nicaragua los híbridos 1 y 21 presentan una buena adaptación específica y con rendimientos estables.

Ensayo 2

El Cuadro 7 indica que los primeros cinco componentes son altamente significativos ($P \leq 0.01$), los componentes 1, 2, 3, 4 y 5 explican el 28.13%, 21.89%, 13.55%, 8.93% y 7.11% respectivamente de la variación debida a la interacción.

Cuadro 7. Prueba de Gollob mostrando la significancia de los componentes del modelo multiplicativo AMMI para 20 híbridos tropicales de endospermo amarillo evaluados en 16 ambientes.

F.V	GL	SC	%SC	CM
CP1	33	85.78	28.13	2.60**
CP2	31	66.77	21.89	2.15**
CP3	29	41.34	13.55	1.42**
CP4	27	27.24	8.93	1.01**
CP5	25	21.69	7.11	0.87**

** Significativo con una probabilidad de $P \leq 0.01$; F.V.=Fuentes de variación; GL=Grados de libertad; SC= Suma de cuadrados; %SC= Porcentaje de suma de cuadrados; CM= Cuadrado medio

El estudio de la interacción con el análisis AMMI se complementó con el empleo del gráfico biplot (Figura 1) en dos dimensiones, el cual en conjunto explica un 50.02% de la varianza (% de CP1 + CP2), se forma un polígono usando como vértices los híbridos que quedan en la parte externa del biplot.

La Figura 2 muestra la ubicación de cada uno de los híbridos y ambientes que se analizaron en el ensayo de maíces amarillos, los híbridos 1 y 14 ubicados muy cerca del origen se muestran estables y con buenos rendimientos en todos los ambientes. Los híbridos 5, 10 y 20, ubicados en posiciones cercanas al origen de los ejes, contribuyen poco a la interacción y se consideran estables pero con bajos rendimientos, con relación a los que se encuentran más alejados del origen.

Los híbridos 2 y 11, mostraron tener altos rendimientos, por encima de la media general, pero su rendimiento difiere de manera considerable de un ambiente a otro. Los híbridos 3, 6, 8, 11, 13 y 15 son los que más aportan a la interacción, formando así los vértices del polígono.

Los ambientes ubicados más cercanos al origen como CE (Cuyutla, Escuintla, Guatemala), PC (Playita, Comayagua, Honduras), SGC (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua), EEP (El Ejido, Panamá), son los ambientes que presentaron menor interacción, y por lo tanto se considera que presentan condiciones ambientales semejantes con respecto a factores importantes para la interacción; los ambientes más discriminantes y que contribuyeron mayormente a la interacción el ambiente fueron MN (Managua, Nicaragua), AF (Agua Fría, Puebla, México), MJ (La Máquina Suchitepequez, Guatemala) y MO (Las Monjas Jalapa, Guatemala).

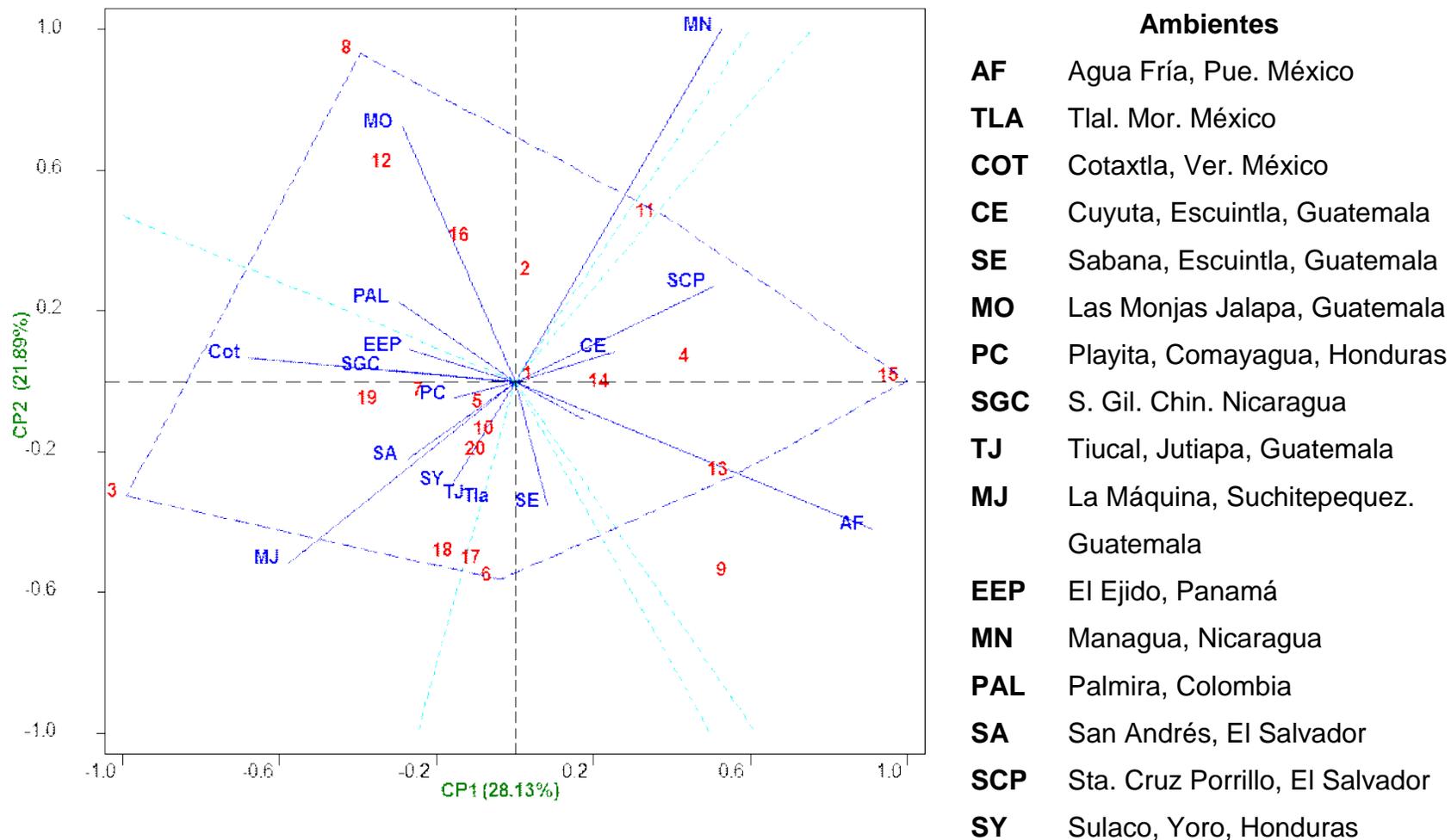


Figura 2. Grafico biplot de la contribución de los genotipos y de los ambientes a la interacción, representada mediante los ejes de los dos primeros componentes principales para el rendimiento de 20 híbridos tropicales de endospermo amarillo evaluados en 16 ambientes.

Con esta información es posible identificar grupos de ambientes, el biplot evidencia una de las ventajas de esta técnica, que es el agrupamiento de localidades con ambientes similares. Se distinguen cuatro grupos de ambientes, tomando en cuenta los vértices punteados del biplot, confirmando así que el primer grupo lo integran SCP (Santa Cruz Porrillo, El Salvador), CE (Cuyuta, Escuintla, Guatemala) y MN (Managua, Nicaragua), el segundo grupo está compuesto por las localidades de MO (Las Monjas Jalapa, Guatemala), PAL (Palmira, Colombia), EEP(El Ejido, Panamá), SGC (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua) y COT (Cotaxtla, Ver. Méx.); el tercer grupo de ambientes quedó conformado por PC (Playita Comayagua, Honduras), SA (San Andrés, El Salvador), SY (Sulaco Yoro, Honduras), Tla (Tlaltizapan, Mor. Méx.), TJ (Tiucal Jutiapa, Guatemala) y MJ (La Máquina, Suchitepequez, Guatemala) el cuarto grupo de ambientes estuvo conformado por AF (Agua Fría, Pue. Méx) y SE (Sabana, Escuintla, Guatemala) permitiendo reducir el número de ambientes de evaluación, eliminando aquellos que contribuyen en menor grado a la interacción y discriminación de genotipos.

Los ambientes que presentaron mayor contraste entre ellos fueron MN (Managua, Nicaragua) con MJ (La Máquina, Suchitepequez, Guatemala); AF (Agua Fría, Veracruz, México) con PC (Palmira, Colombia) y MO (Las Monjas Jalapa, Guatemala) con SE (Sabana, Escuintla Guatemala).

Algunos materiales presentaron mayor adaptación en algunos ambientes específicos; por ejemplo, en el caso de CE (Cuyuta Escuintla, Guatemala) sobresalieron los híbridos 1, 14 y 4; para MO (Las Monjas, Jalapa, Guatemala) se encontraron los híbrido 12 y 16; para el caso de las localidades SY (Sulaco, Yoro, Honduras), TLA (Tlaltizapan, Morelos, México), TJ (Tiucal, Jutiapa, Guatemala), se encuentran los híbridos 10 y 20, los cuales presentan una buena adaptación específica y con rendimientos estables.

4.3 Evaluación de agrupamiento de ambientes y genotipos con SREG con dos componentes: FA

Ensayo 1

Los dos primeros componentes de SREG FA explican el 75.52% de la variación para el factor 1 y 10.94% para el factor 2 y se representan en el biplot de la Figura 3, exhibiendo los patrones de respuesta de 29 genotipos tropicales de endospermo blanco evaluados en 15 ambientes.

Crossa *et al.* (1990) mencionan que los genotipos y ambientes con coordenadas elevadas sobre la CP1, consideradas en valor absoluto, contribuyen en mayor medida a la interacción $G \times A$, mientras los genotipos y ambientes con CP1 cercanos a cero tienen poca participación sobre este efecto. De acuerdo con esta interpretación, se puede apreciar que los ambientes con mayor aporte a la interacción corresponden a S.Cr (Santa Cruz, Porrillo, El Salvador), Tla (Tlaltizapán, Morelos México) y To.Ar (Tocorón, Aragua, Venezuela); el ambiente de S. Gil. Chin. (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua) se muestra contrastante con el resto de los ambientes, con excepción de To. Ar. (Tocorón, Aragua, Venezuela); por otra parte, los genotipos más estables y con buen rendimiento fueron los híbridos 1 y 7.

En cuanto a los ambientes, se observa un grupo en el cuadrante superior derecho, donde se ubican Ma.Ni (Managua, Nicaragua), S. Es (Sabana, Escuintla, Guatemala), Yo.Ho (Yoro, Honduras), Q. Ju (Quesada, Jutiapa, Guatemala), Ti.Ju. (Tiucal, Jutiapa, Guatemala), Pl.Com (Playita, Comayagua, Honduras.), Cot (Cotaxtla, Veracruz México); y se observa otro grupo en el cuadrante inferior derecho To.Ar. (Tocorón Aragua, Venezuela), P.Col. (Palmira, Colombia) y Tla (Tlaltizapán, Morelos, México), mientras que S. Gil.Chi (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua) queda como único del grupo en el lado izquierdo de la misma figura como un ambiente con condiciones no favorables para los genotipos.

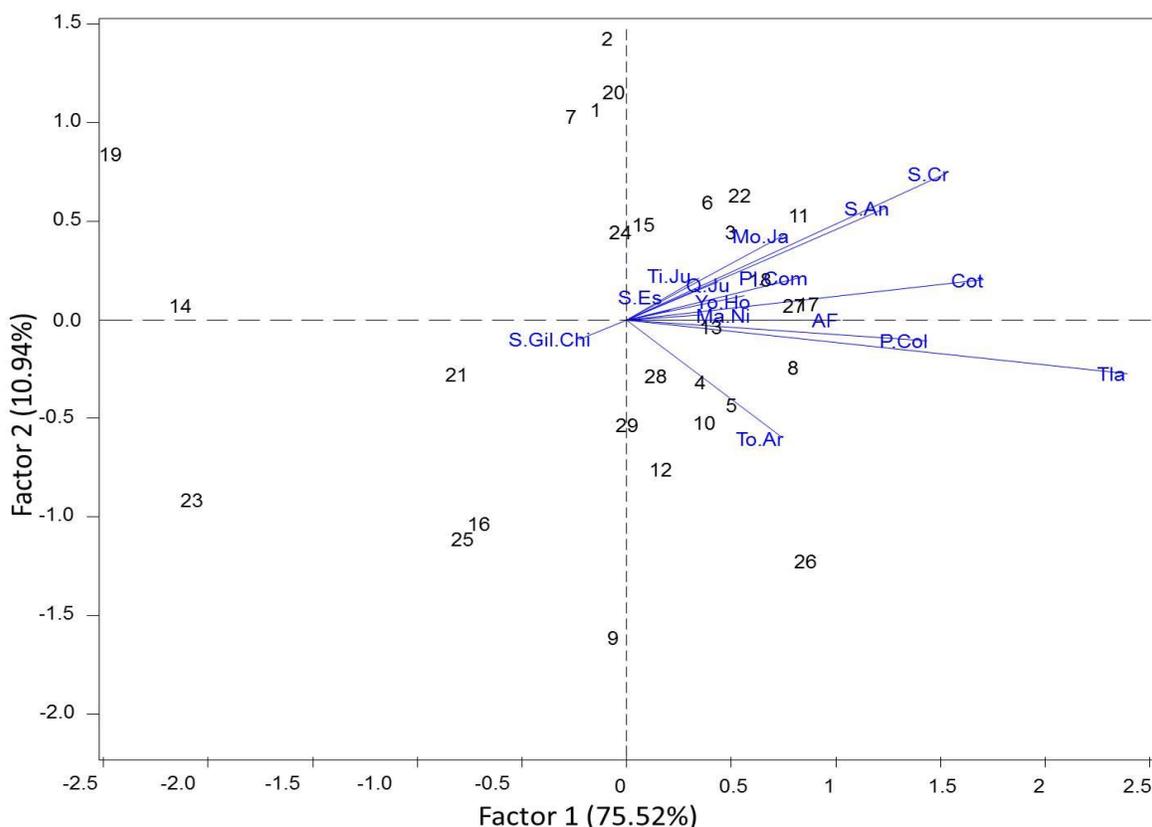


Figura 3. Grafico biplot del SREG FA con los dos componentes de los datos de rendimiento de grano de 29 genotipos tropicales de grano blanco y 15 ambientes.

El biplot de patrones descriptivos generales de genotipos y ambientes ofrece la posibilidad de identificar algunos pares extremos de genotipos y de ambientes. Por ejemplo, en el ambiente To.Ar (Tocorón, Aragua, Venezuela) los genotipos con mejor rendimiento fueron los híbridos 4 y 5, mientras que en Cot (Cotaxtla, Veracruz, México) los genotipos más sobresalientes fueron los híbridos 17 y 27. Sobre la base de cargas de los genotipo y puntajes de los ambientes de los factores del SREG FA, se realizó un análisis de conglomerados de ambiente y genotipos, utilizando el método de vinculación completa, usando los dendrogramas como guía para observar los conjuntos de ambiente y genotipos con interacción.

La Figura 4 muestra los patrones ambientales representados en el biplot de la Figura 3, confirmándose la delimitación clara de dos grupos, partiendo de las dos primeras ramas (nivel de corte a una distancia de 1.8), observando por un lado AF, Mo.Ja, Pl.Com, Ma.Ni., S.Es, Q.Ju, Ti.Ju, Yo.Ho, To.Ar, S.Gil.Chi y un segundo grupo que engloba a los ambientes de Cot, P.Col, S.An, S.Cr y Tla;

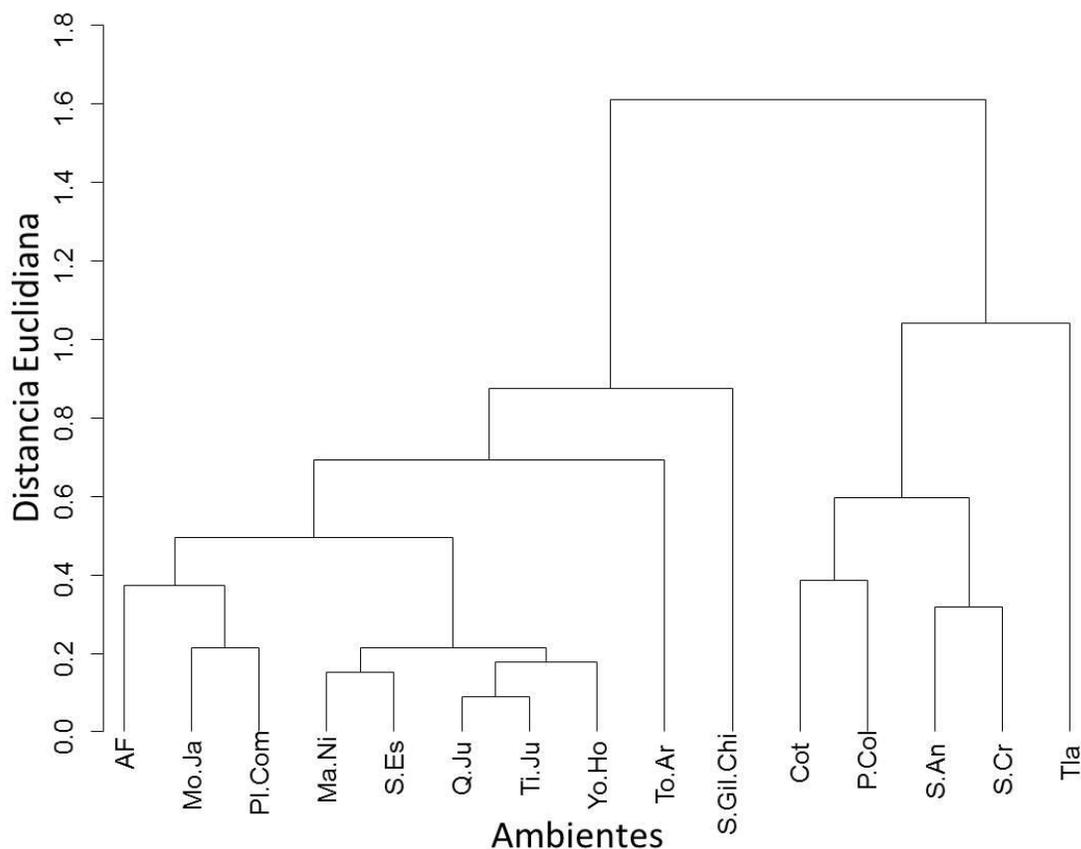


Figura 4. Dendrograma de 15 ambientes de los datos de rendimiento de grano de 29 híbridos de maíz de endospermo blanco, usando los dos componentes de SREG FA para los ambientes bajo evaluación.

En un segundo nivel de corte (a un nivel de corte a una distancia de 1.0) del dendrograma se ubican tres subgrupos de ambientes, el primero compuesto por AF (Agua Fría, Puebla, México), Mo.Ja (Las Monjas Jalapa, Guatemala), P.Col (Palmira, Colombia), Ma.Ni (Managua Nicaragua), S.Es (Sabana Escuintla, Guatemala), Q.Ju (Quesada, Jutiapa, Guatemala), Ti.Ju (Tiucal, Jutiapa,

Guatemala), Yo.Ho (Yoro, Honduras), To.Ar (Tocorón, Aragua, Venezuela) y S.Gil.Chi (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua); el segundo subgrupo incluye a Cot. (Cotaxtla, Veracruz, México), P.Col. (Palmira, Colombia), S.An (San Andrés, El Salvador), y S. Cr (Sta. Cruz, Porrillo, El Salvador); y el tercer subgrupo sólo incluye el ambiente de Tla (Tlaltizapán, Morelos, México).

En el tercer nivel de corte (a una distancia de 0.8) de la Figura 4 se ubicaron cuatro subgrupos de ambiente, el primer subgrupo que contiene AF (Agua Fría, Puebla, México), Mo.Ja (Las Monjas Jalapa, Guatemala), P.Col (Palmira, Colombia), Ma.Ni. (Managua, Nicaragua), S.Es (Sabana, Escuintla, Guatemala), Q.Ju (Quesada Jutiapa, Guatemala), Ti.Ju (Tiucal, Jutiapa, Gua.), Yo.Ho (Yoro, Honduras) y To.Ar (Tocorón, Aragua, Venezuela), en el segundo subgrupo sólo se encuentra S. Gil.Chi. (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua), en el tercer subgrupo se encuentra Cot, P.Col., S.An. y S.Cr., y el cuarto grupo sólo contiene el ambiente de Tla (Tlaltizapan, Morelos, México). La agrupación de estos ambientes refleja patrones similares, esta agrupación probablemente es debida a las condiciones ambientales de los sitios.

En la Figura 5 se muestra la distribución de agrupamiento de los 29 genotipos evaluados; los genotipos 17 y 27 se aglutinan en un solo grupo, reafirmando el mensaje de la Figura 3, donde se muestra que estos dos genotipos son estables y de buen rendimiento a través de las localidades; los genotipos 1 y 7, 15 y 24, 16 y 25, son genotipos con rendimiento por debajo de la media general, mientras que los genotipos 3, 6 y 22 presentaron rendimientos altos, pero inestables de ambiente a ambiente (Figuras 3 y 5); los genotipos 17, 18 y 27 son considerados estables y de buen rendimiento en Cot (Cotaxtla, Veracruz, México), AF (Agua Fría, Puebla, México) y de acuerdo con la Figura 3 que los agrupa en uno solo, el genotipo 18 se presenta estable y con rendimientos semejantes al de los genotipos 17 y 27.

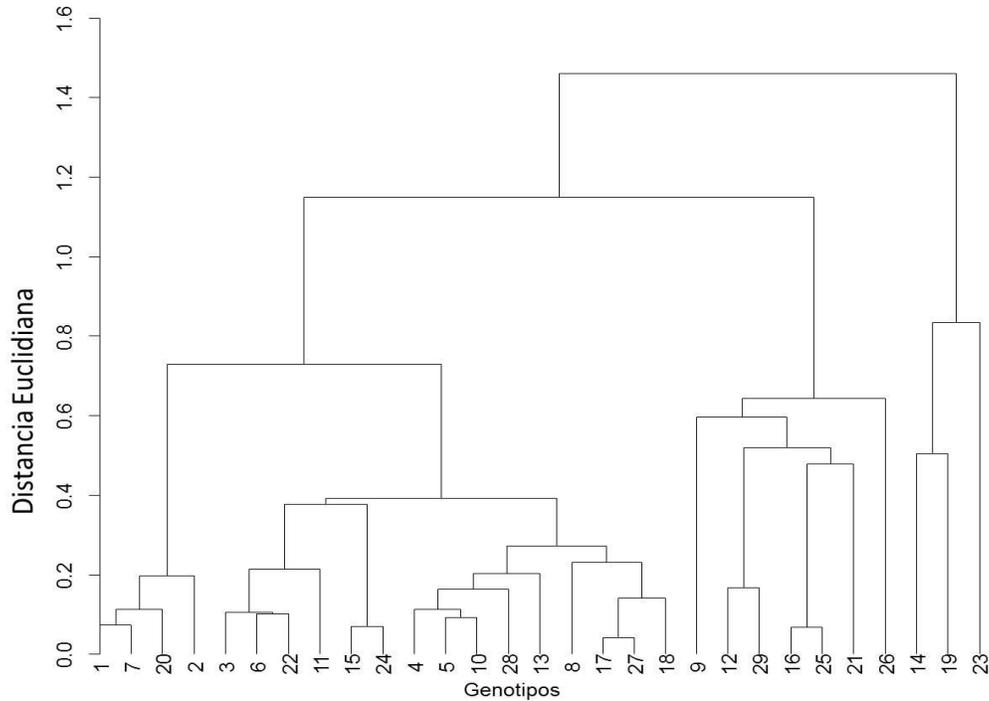


Figura 5. Dendrograma para los 29 genotipos tropicales de maíz con endospermo blanco agrupados por su rendimiento de grano utilizando los dos componentes de los genotipos del SREG FA.

El paso a otro nivel de corte (a una distancia de 0.1) del dendrogramas permite un nuevo agrupamiento de los genotipos 4, 5, 10 y 28, como genotipos con bajos rendimientos para la localidad de To. Ar (Tocorón, Aragua, Venezuela) (Figura 3); los genotipos 3, 6, 11 y 22 con buen rendimiento para las localidades de Mo.Ja (Las Monjas Jalapa, Guatemala), S.An (San Andrés, El Salvador) y S. Cr (Sta. Cruz, El Salvador), pero para los demás ambientes es inestable en rendimiento. Entre más cortas sean las ramas, los ambientes se consideran más estables y con buenos rendimientos.

Ensayo 2

El gráfico biplot de la Figura 6, cuyos factores del SREG FA explican el 58.7% y 23.50% para el factor 1 y factor 2, respectivamente, los cuales se

definieron a partir del modelo SREG FA muestran la ubicación gráfica de los 16 ambientes y los 20 genotipos de endospermo amarillo evaluados.

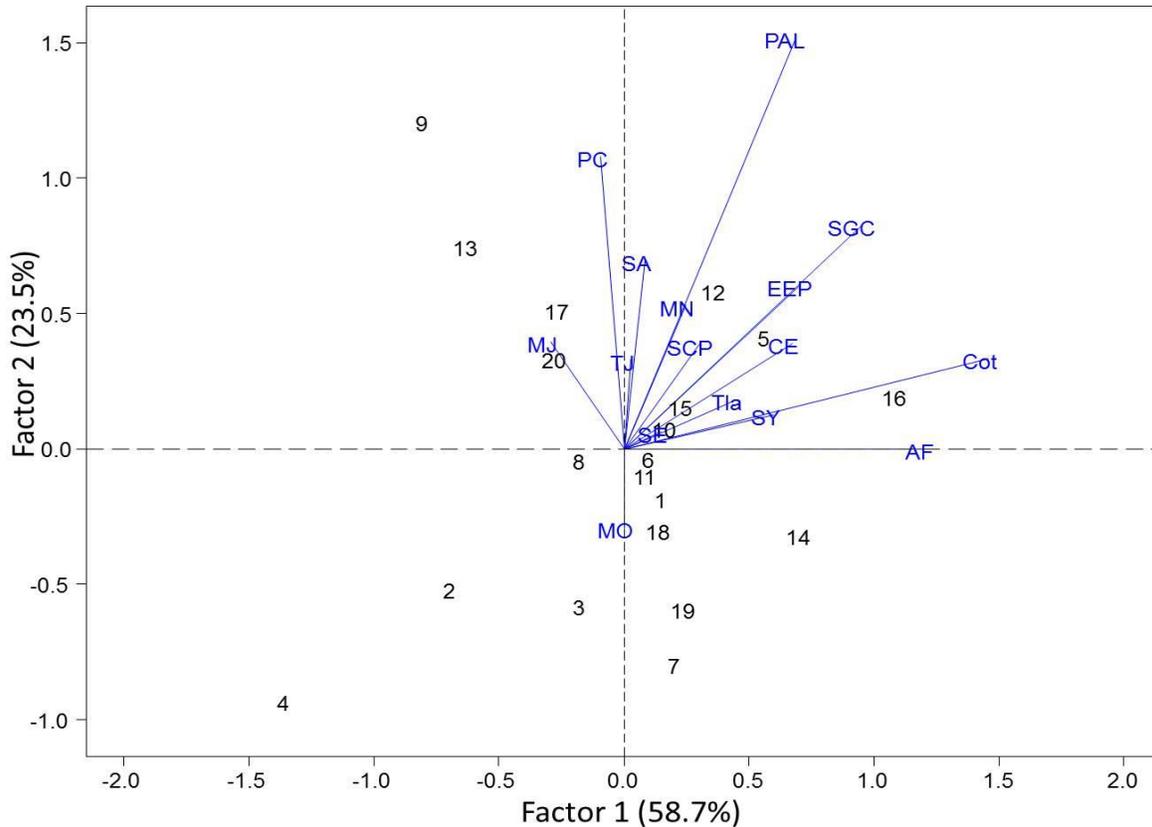


Figura 6. Grafico biplot del SREG FA con los dos componentes de los datos de rendimiento de grano de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo, evaluados en 16 ambientes.

Los ambientes que más contribuyen a la interacción son PAL (Palmira, Colombia), SGC (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua), AF (Agua Fría, Puebla, México) y Cot (Cotaxtla, Veracruz México), mientras que los ambiente de MJ (La Máquina, Suchitepequez, Guatemala), Tla (Tlaltizapan, Morelos, México) interactuaron de menor grado con el ambiente; por otra parte, MO (Las Monja, Jalapa, Guatemala), se mostró contrastante con el resto de los ambientes. Adicionalmente, se observa que 13 de los 16 ambientes [AF, (Agua Fría, Puebla, México), Cot. (Cotaxtla, Veracruz, México), CE (Cuyutla, Escuintla, Guatemala),

EEP (El Ejido, Panamá), SY (Sulaco, Yoro, Honduras), Tla (Tlaltizapán, Morelos, México), SGC (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua); MN (Managua, Nicaragua), SCP (Sta. Cruz Porrillo, El Salvador), TJ (Tiucal, Jutiapa, Guatemala) SA (San Andrés, El Salvador), SE (Sabana Escuintla, Guatemala) y PAL (Palmira, Colombia)] se ubican en el cuadrante superior derecho.

Con respecto a los genotipos ubicados en posiciones cercanas al origen de los ejes contribuyen poco a la interacción con relación a los que se encuentran más alejados, por lo que pueden considerados más estables ó también pueden ser considerados de adaptabilidad más general, por interaccionar menos con los ambientes. Se observa que la mayor parte de éstos se localizan en el lado positivo del primer factor (1, 5, 6, 7,10, 11, 12, 14, 15, 16, 18, 19,) contra los genotipos 2, 3, 4, 8, 9, 13,17 y 20, que se ubican de lado izquierdo del biplot. Los genotipos 4 y 9 están más alejados en un segundo subconjunto; los genotipo 6, 11, 10 y 15 presentan estabilidad en todos los ambientes, a juzgar por su ubicación muy cerca al origen. Tomando en cuenta el segundo factor, los genotipos 4 y 9 presentan las puntuaciones más extremas.

En la Figura 6 se identifican algunos pares de genotipos y de sitios con relación en particular; por ejemplo, los genotipos 10 y 15 presentan mejor rendimiento en los ambiente de Tla (Tlaltizapan, Morelos, México) y SE (Sabana Escuintla, Guatemala); mientras que para Cot (Cotaxtla, Veracruz, México) y AF (Agua Fría, Puebla, México) el genotipo 16 es de alto rendimiento. A partir de los componentes de los genotipos y puntajes de los ambientes del modelo FA(2), se realizó un análisis de conglomerados de ambientes y genotipos como guía para la observación de subconjuntos de ambiente y genotipos.

La Figura 7 muestra el dendrograma con la agrupación de los ambientes de evaluación con base en las componentes de los factores 1 y 2 de SREG FA.

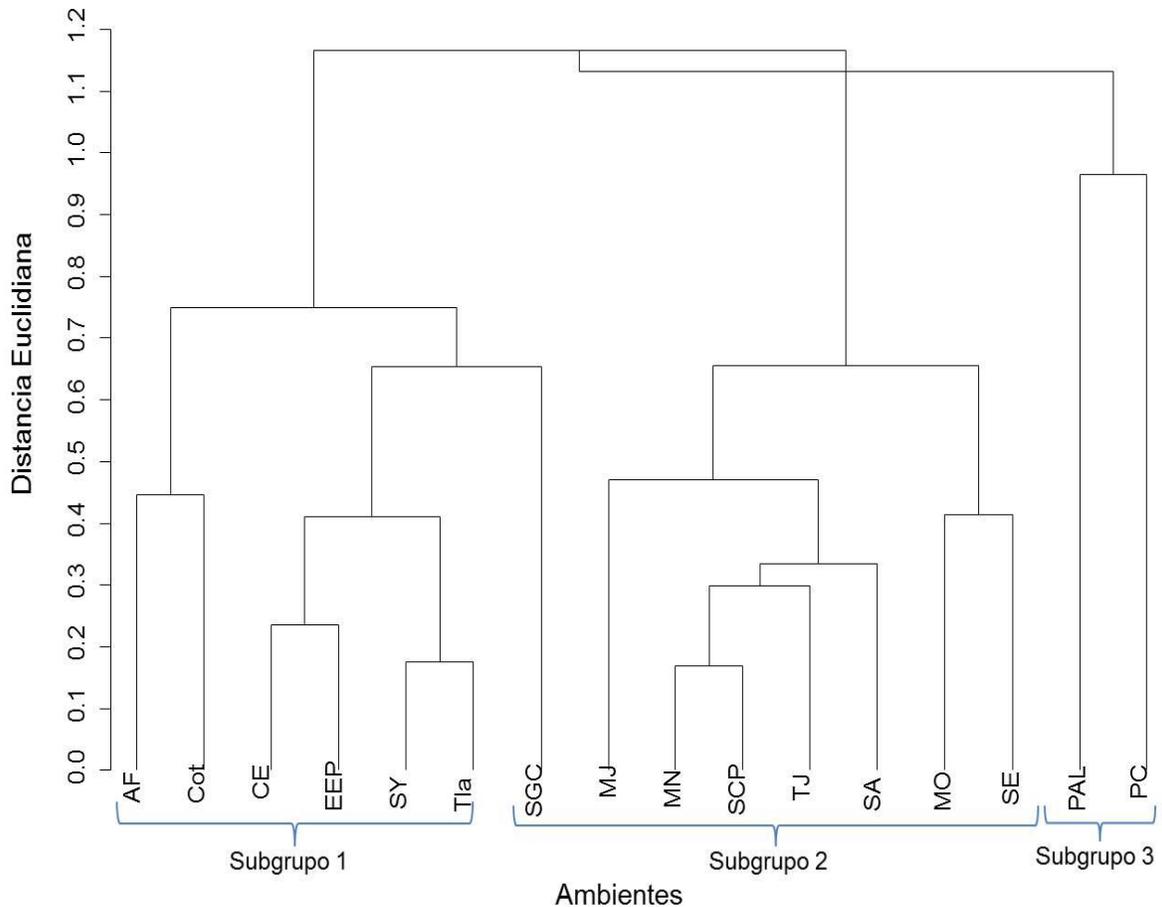


Figura 7. Dendrograma mostrando el agrupamiento de 16 ambientes para producción de híbridos de maíz de endospermo amarillo usando los dos componentes de SREG FA.

Es posible observar una división en dos grandes ramas; la primera formada por los ambientes de AF, (Agua Fría, Puebla, México), Cot. (Cotaxtla, Veracruz, México), CE (Cuyutla, Escuintla, Guatemala), EEP (El Ejido, Panamá), SY (Sulaco, Yoro, Honduras), Tla (Tlaltizapan, Morelos, México) y SGC (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua), en la que se distinguen dos subgrupos (a un nivel de corte de 0.8); el subgrupo 1, separa la localidad de CE (Cuyutla, Escuintla, Guatemala), mientras que el subgrupo 2, incluye siete ambientes que son: MN (Managua, Nicaragua), MJ (La Máquina Suchitepéquez, Guatemala), SCP (Sta. Cruz Porrillo, El Salvador), TJ (Tiucal Jutiapa, Guatemala) SA (San Andrés, El Salvador), MO (Las Monjas, Jalapa, Guatemala) y SE (Sabana Escuintla,

Guatemala). En este grupo cuatro ambientes pertenecen a Guatemala y dos a El Salvador.

La segunda rama del dendrograma contiene un solo grupo de dos unidades que son los ambientes de PAL (Palmira, Colombia) y PC (Playita Comayagua, Honduras); y que a un nivel de corte de 0.8 se separan en dos subgrupos asociados a la interacción Genotipo \times Ambiente. Adicionalmente, se observa que se asocian localidades de distintos países en un mismo subgrupo. Esto agrupamiento de localidades muestra que existe similitud entre dichos ambientes que podrían deberse a factores edafoclimaticos. Esto permite reducir el número de ambientes de evaluación eliminando aquellos que contribuyen por igual en la interacción y discriminación de genotipos.

En la Figura 8 se muestra el dendrograma construido con las puntuaciones del SREG FA, en el que se observan dos grandes grupos de genotipos a un nivel de corte 1.35; el primer grupo engloba a los genotipos 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 10, 11, 15, 18 y 19, mientras que en el segundo grupo se encuentran los genotipos 5, 9, 12, 13, 14, 16, 17 y 20. A un nivel de corte de 0.8, dentro de la primera rama del dendrogramas se ubicaron dos subgrupos, el subgrupo 1, que comprende los genotipos 1, 2, 3, 6, 7, 8, 10, 11, 15, 18 y 19 y el subgrupo 2, en el cual sólo se ubica el genotipo 4; por otra parte, dentro de la segunda rama del dendrograma se presentan dos subgrupos, el primer subgrupo compuesto por los genotipos 9,13,17 y 20 y el segundo subgrupo compuesto por los genotipos 5,12,14 y 16. El patrón de agrupamiento es similar al presentado en la Figura 6 del biplot; mostrando así a los genotipos 14 y 16 con rendimiento por encima de la media general, y por otra parte los genotipos 1, 2, 3, 6, 7, 8, 19 y 18 presentan rendimientos por debajo de la media general. Los genotipos 10 y 15 son estables en todos los ambientes. La agrupación de los genotipos en diferentes subgrupos puede atribuirse a una interpretación biológica o genética, así como a factores ambientales que presentan los sitios para así presentar dicho agrupamiento de los genotipos.

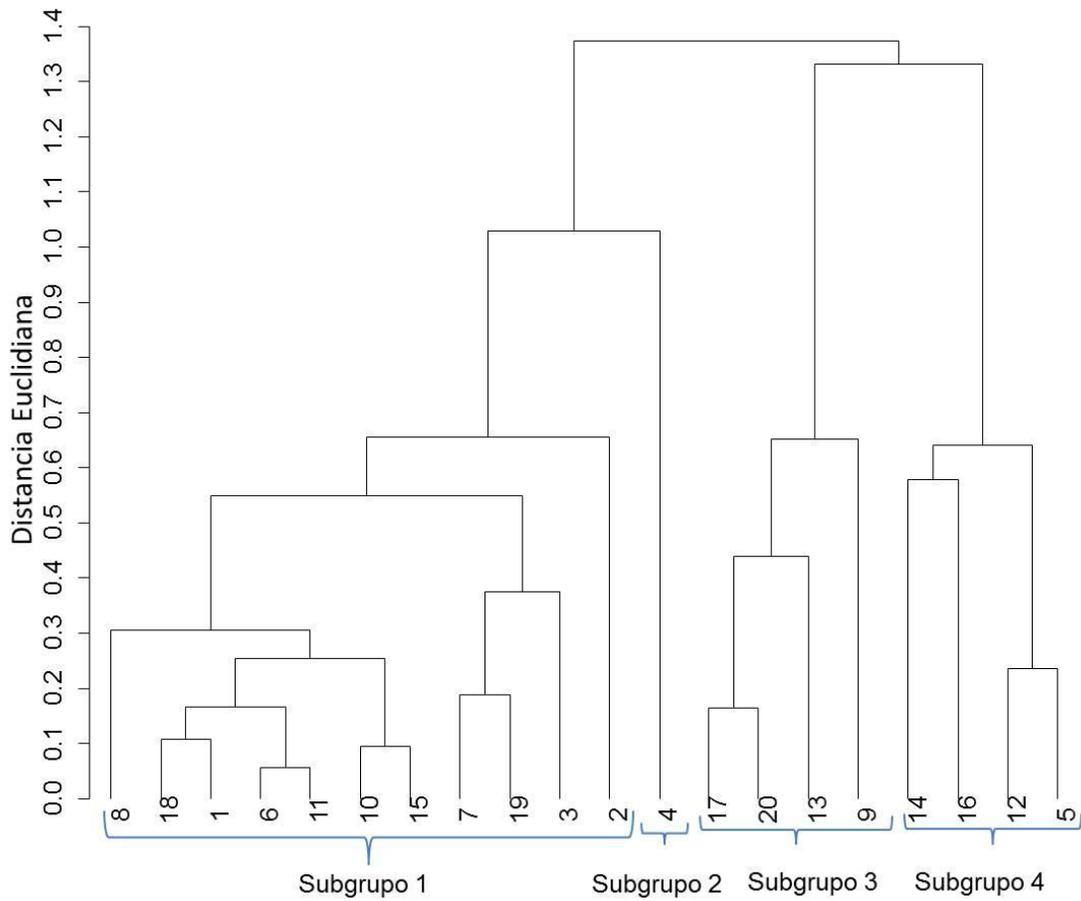


Figura 8. Dendrograma que muestra la agrupación de 20 genotipos de maíz tropical con endospermo amarillo, usando las cargas de los genotipos de SREG FA.

V. Conclusiones

Los análisis de varianza por localidad y combinado para las variables rendimiento, días a floración femenina, días a floración masculina, acame de raíz y acame de tallo en ambos ensayos en general mostraron diferencias significativas entre los diferentes genotipos, ambientes y la interacción genotipos por ambiente, visualizando que existe potencial productivos.

El modelo AMMI fue útil para entender la compleja interacción genotipo por ambiente existente en caracteres cuantitativos como el rendimiento de grano, lo que permite ganar precisión, mejorando el proceso de selección y sumando eficacia experimental formando grupos de ambientes de igual respuesta, así como grupos de ambientes que poco contribuyen a la interacción y discriminación de los genotipos como el caso de AF (Agua Fría, México); S.An (San Andrés, El Salvador); PI.Com (Playita Comayagua, Honduras); Ma.Ni (Managua, Nicaragua) y Q.Ju (Quesada, Jutiapa, Guatemala) para el grupo de híbridos de endospermo blanco QPM normal (ensayo 1); y CE(Cuyutla, Escuintla, Guatemala), PC(Playita, Comayagua, Honduras), SGC (San Gilberto Chinandenga, Nicaragua), EEP (El Ejido, Panamá), para el grupo de híbridos de endospermo amarillo QPM normal (Ensayo 2).

La aplicación de SREG FA fue altamente efectiva, los ambientes fueron agrupados con mayor precisión. Estos resultados demuestran la aplicabilidad de este método para definir los mega-ambientes cuando existe poca interacción. Los resultados con base en este método muestran que, desde la perspectiva de un mejorador, es importante tener en cuenta la combinación de ciertos subconjuntos de ambientes en un grupo más amplio (mega-ambientes), esto puede mejorar a representar ciertas poblaciones objetivo que pueden ser representadas por otras.

VI. Literatura citada

- Bucio-Alanis, L. 1966. Environmental and genotype-environmental components of variability. I. Inbred lines. *Heredity* 21:387-397.
- Burgueño, J.; Crossa, J.; Cornelius, P.L.; Yang, R.-C. (2008) Using factor analytic models for joining environments and genotypes without crossover genotype \times environment interaction. *Crop Sci.*, 48, 1291-1305.
- Burgueño, J. 2009. El modelo de factores analíticos para el estudio de la interacción genotipo \times ambiente. Contribución a la Sesión Especial Interacción Genotipo \times Ambiente (IGA). 2° Encuentro Iberoamericano de Biometría, V Reunión de la Región Centroamericana y del Caribe de la Sociedad Internacional de Biometría. 29 al 31 de julio de 2009. Boca del Río, Veracruz.
- Burgueño, J., J. Crossa, P. L. Cornelius, and R.-C. Yang. 2008. Using factor analytic models for joining environments and genotypes without crossover genotype \times environment interaction. *Crop Science* 48: 1291-1305.
- Burgueño, J., J. Crossa, P. L. Cornelius, R. Trethowan, G. McLaren, and A. Krishnamachari. 2007. Modeling additive \times environment and additive \times additive \times environment using genetic covariances of relatives of wheat genotypes. *Crop Science* 47: 311-320.
- Chaves, L. J. 2001. Interação de genótipos com ambientes. *In: Recursos genéticos e melhoramento-plantas.* (Eds) Nass, L. L., A. C. C. Valois, I. S. de Melo, M. C. Valadares-Inglis (eds). Fundação MT. Rondonópolis. pp: 673-713.
- Cornelius, P. L., J. Crossa, and M. S. Seyedsadr. 1996. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interactions. *In: Genotype-by-Environment Interaction.* Kang, M. S., H. G. Gauch (eds). CRC Press. Boca Raton, FL. pp. 199-234.
- Crossa, J., 1990. Statistical analyses of multilocational trials. *Advances in Agronomy.* 44:55-85.
- Crossa, J., P. N. Fox, W. H. Pfeiffer, S. Rajaram, and H. G. Gauch, Jr. 1991. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. *Theoretical and Applied Genetics* 81: 27-37.

- Crossa, J., B. Wescott, and C. Gonzalez. 1988. Analysing yield stability of maize genotypes using a spatial model. *Theoretical and Applied Genetics* 75: 863-868.
- Crossa, J. and P. L. Cornelius. 1997. Site regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. *Crop Science* 37: 406-415.
- Crossa, J., J. Burgueño, P. L. Cornelius, G. McLaren, R. Trethowan et al., 2006. Modeling genotype x environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. *Crop Sci.* 46: 1722–1733.
- Crossa, J., y P. L. Cornelius. 2000. Modelos lineales bilineales para el análisis de ensayos de genotipos en ambiente multiples. *In: Simposium: Interacción Genotipo x Ambiente. XIII Congreso Nacional de Fitogenetica. Sociedad Mexicana de Fitogenetica A.C. 15-20 de octubre 2000. Irapuato, México. pp: 61-68.*
- Crossa, J., P. L. Cornelius y M. Vargas. 2000. Modelos estadísticos multiplicativos para el análisis de la interacción genotipo x ambiente. *Manual de Comunicación y Divulgación en Estadística. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. Mexico, D.F.*
- Crossa, J., H. G. Gauch, Jr, and R. W. Zobel. 1990. Addive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Science* 30: 493-500.
- Cubero S., J. I. y F. Flores. 1995. *Métodos Estadísticos para el Estudio de la Estabilidad Varietal en Ensayos Agrícolas. Junta de Andalucía, Consejería de Agricultura y Pesca. Sevilla, España. 176 p.*
- Eberhart, S. A. and W. A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science* 6:36-40.
- Gabriel, K.R. 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58: 453-467.
- Gauch, H. G. 1988. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics* 44: 705-715.
- Gauch, H. G. 1992. *Statistical Analysis of Regional Yield Trials. AMMI Analysis of Factorial Designs. Elsevier Science Publishers. Amsterdam, The Netherlands. 279 p.*
- Gauch, H. G. 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Science* 46: 1488–1500.

- Gauch, H.G., and R. W. Zobel. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Science* 37: 311-326.
- Glaz, B. and M. S. Kang. 2008. Location contributions determined via GGE biplot analysis of multienvironment sugarcane genotype-performance trials. *Crop Science* 48: 941-950.
- Gollob, H. F. 1968. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika* 33: 73-115.
- Kelly, A. M., A. B Smith, J. A Eccleston, and B. R. Cullis. 2007. The accuracy of varietal selection using the factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. *Crop Science* 47: 1063-1070.
- Kempton, R. A. 1984. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *Journal of Agricultural Science* 103: 123-135.
- Márquez S., F. 1976. El problema de la interacción genético-ambiental en genotecnica vegetal. PATENA, A. C. Chapingo, Edo. de México. 113 p.
- Martínez G., A. 1998. Diseños Experimentales. Métodos y Elementos de Teoría. Ed. Trillas. México, D.F. 756 p.
- Medina, M., T. Abadie, D. Vilaró y S. Ceretta. 2001. Estudio metodológico de adaptación de cultivares de maíz para silo a las condiciones de Uruguay. *Agrociencia (Uruguay)* 5: 23-31.
- Molina G., J. D. 1992. Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (Algunas Implicaciones en Genotecnia). AGT Editor, S.A. México, D.F. 349 p.
- Nachit, M. M., G. Nachit, H. Ketata, Gauch Junior, H.G.; Zobel, R.W. 1992. Use of AMMI and linear regression models to analyze genotype-environment interaction in durum wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 83: 597-601.
- Oakey, H., A. Verbyla, W. Pitchford, B. Cullis, and H. Kuchel. 2006. Joint modeling of additive and non-additive genetic line effects in single field trials. *Theoretical and Applied Genetics* 113: 809-819.
- Pandey, S. y J. E. Vargas. 1985. La interacción genotipo-medio ambiente y su importancia en el mejoramiento intrapoblacional en las plantas cultivadas. VII Congreso Latinoamericano de Genética. I Congreso Colombiano de Genética. Bogotá, Colombia. p. 38.

- Patterson, H. D. and E. R. Williams. 1976. A new class of resolvable incomplete block designs. *Biometrika* 63: 83-92.
- Piepho, H.-P. 1997. Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative terms. *Biometrics* 53:761–766.
- Piepho, H.-P. 1998. Methods for comparing the yield stability of cropping systems- A review. *Journal of Agronomy and Crop Science* 180: 193-213.
- Riggs, T. J. 1986. Collaborative spring barley trials in Europe 1980-1982: analysis of grain yield. *Plant Breeding* 96: 289-303.
- Romagosa I., and P. N. Fox. 1993. Genotype x environment interaction and adaptation. *In: Plant Breeding. Principles and Prospects.* Hayward, M. D., N. O. Bosemark. I. Romagosa, and M. Cerezo. Springer. Amsterdam, The Netherlands. pp. 373-390.
- Salas E., H. Juárez, D. Giraldo, W. Amorós, R. Simon, y M. Bonierbale. 2009. Modelos de análisis de estabilidad y definición de ambientes basados en GIS. Centro Internacional de la Papa. Lima, Perú. 63 p.
- Shafii, B., K. A. Mahler, W. J. Price, and D. L. Auld. 1992. Genotype x environment interaction effects on winter rapeseed yield and oil content. *Crop Science* 32: 922-927.
- Smith, A. B., B. R. Cullis, and R. Thompson. 2002. Exploring variety-environment data using random effects AMMI models with adjustment for spatial field trends: Part 1: Theory. *In: Quantitative Genetics, Genomics, and Plant Breeding.* Kang, M. S. (ed). CABI Publishing, Wallingford, UK. pp: 323-335.
- Smith, A.B., B. R. Cullis, and R. Thompson. 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. *Journal of Agricultural Science* 143: 449-462.
- Sprague, G. F. and S. A. Eberhart. 1977. Corn breeding. *In: Corn and Corn Improvement.* Sprague, G. F. (ed). American Society of Agronomy. Madison, Wisconsin. pp. 305–362.
- Vallejo C., F. A., M. Espitia C., O. Checa C., T. C. Lagos B., F. Salazar V., y E. Restrepo S. 2005. Análisis Estadísticos para los Diseños Genéticos en Fitomejoramiento. Universidad Nacional de Colombia. Palmira, Colombia. 249 p.
- Verma, M. A, G. S. Chahal, and B. R. Murty. 1978. Limitations of conventional regression analysis. A proposed modification. *Theoretical and Applied Genetics* 53: 89-91.

- Yan, W. 2002. Singular-value partitioning in biplot analysis of multienvironment trial data. *Agronomy Journal* 94: 990-996.
- Yan, W., L. A. Hunt, Q. Sheng, and Z. Szlavnic. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science* 40: 597-605.
- Yan, W., and L. A. Hunt. 2001. Interpretation of genotype x environment interaction for winter wheat yield in Ontario. *Crop Science* 41: 19-25.
- Yan, W. and M. S. Kang. 2003. *GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists*. CRC Press LLC. Boca Raton, FL. 271 p.
- Zobel, R. W., M. J. Wright, and H. G. Gauch, Jr. 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal* 80: 388-393.

ANEXO

Cuadro 1A. Análisis de varianza por localidad para rendimiento de grano de 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 15 ambientes

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios								
		AF	Cot	Ma.ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An	S. Cruz
Híbridos	31	2.03**	5.98**	0.90**	4.22**	4.22**	2.00**	0.79**	4.34**	6.06**
Rep	2	1.26*	2.04**	0.18ns	24.26**	24.26**	4.37**	0.09ns	0.15ns	0.26ns
Blo(Rep)	21	0.66*	0.30	0.44ns	1.90**	1.90**	1.11ns	0.41ns	0.18ns	1.67ns
Error	41	0.38	0.30	0.28	0.85	0.85	0.93	0.27	0.20	0.79

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; ns= no significativo; Rep=repeticiones; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; AF= Agua Fría, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; Ma.Ni=Managua, Nicaragua; Mo.Ja= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col=Palmira, Colombia; Pl.Com= Playita Comayagua, Honduras; Q.Ju= Quesada Jutiapa, Guatemala; S.An= San Andrés, El Salvador; S. Cruz; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador.

Cuadro 1A. (Continuación)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios					
		S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar	Yo.Ho
Híbridos	31	0.27ns	4.48ns	0.95**	12.47**	4.84ns	1.40**
Repetición	2	1.56**	1.64ns	0.80*	0.67ns	14.98*	0.84**
Blo(Rep)	21	0.33*	3.21ns	1.02**	1.57ns	3.19ns	1.03**
Error	41	0.16	4.17	0.23	0.99	2.90	0.12

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; ns=no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; Blo=bloques; S.Es= Sabana, Escuintla, Guatemala; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapán, Morelos, México; To.Ar= Tocarón, Aragua, Venezuela; Yo.Ho= Yoro Honduras.

Cuadro 2A. Análisis de varianza por localidad para días a floración masculina de grano de 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 14 ambientes.

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios							
		AF	Cot	Ma.ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An
Híbridos	31	4.40**	7.09**	3.89**	1.32**	11.35**	3.63ns	6.16**	8.00**
Repetición	2	0.59ns	1.11ns	0.67ns	3.78**	0.41ns	10.18ns	2.75ns	1.06ns
Blo(Rep)	21	1.0ns	0.54ns	1.01*	1.50**	2.28ns	17.36*	0.93ns	1.03ns
Error	41	0.89	0.86	0.34	0.52	1.28	8.98	1.09	0.78

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; ns=no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; AF= Agua Fría, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; Ma.Ni=Managua, Nicaragua; Mo.Ja= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col=Palmira, Colombia; Pl.Com= Playita Comayagua, Honduras; Q.Ju= Quesada Jutiapa, Guatemala; S.An= San Andrés, El Salvador;

Cuadro 2A. (Continuación)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios					
		S. Cruz	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar	Yo.ho
Híbridos	31	5.13**	0.67ns	0.64ns	5.83**	9.01**	11.17ns
Repetición	2	1.25ns	0.31ns	0.03ns	1.04**	4.90**	19.78ns
Blo(Rep)	21	1.12ns	1.12ns	0.19ns	0.65**	0.91ns	8.02ns
Error	41	0.59	0.77	0.39	0.26	0.76	8.88

** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; ns= no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; S.Cruz= Santa Cruz, Porrillo, El Salvador; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapán, Morelos, México; To.Ar= Tocarón, Aragua, Venezuela; Yo.Ho= Yoro, Honduras.

Cuadro 3A. Análisis de varianza por localidad para días a floración femenina de grano de 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 14 ambientes

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios							
		AF	Cot	Ma.ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An
Híbridos	31	4.40**	7.09**	3.89**	1.32**	11.35**	3.63ns	6.16**	8.00**
Repetición	2	9.25**	6.01**	4.10**	0.98**	10.55**	3.63ns	6.91**	18.47**
Blo(Rep)	21	1.16ns	2.97ns	0.78ns	0.72ns	0.75ns	10.18ns	2.00ns	6.05**
Error	41	2.37	1.58	1.32	0.65	1.24	17.36	0.62	1.70

** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; ns= no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; AF= Agua Fría, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; Ma.Ni=Managua, Nicaragua; Mo.Ja= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col=Palmira, Colombia; Pl.Com= Playita Comayagua, Honduras; Q.Ju= Quesada Jutiapa, Guatemala; S.An= San Andrés, El Salvador; S. Cruz; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador.

Cuadro 3A. (Continuación)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios					
		S. Cruz	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar	Yo.ho
Híbridos	31	5.13**	2.66ns	0.51ns	9.15**	9.01**	11.93ns
Repetición	2	7.18**	0.10ns	0.04ns	6.67**	4.90**	5.66ns
Blo(Rep)	21	2.77ns	3.53ns	0.67ns	1.43*	0.91ns	12.02ns
Error	41	2.08	2.67	0.75	0.54	0.76	12.08

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; ns= no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; S.Es= Sabana Escuintla, Guatemala; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapán, Morelos, México; To.Ar= Tocarón Aragua, Venezuela; Yo.Ho= Yoro, Honduras.

Cuadro 4A. Análisis de varianza por localidad para acame de raíz de 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 12 ambientes

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios						
		AF	Cot	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	S.An	S. Cruz
Híbridos	31	4.40**	7.09**	1.32**	11.35**	3.63ns	8.00**	5.13**
Repetición	2	16.22**	502.31**	54.54**	2.38*	6.35ns	258.60**	10.82ns
Blo(Rep)	21	8.56ns	1469.73**	28.60ns	0.86ns	35.63ns	486.17**	5.59ns
Error	41	9.01	239.19	28.12	1.30	5.55	347.09	7.72

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; ns= no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; AF= Agua Fría, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; Ma.Ni=Managua Nicaragua; Mo.Ja= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col=Palмира Colombia; Pl.Com= Playita Comayagua Guatemala; Q.Ju= Quesada Jutiapa, Guatemala; S.An= San Andrés, El Salvador; S. Cruz; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador.

Cuadro 4A. (Continuación)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios				
		S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar
Híbridos	31	121.32ns	5.43ns	37.30ns	10.73**	1.11**
Repetición	2	36.63ns	0.51ns	2.35ns	7.12ns	0.17ns
Blo(Rep)	21	115.40ns	7.89ns	24.76ns	4.09ns	0.69*
Error	41	122.86	4.69	23.03	4.72	0.42

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; ns= no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; S.Es= Sabana Escuintla, Guatemala; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapán, Morelos, México; To.Ar= Tocarón, Aragua, Venezuela; Yo.Ho= Yoro, Honduras.

Cuadro 5A. Análisis de varianza por localidad para acame de tallo de 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 11 ambientes

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios					
		AF	Cot	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	S. Cruz
Híbridos	31	0.89ns	0.04ns	1.11*	0.65ns	0.17ns	1.45ns
Repetición	2	3.15ns	0.03ns	2.04*	0.69ns	0.00ns	1.41ns
Blo(Rep)	21	1.27	0.03ns	1.18*	0.41ns	0.21ns	1.35ns
Error	41	1.42	0.03	0.60	0.38	0.17	1.29

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ns=no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; AF= Agua Fria, Puebla, Mexico; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México.; Mo.Ja= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col=Palmira, Colombia; Pl Com= Playita Comayagua, Honduras; S. Cruz= Santa Cruz, Porrillo, El Salvador.

Cuadro 5A. (Continuación)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios				
		S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar
Híbridos	31	152.47ns	0.94ns	13.98*	225.30**	0.36ns
Repetición	2	106.28ns	2.22ns	6.50ns	388.24**	0.56ns
Blo(Rep)	21	192.49ns	0.85ns	8.20ns	130.96ns	0.42ns
Error	41	195.52	1.04	7.83	77.12	0.33

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad de $P \leq 0.01$; ns=no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; S.Es= Sabana Escuintla, Guatemala; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltzapán, Morelos, México; To.Ar= Tocarón, Aragua, Venezuela.

Cuadro 6A. Análisis de varianza por localidad para mazorcas podridas de 32 híbridos de endospermo blanco evaluados en 14 ambientes

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios							
		AF	Cot	Ma.ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An
Híbridos	31	33.73ns	24.29ns	14.11ns	4.38ns	12.91ns	10.23ns	15.81ns	258.39*
Repetición	2	292.27*	8.85ns	26.59ns	11.28ns	9.27ns	22.59ns	12.35ns	128.37ns
Blo(Rep)	21	39.70ns	9.29ns	7.57ns	4.99ns	5.05ns	22.67ns	12.22ns	223.25ns
Error	41	40.64	12.28	9.67	4.66	7.88	12.62	20.36	128.42

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; Rep=repeticiones; Blo(Rep)=Bloques anidado en repeticiones; AF= Agua Fría, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; Ma.Ni=Managua, Nicaragua; Mo.Ja= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col=Palmira, Colombia; PI Com= Playita Comayagua, Honduras; Q.Ju= Quesada Jutiapa, Guatemala; S.An= San Andrés, El Salvador.

Cuadro 6A. (Continuación)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios					
		S. Cruz	S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	Yo.ho
Híbridos	31	141.39*	167.05ns	13.97ns	78.81ns	3.87*	11.64ns
Repetición	2	23.49ns	254.94ns	9.50ns	17.76ns	3.73ns	10.16ns
Blo(Rep)	21	61.14ns	50.75ns	10.71ns	49.41ns	2.75ns	17.28ns
Error	41	79.34	152.26	8.86	58.08	2.00	7.98

*significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ;ns=no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; S. Cruz= Santa Cruz Porrillo, El Salvador; S. Es=Sabana Escuintla, Guatemala; S.G.Chi=San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju=Tiucal Jutiapa, Guatemala; Tla=Tlaltzapán Morelos, México; Yo.Ho= Yoro, Honduras.

Cuadro 7A. Promedio del rendimiento de grano (t ha⁻¹) de 29 híbridos tropicales de maíz de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 15 ambientes.

Híbrido	A.F	Cot	Ma.Ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An	S.Cr	S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar	Yo.Ho
1	6.2	7.1	4.3	8.2	8.7	8.4	6.8	4.1	7.2	0.9	10.2	2.9	10.0	7.0	3.8
2	6.8	7.1	4.4	6.8	9.0	8.5	6.6	4.1	8.1	1.0	9.6	2.4	9.8	6.7	3.8
3	6.9	8.2	4.4	9.7	9.0	7.4	6.9	4.3	7.9	1.3	9.0	3.3	12.2	8.7	4.0
4	6.8	6.7	5.6	6.6	9.0	7.8	5.0	4.2	6.8	1.3	9.3	3.1	12.5	8.1	3.2
5	7.3	7.4	3.9	7.8	9.5	9.1	6.4	3.9	7.5	0.9	8.9	1.6	11.9	8.8	3.6
6	7.1	6.5	5.2	8.1	9.2	8.9	7.0	4.3	8.3	1.5	8.7	3.1	12.1	7.4	3.9
7	6.1	6.3	3.9	6.1	8.1	7.8	6.6	4.1	7.5	1.0	7.8	1.9	9.9	6.5	3.1
8	7.9	8.0	4.2	8.5	10.3	7.7	6.4	4.2	8.0	0.9	10.2	2.1	13.0	7.5	3.8
9	6.3	6.1	4.9	5.9	8.1	7.7	5.1	2.0	5.0	0.8	7.7	2.3	11.9	7.2	3.5
10	6.7	7.3	5.8	5.5	9.6	7.5	6.5	2.5	7.2	1.1	7.3	3.1	12.6	6.7	3.7
11	8.4	8.0	5.1	12.2	8.9	9.1	6.3	4.8	7.9	1.9	7.3	2.5	13.4	7.1	5.7
12	7.1	6.9	5.1	6.4	8.1	7.5	6.2	3.2	6.6	1.1	10.1	2.6	11.6	8.6	3.1
13	7.4	7.5	4.6	8.0	8.4	8.7	6.6	2.9	8.0	1.1	6.8	1.6	12.7	6.4	3.4
14	4.6	2.9	4.0	7.2	4.4	6.7	5.2	0.9	3.1	0.7	7.8	2.0	6.2	5.3	2.0
15	6.4	7.3	4.2	7.4	6.9	8.4	6.7	4.4	7.0	1.3	8.6	3.3	11.3	7.5	3.4
16	5.8	5.5	3.9	6.3	7.9	7.7	5.1	1.6	4.8	0.8	8.2	1.6	9.4	7.8	3.5
17	7.2	8.4	4.5	8.7	9.1	8.8	7.3	4.5	7.5	1.6	9.0	2.4	13.5	6.7	4.7
18	6.8	7.3	4.6	10.3	9.7	9.0	7.5	4.6	7.4	1.3	8.0	3.4	13.1	7.5	5.3
19	4.5	1.9	4.1	6.7	4.5	5.9	5.3	0.7	3.8	0.8	8.5	1.7	5.1	3.9	2.8
20	6.7	7.0	5.1	8.0	6.9	8.3	6.0	4.2	7.7	1.5	9.6	3.0	10.5	5.8	3.8
21	5.9	6.0	3.3	7.6	6.3	6.5	5.6	1.7	5.4	1.0	9.2	1.8	9.6	6.2	2.7
22	6.8	7.8	4.0	10.4	10.0	8.8	5.9	5.0	7.6	1.5	8.4	3.1	12.2	7.3	5.0
23	4.1	2.6	3.9	7.2	5.9	5.6	5.4	0.8	2.2	1.0	9.6	1.8	6.2	7.1	3.4
24	6.7	7.2	4.5	7.5	7.4	7.7	7.1	4.0	6.8	1.3	9.1	3.0	11.4	6.9	3.3
25	6.1	5.4	3.6	7.7	7.6	7.8	6.5	1.6	3.7	0.9	10.7	2.0	9.7	7.3	3.0

Cuadro 7A. (Continuacion)

Híbrido	A.F	Cot	Ma.Ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An	S.Cr	S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar	Yo.Ho
26	8.5	7.8	4.7	8.5	9.7	9.2	7.1	4.0	6.6	1.5	9.4	2.3	13.7	8.6	4.0
27	7.3	7.6	5.4	9.2	10.5	9.1	6.2	4.6	7.9	1.6	5.7	3.2	13.0	7.3	4.7
28	6.4	7.0	4.7	7.5	7.6	7.9	6.3	3.7	6.4	1.4	8.8	3.9	11.7	9.1	4.1
29	6.3	6.8	3.8	6.8	7.6	5.5	5.4	3.6	6.8	1.4	9.9	2.3	11.9	8.0	2.9
T1	5.7	5.3	4.2	9.0	6.5	5.8	5.0	2.4	6.1	0.8	10.0	2.7	10.9	6.8	1.9
T2	7.9	7.1	4.2	7.3	8.8	7.6	4.2	3.6	6.1	0.4	9.2	2.2	12.3	7.9	2.6
T3	7.4	6.8	4.0	7.0	9.3	7.9	7.6	1.6	4.9	1.1	9.5	2.7	11.4	6.8	3.1
Promedio	6.6	6.6	4.4	7.8	8.2	7.8	6.2	3.3	6.5	1.1	8.8	2.5	11.1	7.2	3.6
DMS 0.05	1.1	0.9	0.9	1.6	1.5	1.6	1.0	0.7	1.6	0.7	3.1	0.9	1.9	2.8	0.7
CV (%)	8.0	6.7	10.4	10.3	9.1	10.0	7.6	10.8	11.9	31.1	17.2	17.2	8.4	19.6	10.2

AF= Agua Fria, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; Ma.Ni= Managua Nicaragua; MO.JA= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col= Palmira, Colombia; Pl.Com= Playita, Comayagua, Honduras; Q.Ju= Quesada, Jutiapa, Guatemala; S.An= San Andrés, El Salvador; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador; S.Es= Sabana, Escuintla, Guatemala; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapan, Morelos, México; To.Ar= Tocarón, Aragua, Venezuela; Yo.Ho= Yoro, Honduras; DMS= Diferencia mínima significativa;

Cuadro 8A. Promedio de la variable días a floración masculina de 29 híbridos de maíz tropical de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 14 ambientes.

Híbrido	A.F	Cot	Manag	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An	S.Cr	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar	Yo.Ho
1	57.3	51.0	52.0	63.7	62.2	46.6	68.5	57.7	50.4	51.3	64.3	62.6	56.3	61.0
2	56.7	49.7	51.0	61.9	59.8	47.9	65.9	57.6	49.8	52.3	64.0	60.7	54.6	59.7
3	58.0	50.3	52.2	63.7	62.4	48.6	70.3	58.0	51.7	50.6	64.3	63.1	57.7	62.0
4	58.7	51.7	51.9	63.8	60.5	48.2	69.0	57.3	51.0	51.3	64.0	61.5	56.3	57.7
5	58.7	51.3	51.7	63.0	62.4	47.8	69.3	56.7	51.1	51.9	64.3	62.5	56.3	61.3
6	58.3	51.7	51.3	63.4	61.4	48.1	69.0	57.7	51.8	51.4	64.0	61.8	56.0	59.7
7	57.3	49.3	51.2	63.4	60.1	47.7	65.4	57.7	50.5	50.9	64.0	61.5	54.6	58.7
8	57.7	51.0	51.4	63.0	62.0	48.6	67.9	57.3	52.3	51.6	64.3	61.6	57.6	57.7
9	59.7	53.3	53.5	64.4	64.9	48.6	70.9	59.7	52.6	51.0	65.0	63.5	58.1	62.3
10	61.0	54.7	54.3	64.8	66.8	48.7	71.5	59.3	52.9	52.0	65.0	64.3	59.9	57.0
11	59.3	52.7	52.8	63.4	62.9	46.0	69.5	58.0	52.3	51.9	64.0	62.9	59.3	62.0
12	60.7	52.7	54.9	64.2	63.3	47.6	70.3	60.7	54.5	52.1	64.7	64.1	59.3	60.0
13	59.3	53.0	52.8	64.1	61.0	48.1	69.4	59.0	52.5	51.6	64.3	62.9	57.6	62.7
14	61.0	57.0	54.8	64.0	67.0	47.0	72.1	61.7	55.0	51.8	66.0	66.2	61.7	61.3
15	60.0	51.7	54.0	64.6	63.8	46.3	68.6	60.4	53.6	51.2	64.7	63.9	58.8	62.7
16	60.7	54.7	53.8	64.8	64.7	46.5	71.3	60.4	54.0	51.7	65.0	64.2	59.3	60.3
17	58.0	51.0	51.3	63.3	60.8	46.4	68.5	57.0	51.3	51.6	64.0	61.6	55.7	63.7
18	58.7	51.0	53.0	64.1	63.5	45.7	69.6	57.3	52.8	52.0	63.7	62.7	58.0	60.7
19	60.7	54.7	54.5	64.8	65.0	49.9	71.5	61.0	54.4	51.7	65.0	66.3	61.7	61.7
20	60.0	52.0	54.3	64.8	64.2	47.9	70.5	62.0	53.7	51.2	65.0	63.8	59.7	59.7
21	61.7	54.0	54.5	64.5	66.8	50.9	71.3	61.3	54.6	51.4	64.7	65.9	59.7	62.0
22	59.0	51.7	53.6	65.3	64.1	46.3	70.9	57.7	52.8	52.5	63.7	63.4	59.3	64.3
23	61.0	54.3	55.4	64.8	64.8	50.3	72.3	61.0	54.3	51.3	65.0	66.4	61.4	60.3
24	59.7	52.3	54.1	63.9	63.5	47.1	69.3	60.0	52.7	52.3	64.3	62.8	58.3	57.3
25	60.3	54.0	53.7	64.7	64.4	48.4	70.7	60.1	52.9	52.0	64.7	64.2	59.8	64.0

Cuadro 8A. (Continuacion)

Híbrido	A.F	Cot	Ma.Ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An	S.Cr	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar	Yo.Ho
26	58.7	50.7	51.5	63.6	60.6	48.6	66.3	57.3	50.5	50.7	64.3	61.3	55.7	60.0
27	57.7	50.7	51.9	64.2	61.7	48.1	70.2	57.0	51.4	51.5	64.3	62.7	56.2	61.0
28	59.7	53.0	53.9	65.0	66.6	50.2	70.4	59.4	52.8	51.0	64.0	64.7	59.7	65.0
29	58.3	51.3	52.8	63.7	68.3	49.9	67.3	57.0	50.8	51.1	64.3	62.2	56.9	61.0
T1	59.7	50.3	54.2	65.1	63.4	48.2	70.4	59.3	51.5	51.7	65.3	63.5	54.7	60.3
T2	59.7	52.0	53.0	63.5	64.3	46.6	72.3	58.1	52.2	51.2	65.3	62.9	59.2	64.3
T3	59.7	51.0	54.9	64.8	64.4	47.5	69.4	59.7	52.5	51.3	65.0	63.5	57.0	58.0
Promedio	59.3	52.2	53.1	64.1	63.5	48.0	69.7	58.9	52.4	51.5	64.5	63.3	58.0	60.9
DMS 0.05	1.6	1.4	1.2	1.3	2.0	5.4	1.8	1.5	1.4	1.5	1.1	1.0	1.7	4.7
CV (%)	1.3	1.4	1.1	1.0	1.6	5.6	1.3	1.3	1.3	1.4	0.9	0.8	1.4	3.8

AF= Agua Fria, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; Ma.Ni= Managua Nicaragua; MO.JA= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col= Palmira, Colombia; Pl.Com= Playita, Comayagua, Honduras; Q.Ju= Quesada, Jutiapa, Guatemala; S.An= San Andrés, El Salvador; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapan, Morelos, México; To.Ar= Tocarón, Aragua, Venezuela; Yo.Ho= Yoro, Honduras; DMS= Diferencia mínima significativa; CV= Coeficiente de variación.

Cuadro 9A. Promedios de la variable días a floración femenina de 29 híbridos tropicales de maíz de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 14 ambientes

Híbrido	A.F	Cot	Ma.Ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An	S.Cr	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar	Yo.Ho
1	57.5	51.9	53.4	63.2	62.3	46.6	67.7	60.1	51.0	52.0	65.3	63.7	56.3	62.7
2	55.3	50.6	52.0	62.9	60.1	47.9	64.7	59.6	50.3	53.6	66.3	59.7	54.6	61.7
3	56.9	51.3	53.3	64.4	62.6	48.6	68.6	60.6	52.0	50.6	65.7	63.8	57.7	63.7
4	56.3	52.5	52.9	63.8	61.3	48.2	67.8	59.3	52.2	53.3	65.7	61.3	56.3	58.7
5	58.0	52.3	52.6	63.7	62.7	47.8	68.5	59.7	51.1	52.5	65.3	62.4	56.3	61.7
6	57.1	53.0	52.6	63.8	61.4	48.1	67.7	60.6	53.7	51.4	65.0	62.2	56.0	61.0
7	55.3	50.4	52.1	63.2	60.1	47.7	64.4	59.6	50.5	50.9	65.3	61.3	54.6	58.3
8	57.9	51.9	52.7	63.6	62.3	48.6	67.0	59.0	52.4	52.4	65.4	63.1	57.6	58.7
9	60.2	54.5	54.7	64.7	65.6	48.6	69.9	65.0	54.3	51.0	65.3	65.4	58.1	61.7
10	60.6	55.6	55.6	63.9	67.0	48.7	70.5	65.0	54.9	54.0	65.3	65.7	59.9	58.0
11	58.6	53.6	54.1	64.0	63.2	46.0	68.3	62.3	52.7	52.5	65.3	63.3	59.3	60.0
12	59.3	53.9	56.1	64.3	64.1	47.6	69.1	62.7	54.2	53.5	66.0	63.7	59.3	60.0
13	59.5	53.7	54.5	63.9	61.8	48.1	67.7	62.6	53.0	52.2	65.7	64.6	57.6	63.0
14	62.0	55.3	56.9	64.8	67.1	47.0	71.9	66.7	57.1	53.2	66.7	68.9	61.7	62.0
15	57.6	52.8	54.3	64.9	64.5	46.3	67.7	62.4	53.2	51.9	65.4	62.4	58.8	62.7
16	61.1	55.7	54.8	65.2	65.0	46.5	70.3	64.5	54.7	52.4	66.3	64.5	59.3	60.7
17	56.4	52.1	52.2	63.7	62.0	46.4	67.1	60.8	51.3	52.2	65.4	61.8	55.7	63.7
18	57.8	52.1	53.7	64.1	63.9	45.7	68.3	62.0	52.6	52.7	65.3	63.0	58.0	63.0
19	61.3	55.7	55.9	65.2	65.5	49.9	70.6	66.7	55.3	53.7	66.0	67.1	61.7	61.7
20	59.5	53.2	54.7	64.7	65.0	47.9	69.4	64.6	53.5	51.3	65.6	62.8	59.7	58.0
21	62.2	55.0	55.4	64.4	67.0	50.9	70.3	66.0	55.2	52.1	65.7	66.3	59.7	61.3
22	58.4	52.5	54.6	63.7	64.4	46.3	69.9	60.4	53.0	53.8	65.1	64.6	59.3	63.7
23	61.3	55.4	56.5	65.0	65.4	50.3	71.1	67.1	53.9	52.0	66.1	67.2	61.4	60.7
24	58.3	53.4	54.8	63.8	63.8	47.1	68.1	62.4	53.1	53.7	65.7	62.9	58.3	64.0
25	60.4	55.0	55.1	65.2	65.2	48.4	69.6	65.4	53.7	52.5	65.9	66.2	59.8	66.0

Cuadro 9A. (Continuacion)

Híbrido	A.F	Cot	Ma.Ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An	S.Cr	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar	Yo.Ho
26	57.5	51.6	52.8	63.6	61.1	48.6	64.7	59.9	52.2	52.1	66.0	61.8	55.7	60.0
27	58.3	51.7	53.2	64.5	62.2	48.1	69.2	60.0	51.0	52.1	65.3	62.9	56.2	64.0
28	59.0	53.9	54.5	64.1	66.8	50.2	69.1	62.0	52.7	51.0	66.3	65.5	59.7	66.0
29	57.1	52.4	53.1	63.7	68.2	49.9	66.5	59.3	51.3	51.9	65.4	62.0	56.9	61.0
T1	59.8	51.4	54.5	65.3	64.2	48.2	69.5	63.2	51.4	51.6	66.7	64.4	54.7	58.7
T2	58.7	52.9	53.7	65.4	64.6	46.6	71.6	60.7	52.2	53.2	66.0	63.4	59.2	62.7
T3	58.2	52.1	55.6	64.8	64.3	47.5	68.1	63.4	53.2	51.4	65.7	62.7	57.0	58.3
Promedio	58.7	53.1	54.2	64.2	63.9	48.0	68.6	62.3	52.9	52.3	65.7	63.8	58.0	61.5
DMS 0.05	1.9	1.9	1.3	1.4	1.9	5.4	1.6	2.0	2.0	2.7	1.5	1.5	1.7	5.6
CV (%)	1.6	1.8	1.2	1.1	1.4	5.6	1.1	1.6	1.9	2.5	1.1	1.1	1.4	4.5

AF= Agua Fria, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; Ma.Ni= Managua Nicaragua; MO.JA= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col= Palmira, Colombia; Pl.Com= Playita, Comayagua, Honduras; Q.Ju= Quesada, Jutiapa, Guatemala; S.An= San Andrés, El Salvador; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapan, Morelos, México; To.Ar= Tocarón, Aragua, Venezuela; Yo.Ho= Yoro, Honduras; DMS= Diferencia mínima significativa; CV= Coeficiente de variación.

Cuadro 10A. Promedio de acame de raíz (%) de 29 híbridos tropicales de maíz de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 12 ambientes de América tropical

Híbrido	A.F	Cot	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	S.An	S.Cr	S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar
1	3.9	14.7	3.1	0.0	1.5	14.6	0.0	2.2	0.9	0.8	3.7	0.0
2	0.3	35.7	1.4	0.0	0.8	16.5	0.0	0.8	0.8	3.0	0.5	0.0
3	3.8	10.2	5.8	0.0	0.7	12.3	0.0	4.2	0.8	5.0	5.8	0.0
4	1.8	8.8	6.9	1.8	4.1	35.3	0.0	0.7	0.6	1.6	0.0	0.0
5	3.7	44.8	14.5	1.2	4.9	13.6	1.3	0.7	0.0	13.5	6.7	0.0
6	3.5	27.0	10.9	0.0	1.6	11.5	4.0	0.8	5.4	4.3	3.1	0.0
7	4.7	41.1	5.0	0.5	0.1	16.6	0.0	0.0	3.7	3.8	3.7	0.0
8	9.3	50.0	12.3	0.0	0.9	22.7	1.4	1.8	0.7	3.2	6.5	0.6
9	5.3	9.2	2.6	0.0	1.3	13.7	0.0	2.4	0.9	8.7	0.0	0.0
10	10.3	15.9	4.0	0.0	1.6	33.6	2.8	30.7	0.2	7.1	2.6	0.6
11	1.9	7.9	10.5	0.0	0.6	16.0	1.4	2.7	0.0	9.5	3.6	0.0
12	0.0	0.1	2.6	0.0	0.6	0.0	0.0	0.6	0.0	0.8	1.0	0.0
13	1.4	9.0	20.2	1.1	1.5	25.5	0.0	3.7	0.8	14.2	3.7	0.0
14	0.7	2.4	7.3	0.0	2.0	6.6	0.0	4.9	1.3	1.6	0.0	0.0
15	0.0	1.4	2.3	0.0	0.0	4.4	0.0	4.7	1.5	0.0	0.6	0.0
16	3.6	22.3	5.8	0.0	1.9	20.0	0.0	3.1	0.1	11.1	3.1	0.0
17	0.3	11.1	9.9	1.2	4.6	7.2	0.0	0.0	0.4	3.6	2.0	0.0
18	1.3	11.6	6.5	0.0	1.4	13.2	0.0	1.6	0.0	0.0	2.6	0.0
19	0.1	3.9	1.1	0.0	0.6	0.0	0.0	0.0	2.0	0.0	0.0	0.0
20	2.0	0.5	0.6	0.0	0.6	0.4	2.4	0.8	3.4	0.8	0.5	0.6
21	2.7	18.8	4.6	0.5	0.1	33.9	8.7	2.1	0.5	6.7	1.0	1.3
22	2.0	25.6	7.2	0.0	0.9	12.3	1.4	1.6	2.1	3.2	3.6	0.0
23	1.1	3.3	2.1	1.0	2.2	5.0	0.0	0.7	1.0	0.9	0.0	0.0
24	0.7	1.9	2.6	0.0	0.0	3.6	0.0	1.2	1.5	0.0	0.5	0.0
25	1.8	11.7	5.6	1.2	1.5	31.6	3.7	1.6	0.0	1.6	0.6	0.0

Cuadro 10A. (Continuacion)

Híbrido	A.F	Cot	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	S.An	S.Cr	S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar
26	1.5	18.6	17.1	0.6	0.8	0.0	1.3	1.4	0.6	2.9	4.2	0.0
27	0.0	5.7	2.9	0.0	3.0	10.9	0.0	0.6	0.8	2.5	1.1	0.6
28	1.4	8.9	4.7	1.0	0.1	17.1	0.0	14.7	4.6	3.7	0.5	0.0
29	9.0	31.5	8.9	4.4	5.4	27.0	0.0	2.5	0.1	3.0	3.5	3.2
T1	9.5	52.8	11.4	0.6	1.9	68.0	0.0	0.6	0.0	17.4	2.6	0.7
T2	3.0	69.2	5.4	0.0	5.6	11.0	1.4	1.6	0.0	4.1	2.0	0.6
T3	1.5	50.7	7.3	0.0	0.7	27.0	8.3	4.0	0.0	7.7	4.6	1.9
Promedio	2.9	19.6	6.7	0.5	1.7	16.5	1.2	3.1	1.0	4.6	2.3	0.3
DMS 0.05	5.3	25.9	7.7	1.8	4.3	18.9	4.9	17.1	3.7	9.8	3.7	1.6
CV (%)	92.5	65.5	56.9	190.8	127.6	56.7	202.0	274.7	175.7	106.1	78.4	240.6

AF= Agua Fria, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; MO.JA= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col= Palmira, Colombia; Pl.Com= Playita, Comayagua, Honduras; S.An= San Andrés, El Salvador; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapan, Morelos, México; To.Ar= Tocarón, Aragua, Venezuela; DMS= Diferencia mínima significativa; CV= Coeficiente de variación.

Cuadro 11A. Promedio de acame de tallo (%) de 29 híbridos tropicales de maíz de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 11 ambientes de América tropical

Híbrido	A.F	Cot	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	S.An	S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar
1	0.0	0.6	0.0	0.0	0.0	0.0	38.6	0.0	2.7	18.9	0.0
2	0.0	0.0	0.9	0.0	0.0	0.0	24.4	1.4	5.3	15.9	0.0
3	0.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	35.6	0.0	4.3	25.7	0.0
4	2.0	0.0	0.8	0.0	0.0	0.0	52.4	0.7	2.4	13.1	0.0
5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	34.9	0.7	5.3	17.9	0.2
6	0.7	0.0	0.7	1.1	0.0	0.0	26.1	0.0	2.9	12.4	0.0
7	0.0	0.0	1.3	0.0	0.8	0.0	44.4	0.7	2.9	11.6	0.6
8	2.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	38.5	0.0	1.3	7.4	0.0
9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	35.5	0.0	1.8	12.4	0.7
10	0.0	0.0	0.7	2.1	0.7	0.0	42.0	0.0	1.4	32.3	0.6
11	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	35.9	0.0	3.4	25.0	0.0
12	0.0	0.0	1.0	0.0	0.0	0.0	39.3	0.0	0.8	14.1	0.0
13	0.7	0.0	1.2	0.0	0.0	0.0	41.6	1.4	3.2	9.8	0.0
14	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	28.7	2.1	0.0	3.1	0.1
15	2.6	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	51.0	1.3	2.4	33.3	0.0
16	0.7	0.0	0.8	0.0	0.0	0.0	37.7	0.0	7.9	19.1	0.0
17	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	37.3	0.0	9.6	19.8	0.0
18	0.0	0.0	0.0	1.2	0.0	0.0	38.2	0.0	0.7	15.9	0.0
19	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	29.9	0.7	0.9	8.1	0.1
20	0.7	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	36.9	0.0	0.8	38.4	0.0
21	0.0	0.0	0.7	0.0	0.0	0.0	45.2	0.0	2.9	7.2	0.7
22	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	40.2	0.0	3.3	12.0	0.0
23	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	33.0	0.0	2.3	7.9	0.1
24	0.7	0.0	0.1	0.0	0.8	0.0	43.8	0.0	1.8	37.6	0.6

Cuadro 11A. (Continuacion)

Híbrido	A.F	Cot	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	S.An	S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	To.Ar
26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	35.9	0.8	7.2	16.3	1.4
27	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	39.8	0.0	0.8	22.5	0.0
28	0.0	0.0	1.6	0.0	0.0	0.0	34.9	0.0	1.4	38.8	0.0
29	0.8	0.0	1.3	0.0	0.0	0.0	35.5	0.6	0.1	15.5	0.1
T1	0.0	0.0	0.1	2.5	0.0	0.0	34.6	0.6	1.1	12.0	0.6
T2	0.0	0.0	2.6	0.0	0.0	0.0	27.5	0.0	5.6	13.1	0.0
T3	0.7	0.0	1.7	0.0	0.0	1.2	36.1	0.0	8.6	12.1	0.7
Promedio	0.38	0.02	0.46	0.22	0.07	0.04	37.62	0.34	3.13	17.38	0.18
DMS 0.05	1.89	0.30	1.45	1.17	0.67	0.62	22.34	1.59	4.49	15.60	1.04
CV (%)	244.85	800.00	156.48	268.38	462.75	800.00	29.41	228.36	71.17	44.47	288.29

AF= Agua Fria, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; MO.JA= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col= Palmira, Colombia; Pl.Com= Playita, Comayagua, Honduras; S.An= San Andrés, El Salvador; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador; S.Es= Sabana, Escuintla, Guatemala; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapan, Morelos, México; To.Ar= Tocarón, Aragua, Venezuela; DMS= Diferencia mínima significativa; CV= Coeficiente de variación.

Cuadro 12A. Promedio de mazorcas podridas (%) de 29 híbridos tropicales de maíz de endospermo blanco y tres testigos evaluados en 14 ambientes de América tropical

Híbrido	AF	Cot	Ma.Ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An	S.Cr	S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	Yo.Ho
1	13.1	5.1	2.5	4.3	2.9	5.4	4.0	37.9	10.1	33.7	2.7	8.2	3.8	1.8
2	13.7	1.2	8.3	0.5	3.0	2.1	6.6	20.0	10.3	40.4	0.7	1.7	3.2	3.6
3	17.8	1.7	3.1	2.7	3.6	3.4	2.9	22.5	12.1	32.4	1.4	6.3	0.5	7.5
4	14.5	4.9	5.8	1.1	5.5	7.0	8.5	29.7	16.1	33.6	0.0	5.5	2.0	4.4
5	16.2	7.0	9.1	1.3	3.3	4.8	7.4	43.5	12.5	48.9	0.0	10.9	3.9	6.0
6	8.9	4.3	3.5	3.8	4.7	2.5	3.8	30.0	9.7	36.7	2.5	4.5	1.6	3.0
7	16.6	5.5	4.5	2.1	2.7	4.5	8.2	20.2	21.4	35.5	5.0	9.2	3.1	3.9
8	15.3	5.1	9.3	0.9	4.0	7.6	6.6	33.0	11.9	34.8	2.1	9.8	2.5	7.5
9	13.2	3.8	4.6	3.8	6.0	5.7	6.8	36.8	21.0	38.1	1.4	6.3	2.8	5.1
10	16.4	1.2	4.1	3.0	5.7	2.9	10.2	29.4	7.2	37.0	0.8	11.9	2.6	7.1
11	12.4	1.9	5.8	1.7	4.7	1.3	4.8	13.9	7.1	12.6	2.3	2.3	2.5	4.5
12	10.6	3.2	3.6	1.4	4.5	7.3	5.2	16.8	10.3	39.8	1.4	27.5	2.6	6.4
13	14.0	3.1	1.6	4.1	3.8	2.0	3.8	17.1	6.6	15.4	0.0	7.8	1.6	4.8
14	14.9	9.2	5.4	5.2	12.2	4.6	1.6	39.8	11.8	40.3	0.0	9.2	1.9	5.7
15	11.4	0.1	5.3	5.2	2.7	2.6	3.6	14.0	5.3	25.5	5.1	8.0	1.0	2.6
16	26.1	3.8	4.8	1.2	3.4	5.7	5.4	35.0	8.3	29.9	2.2	13.4	3.3	1.0
17	9.7	1.1	1.6	3.6	1.3	1.9	3.7	9.1	4.3	19.3	0.7	1.0	0.5	3.7
18	11.8	3.3	6.5	1.4	4.2	4.2	3.9	40.3	15.6	33.0	2.1	4.1	2.6	4.3
19	16.6	15.4	7.8	1.7	6.1	5.0	7.2	36.8	31.7	31.0	5.7	13.6	3.5	3.2
20	7.8	0.6	3.1	0.7	9.1	5.5	8.0	23.1	0.0	39.3	4.5	21.8	0.5	7.1
21	18.9	4.1	6.4	1.5	8.6	7.0	3.3	36.7	7.7	20.7	6.4	17.9	2.2	10.2
22	8.4	3.0	8.4	1.2	8.0	4.0	2.5	46.8	16.5	37.1	5.3	6.7	1.0	5.2
23	9.6	6.7	6.9	1.8	6.9	6.9	1.6	36.2	30.7	24.8	3.6	8.0	1.9	4.1
24	10.0	3.1	2.4	0.5	4.7	2.2	6.0	24.1	7.9	34.8	5.9	12.5	0.5	7.5
25	15.7	4.5	3.7	2.0	7.3	6.7	1.7	18.0	24.1	43.7	2.9	19.4	2.8	4.0

Cuadro 12A. (Continuacion)

Híbrido	AF	Cot	Ma.Ni	Mo.Ja	P.Col	Pl.Com	Q.Ju	S.An	S.Cr	S.Es	S.G.Chi	Ti.Ju	Tla	Yo.Ho
26	13.1	2.5	0.8	0.8	4.1	0.0	5.4	36.1	8.8	24.0	3.9	4.3	1.0	1.5
27	15.7	1.8	1.9	4.5	4.9	4.6	5.4	39.0	17.5	40.9	3.7	5.6	2.0	5.0
28	10.2	2.9	1.7	1.4	3.1	4.8	9.1	29.6	18.0	23.2	3.9	2.2	3.5	3.4
29	15.5	6.2	2.8	1.6	4.0	8.2	5.5	29.4	5.6	25.5	2.2	3.2	1.8	10.6
T1	9.9	5.4	4.6	2.4	6.9	7.4	12.1	37.1	11.9	28.0	2.1	7.8	0.8	8.9
T2	16.3	6.4	1.6	6.1	4.3	5.1	8.7	37.1	19.0	25.4	2.9	11.6	3.5	2.4
T3	9.6	1.4	7.2	1.7	0.6	4.2	8.4	27.0	18.1	18.4	5.9	16.7	7.8	4.1
Promedio	13.6	4.0	4.6	2.4	4.9	4.6	5.7	29.6	13.1	31.4	2.8	9.3	2.3	5.0
DMS 0.05	10.3	5.8	4.9	4.0	4.2	6.2	7.1	20.6	13.7	17.2	5.3	14.4	2.7	5.2
CV (%)	37.6	71.7	52.5	83.5	42.4	67.2	62.0	34.4	52.0	27.2	93.8	76.5	57.4	51.8

AF= Agua Fria, Puebla, México; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; Ma.NI= Managua, Nicaragua; MO.JA= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; P.Col= Palmira, Colombia; Pl.Com= Playita, Comayagua, Honduras; Q.Ju= Quesada, Jutiapa, Guatemala; S.An= San Andrés, El Salvador; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador; S.Es= Sabana, Escuintla, Guatemala; S.G.Chi= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; Ti.Ju= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapan, Morelos, México; To.Ar= Tocarón, Aragua, Venezuela; DMS= Diferencia mínima significativa; CV= Coeficiente de variación

Cuadro 13A. Análisis de varianza individual para rendimiento de grano de 24 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 16 ambientes.

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios								
		AF	CE	Cot	EEP	MJ	MN	MO	PAL	PC
Híbridos	23	1.69**	1.07**	2.92**	1.30**	1.35**	1.19**	4.52ns	4.22**	1.92**
Repetición	2	0.75*	0.22ns	0.15ns	2.35**	0.19ns	2.11*	9.29ns	1.54ns	7.70**
Blo(Rep)	15	0.53*	0.29ns	0.36ns	0.57ns	1.04ns	0.74ns	3.22ns	0.67ns	0.72ns
Error	31	0.22	0.19	0.56	0.29	0.11	0.41	3.31	1.00	0.64

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; AF= Agua Fría, Puebla, México; CE= Cuyutla, Escuintla, Guatemala; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; EEP= El Ejido, Panama; MJ= La Máquina, Suchitepequez; MN= Managua, Nicaragua; MO= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; PAL= Palmira, Colombia; PC= Playita, Comayagua, Honduras.

Cuadro 13A. (Continuación)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios						
		SA	SCP	SE	SGC	SY	TJ	Tla
Híbridos	23	1.17**	0.41**	0.14ns	3.62**	0.74ns	0.56**	8.29**
Repetición	2	0.11ns	0.05ns	0.82**	2.77*	0.91ns	3.11**	4.14**
Blo(Rep)	15	0.23ns	0.15ns	0.14ns	0.57ns	0.50ns	0.31ns	3.22**
Error	31	0.31	0.13	0.14	0.73	0.49	0.20	0.36

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; SA= San Andrés, El Salvador; SCP= Santa Cruz Porrillo, El Salvador; SE= Sabana Escuintla, Guatemala; SGC= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; SY= Sulaco, Yoro, Honduras; TJ= Tiucal Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapán, Morelos, México.

Cuadro 14A. Análisis de varianza para días a floración masculina de grano de 24 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 15 ambientes.

FV	GL	Cuadrados medios								
		AF	CE	Cot	EEP	MJ	MN	MO	PAL	PC
Híbridos	23	4.71**	0.54ns	6.14**	2.17**	3.61ns	0.66ns	1.74**	2.22**	20.51*
Rep	2	4.68*	0.54ns	9.76**	17.79**	6.09ns	1.26ns	3.09*	3.18*	93.79**
Blo(Rep)	15	1.65ns	0.25ns	1.50ns	1.23ns	9.44**	0.52ns	1.69*	3.70*	33.76**
Error	31	1.15	0.37	1.15	0.68	3.07	0.48	0.70	0.81	8.77

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; Rep=repeticiones; Blo(Rep)=Bloques anidado en repeticiones; AF= Agua Fría, Puebla, México; CE= Cuyutla Escuintla, Guatemala; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; EEP= El Ejido, Panamá; MJ= La Máquina Juchitapéc, Guatemala; MN= Managua, Nicaragua; MO= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; PAL= Palmira, Colombia; PC= Playita Comayagua, Honduras.

Cuadro 14A. (Continuación)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios					
		SA	SCP	SGC	SY	TJ	Tla
Híbridos	23	1.16**	0.96**	6.71**	5.17ns	0.60ns	7.17**
Repetición	2	2.37**	0.38ns	2.26**	40.38**	1.34ns	0.52ns
Blo(Rep)	15	0.86**	0.77**	0.58ns	10.09ns	0.82ns	1.40**
Error	31	0.31	0.28	0.32	7.10	0.50	0.31

** significativo con una probabilidad de $P \leq 0.01$; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; S.An= San Andrés, El Salvador; S. Cruz; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador; SGC= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; SY= Sulaco, Yoro Honduras; TJ= Tiucal Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapan, Morelos, México.

Cuadro 15A. Análisis de varianza individual para días a floración femenina de 24 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 15 ambientes.

FV	GL	Cuadrados medios								
		AF	CE	Cot	EEP	MJ	MN	MO	PAL	PC
Híbridos	23	7.68**	0.48ns	6.69**	2.48**	3.62ns	2.72ns	1.41ns	2.40**	20.51*
Repetición	2	0.68ns	0.37ns	13.38**	19.04**	7.68ns	6.16ns	3.84*	1.51ns	93.79**
Blo(Rep)	15	1.19ns	0.52ns	1.33ns	1.13ns	8.39**	0.80*	0.74ns	2.86**	33.76**
Error	31	1.26	0.32	1.33	0.92	2.77	0.33	0.81	0.49	8.77

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; AF= Agua Fría, Puebla, México; CE= Cuyutla Escuintla, Guatemala; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; EEP= El Ejido, Panamá; MJ= La Máquina, Juchitepec, Guatemala; MO= Las Monjas Jalapa, Guatemala; PAL= Palmira, Colombia; PC= Playita, Comayagua, Honduras.

Cuadro 15A. (Continuacion)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios					
		SA	SCP	SGC	SY	TJ	Tla
Híbridos	23	1.94**	1.59**	11.19**	7.98ns	1.84ns	22.60**
Repetición	2	0.09*	0.38ns	14.22**	98.59ns	2.88ns	12.89**
Blo(Rep)	15	1.02ns	0.62ns	1.72*	16.01*	1.72ns	6.59**
Error	31	0.93	0.53	0.76	6.14	1.21	0.41

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; SA= San Andrés, El Salvador; SCP= Santa Cruz Porrillo, El Salvador; SGC= Sal Gilberto Chinandenga, Nicaragua; SY= Sulaco, Yoro, Honduras; TJ= Tiucal Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltzapán, Morelos, México.

Cuadro 16A. Análisis de varianza para acame de raíz de 24 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 14 ambientes.

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios						
		AF	CE	Cot	MN	MO	PAL	PC
Híbridos	23	6.99*	0.51ns	606.54**	0.11ns	2.79ns	13.07ns	42.48*
Repetición	2	7.07ns	0.08ns	227.60ns	0.12ns	4.41ns	16.98ns	2.88ns
Blo(Rep)	15	3.20ns	0.51ns	244.23ns	0.11	1.94ns	14.52ns	51.68**
Error	31	3.30	0.81	163.46	0.11	5.07	13.80	19.15

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad de $P \leq 0.01$; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; AF= Agua Fría, Puebla, México; CE= Cuyutla, Escuintla, Guatemala; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; MN=Managua, Nicaragua; MO= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; Pal=Palmira, Colombia; PC= Playita Comayagua, Guatemala.

Cuadro 16A. (Continuación)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios						
		SA	SCP	SE	SGC	SY	TJ	Tla
Híbridos	23	231.88ns	53.89*	1.41ns	3.94ns	291.75**	24.85ns	11.38**
Repetición	2	61.80ns	14.45ns	0.01ns	3.60nw	64.87ns	88.15*	7.46*
Blo(Rep)	15	510.40*	18.62ns	1.40ns	8.74**	139.22ns	34.86ns	6.88**
Error	31	206.07	22.91	1.14	3.10	88.99	20.43	2.00

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; S.An= San Andrés, El Salvador; S. Cruz; Santa Cruz, Porrillo, El Salvador; SE= Sabana, Escuintla, Guatemala; SGC= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; SY= Sulaco, Yoro, Honduras; TJ= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapan, Morelos, México .

Cuadro 17A. Análisis de varianza individual para acame de tallo de 24 híbridos de endospermo amarillo evaluados en 14 ambientes.

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios						
		AF	CE	Cot	MN	MO	PAL	PC
Híbridos	23	1.45ns	0.62ns	0.19ns	17.98ns	4.56ns	2.84ns	2.09**
Repetición	2	0.71ns	1.24ns	0.90*	34.28ns	30.62**	4.16ns	0.02ns
Blo(Rep)	15	1.26ns	1.03ns	0.18ns	24.60ns	2.98ns	1.76ns	1.52*
Error	31	1.38	0.63	0.21	13.73	5.23	3.49	0.69

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; ns= no significativo; Blo(Rep)=Bloques anidado en repeticiones; AF= Agua Fría, Puebla, México; CE= Cuyutla, Escuintla, Guatemala; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México.; MN= Managua, Nicaragua; MO= Las Monjas, Jalapa, Guatemala; PAL= Palmira, Colombia; PC= Playita Comayagua, Guatemala.

Cuadro 17A. (Continuación)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios						
		SA	SCP	SE	SGC	SY	TJ	Tla
Híbridos	23	0.07ns	4.47ns	128.55ns	5.14ns	30.38ns	44.95ns	621.71**
Repetición	2	0.08ns	4.69ns	719.23*	0.89ns	14.58ns	5.53ns	530.09**
Blo(Rep)	15	0.07ns	4.29ns	203.66ns	4.73ns	37.60**	20.81ns	864.10**
Error	31	0.07	5.15	136.60	3.99	12.35	19.96	76.25

* significativo con una probabilidad $P \leq 0.05$; ** significativo con una probabilidad $P \leq 0.01$; Blo(Rep)=Bloques anidados en repeticiones; SA= San Andrés, El Salvador; SCP= Santa Cruz, Porrillo, El Salvador; SE= Sabana, Escuintla, Guatemala; SGC= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; SY= Sulaco, Yoro, Honduras; TJ= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlatizapan, Morelos, México.

Cuadro 18A. Promedio del rendimiento de grano (t ha⁻¹) de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo y cuatro testigos evaluados en 16 ambientes

Hibrido	AF	CE	Cot	EEP	MJ	MN	MO	PAL	PC	SA	SCP	SE	SGC	SY	TJ	Tla
1	7.3	4.3	5.2	5.4	3.4	6.1	8.5	8.8	6.6	3.3	2.7	1.9	7.6	3.8	2.7	9.8
2	5.6	3.3	4.1	4.8	1.9	3.6	8.6	7.9	6.0	2.9	1.6	1.8	6.5	2.7	3.2	7.8
3	5.9	3.1	4.7	4.7	2.1	4.4	8.7	8.4	4.8	2.5	1.8	1.9	7.7	2.1	2.4	9.9
4	4.4	2.5	3.5	4.0	3.1	4.9	8.7	6.3	4.9	2.5	1.6	1.2	5.4	2.2	2.2	7.3
5	7.2	4.8	7.0	6.2	2.5	6.4	8.4	9.6	6.8	4.1	3.3	1.7	8.6	3.5	2.7	10.5
6	6.7	3.9	4.9	6.3	3.1	5.5	8.7	8.7	6.2	3.1	2.3	1.6	8.0	2.9	2.4	10.8
7	6.9	3.9	5.6	5.3	3.0	4.5	9.0	8.1	5.0	3.4	2.0	2.1	7.3	3.5	2.5	9.9
8	6.2	3.7	5.2	5.8	2.9	5.9	9.3	9.1	5.5	4.4	2.9	1.9	7.9	3.8	3.4	8.5
9	5.3	4.1	4.7	5.7	4.0	6.0	7.9	10.5	7.4	4.8	2.6	2.2	8.6	2.8	3.8	10.3
10	6.9	4.2	5.5	5.8	2.3	5.6	9.2	9.2	6.4	4.4	2.4	1.9	8.2	3.2	2.4	10.1
11	7.0	3.4	5.9	5.7	3.5	5.1	9.2	9.4	6.2	3.7	3.0	2.2	8.3	3.3	3.0	11.9
12	6.9	4.6	5.8	6.6	2.9	5.8	9.2	11.3	6.2	3.9	2.8	2.0	8.9	3.1	2.6	8.8
13	5.9	3.9	4.6	5.9	3.0	5.2	8.5	9.9	7.8	4.1	2.4	1.9	7.9	2.8	3.4	10.7
14	7.6	4.3	6.6	5.7	1.7	5.0	9.2	10.0	5.3	3.6	2.3	2.0	8.3	3.7	3.5	9.9
15	6.6	3.7	6.6	6.4	2.9	4.8	8.1	9.0	6.8	3.6	1.8	2.0	8.1	3.2	3.3	11.6
16	7.7	4.6	7.8	6.5	2.8	5.2	7.5	10.1	6.2	3.3	2.6	2.0	9.0	4.2	3.2	9.0
17	6.9	3.5	6.1	5.5	3.9	5.5	14.5	10.8	7.5	4.5	2.5	2.0	7.5	3.7	2.8	9.2
18	7.1	4.3	6.7	5.2	3.7	5.3	8.7	8.0	6.0	4.6	2.7	2.0	7.7	3.4	3.0	11.8
19	7.1	4.0	5.6	5.7	2.9	5.3	9.4	8.5	5.4	3.9	2.5	2.3	7.5	3.9	3.0	11.2
20	5.3	3.3	6.0	5.4	3.5	4.3	7.7	9.7	6.0	4.3	2.6	1.8	7.9	3.7	2.4	9.8
21	6.3	3.4	4.7	6.1	2.1	6.6	9.0	5.9	6.1	3.2	2.4	1.3	8.5	1.9	2.9	10.0

Cuadro 18A. (Continuación)

Hibrido	AF	CE	Cot	EEP	MJ	MN	MO	PAL	PC	SA	SCP	SE	SGC	SY	TJ	Tla
22	6.5	2.4	4.8	4.8	2.6	5.3	8.5	10.2	5.9	3.0	2.6	1.7	3.9	2.5	3.3	10.8
23	7.2	3.7	7.1	5.2	4.1	4.7	8.5	10.2	4.7	2.6	2.5	1.8	5.8	3.4	3.0	7.8
24	7.5	2.5	7.4	7.2	1.4	5.0	8.5	8.7	3.6	3.1	2.3	1.5	7.6	4.0	1.8	7.5
Promedio	6.6	3.7	5.7	5.7	2.9	5.2	8.9	9.1	6.0	3.6	2.4	1.9	7.6	3.2	2.9	9.8
DMS 0.05	0.8	0.7	1.2	1.0	0.6	1.2	3.0	1.6	1.4	0.9	0.6	0.6	1.4	1.2	0.8	1.5
CV (%)	6.5	9.9	10.0	8.4	9.6	10.9	16.6	8.5	11.2	12.0	12.5	16.4	8.9	17.9	13.9	7.3

AF=Agua Fria, Puebla, México; CE= Cuyutla Escuintla, Guatemala; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; EEP= El Ejido Panamá; MJ= La Máquina Juchitepequez, Guatemala; MN= Managua Nicaragua; MO= Las Monjas Jalapa, Guatemala; PAL=Palмира Colombia; PC= Playita, Comayagua, Honduras; SA=San Andrés, El Salvador; SCP=Santa Cruz Porrillo, El Salvador; SE= Sabana Escuintla, Guatemala; SGC= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; SY= Sulaco, Yoro, Honduras; TJ= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapan Morelos, México; DMS= Diferencia mínima significativa; CV= Coeficiente de variación.

Cuadro 19A. Promedio de días a floración masculina de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo y cuatro testigos evaluados en 15 ambientes

Hibrido	AF	CE	Cot	EEP	MJ	MN	MO	PAL	PC	SA	SCP	SGC	SY	TJ	Tla
1	58.7	54.7	55.7	54.5	76.3	53.4	63.3	64.2	58.0	57.8	52.3	52.0	61.6	64.8	64.0
2	59.2	56.0	55.0	54.9	76.8	54.7	65.3	63.2	55.5	59.1	53.4	52.2	63.5	65.7	65.3
3	58.5	54.7	53.4	53.9	75.4	53.6	64.0	63.4	54.1	58.8	52.9	51.6	63.9	65.0	62.7
4	58.3	55.7	53.0	55.5	77.1	55.0	64.5	64.8	53.3	59.1	53.0	53.1	62.4	66.1	64.6
5	56.8	55.3	51.5	53.1	75.3	53.7	64.2	63.5	52.1	57.3	52.7	51.6	61.0	64.8	63.3
6	58.2	55.3	54.7	54.1	76.5	54.0	64.3	64.5	53.5	58.4	52.8	52.2	64.9	64.9	63.3
7	59.1	55.3	53.9	54.5	77.5	53.7	64.8	61.6	58.3	57.9	53.0	51.6	63.6	64.8	63.6
8	57.8	54.3	54.3	53.0	74.9	54.3	64.8	63.6	48.8	58.0	52.8	52.2	62.2	65.2	63.4
9	57.4	54.7	52.3	53.2	75.9	53.9	64.5	63.2	51.8	58.2	52.5	51.7	60.9	65.8	63.7
10	60.0	54.3	53.9	54.3	74.1	53.7	65.0	63.6	51.3	58.5	52.3	51.7	62.6	65.1	64.0
11	59.4	55.0	52.2	53.8	76.5	53.3	64.6	63.9	49.2	59.2	52.7	52.0	63.1	65.5	63.6
12	57.8	54.7	55.1	53.7	74.7	53.7	64.1	62.7	50.5	57.2	53.0	51.9	63.9	65.0	62.4
13	57.9	54.7	55.1	53.9	75.8	54.0	65.3	63.5	53.0	57.3	52.6	52.4	60.4	65.5	63.6
14	58.2	55.0	54.3	54.0	76.9	53.7	66.3	62.7	49.6	58.7	52.1	51.9	60.5	65.4	63.3
15	58.8	55.0	54.7	54.0	76.6	54.0	66.0	64.5	51.3	58.4	52.9	52.3	65.0	65.3	63.7
16	58.4	55.0	51.9	52.8	77.4	53.0	65.3	62.8	48.8	58.4	51.9	51.6	62.3	65.2	62.4
17	59.6	56.0	55.5	55.9	76.8	55.0	65.2	65.3	51.3	58.7	53.2	52.6	61.9	65.8	66.6
18	58.9	54.7	53.7	54.8	76.2	54.1	65.1	63.4	49.0	57.6	52.2	52.3	62.8	66.3	63.6
19	59.4	55.7	52.9	53.9	75.9	54.0	64.4	64.3	51.7	58.1	52.7	51.7	63.3	65.8	62.8
20	56.7	54.3	52.4	53.3	73.7	53.7	63.1	61.4	46.6	57.0	51.4	50.7	64.1	65.0	60.7

Cuadro 19A. (Continuacion)

Hibrido	AF	CE	Cot	EEP	MJ	MN	MO	PAL	PC	SA	SCP	SGC	SY	TJ	Tla
21	58.2	55.3	52.4	55.5	77.8	54.0	64.8	62.9	48.3	58.9	53.0	52.3	65.1	64.9	62.0
22	63.7	55.0	55.0	51.7	77.7	53.7	66.8	65.2	56.4	57.8	52.5	44.1	61.3	65.3	63.3
23	58.0	55.0	50.4	54.3	74.2	53.3	65.2	65.3	55.4	59.0	51.2	50.3	64.5	65.8	64.4
24	57.5	55.3	51.2	54.5	75.4	54.3	64.8	63.8	53.3	59.0	53.8	51.5	62.8	65.7	66.0
Promedio	58.6	55.0	53.5	54.0	76.1	53.9	64.8	63.6	52.1	58.3	52.6	51.6	62.8	65.4	63.6
DMS 0.05	1.9	1.0	1.9	1.5	3.3	1.2	1.5	1.7	5.5	1.0	1.0	1.0	4.7	1.3	1.2
CV (%)	1.6	0.9	1.7	1.4	2.1	1.1	1.2	1.3	5.2	0.9	0.9	1.0	3.6	0.9	1.0

AF=Agua Fria, Puebla, México; CE= Cuyutla Escuintla, Guatemala; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; EEP= El Ejio Panamá; MJ= La Máquina Juchitepequez, Guatemala; MN= Managua, Nicaragua; MO= Las Monjas Jalapa, Guatemala; PAL=Palmira, Colombia; PC= Playita, Comayagua, Honduras; SA=San Andrés, El Salvador; SCP=Santa Cruz Porrillo, El Salvador; SGC= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; SY= Sulaco, Yoro, Honduras; TJ= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapán Morelos, México; DMS= Diferencia mínima significativa; CV= Coeficiente de variación.

Cuadro 20A. Promedio de días a floración femenina de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo y cuatro testigos evaluados en 15 ambientes

Hibrido	AF	CE	Cot	EEP	MJ	MN	MO	PAL	PC	SA	SCP	SGC	SY	TJ	Tla
1	60.0	55.8	56.7	57.4	77.3	54.6	64.7	64.7	58.0	62.0	53.7	53.3	60.8	65.1	65.8
2	59.3	56.2	56.3	57.4	76.1	56.3	65.7	63.5	55.5	62.3	54.0	54.1	65.8	65.8	67.3
3	59.0	55.7	54.3	56.4	75.2	54.7	64.3	64.5	54.1	63.0	54.3	53.0	64.1	63.2	65.6
4	59.0	56.2	54.0	58.6	76.6	57.3	65.3	65.3	53.3	62.7	54.7	54.7	65.5	66.0	66.5
5	56.3	55.7	52.4	55.7	75.6	53.7	64.3	63.2	52.1	60.0	53.7	52.7	62.7	65.8	64.7
6	59.0	56.0	56.3	57.0	77.1	55.7	65.3	65.1	53.5	62.3	53.7	54.0	62.4	65.3	65.3
7	58.7	56.1	55.0	57.4	77.1	55.0	65.3	62.8	58.3	61.7	54.0	53.5	64.0	65.7	65.0
8	57.0	55.2	55.3	55.7	74.6	54.6	65.7	64.2	48.8	61.3	54.0	54.3	62.0	65.2	65.1
9	57.0	55.4	53.3	56.0	75.2	54.2	65.0	63.2	51.8	60.7	53.4	53.3	62.0	65.6	63.2
10	59.0	55.3	55.3	57.0	73.8	54.5	65.0	64.5	51.2	61.3	53.3	52.6	65.8	65.7	64.6
11	58.0	55.7	53.3	56.3	75.5	53.4	64.7	64.3	49.2	61.7	53.4	53.4	62.8	65.7	63.1
12	58.0	55.4	56.3	56.7	75.0	54.5	64.0	62.7	50.5	61.0	53.3	53.1	62.4	65.2	65.5
13	58.7	55.1	56.0	56.6	75.9	55.2	65.7	63.9	53.0	61.0	53.4	53.8	62.8	65.5	64.1
14	58.0	55.3	55.3	56.7	76.3	54.9	67.0	63.9	49.6	62.7	54.6	52.7	61.1	65.3	65.5
15	58.7	55.3	55.7	56.7	76.3	54.3	65.0	64.2	51.3	62.3	53.3	54.2	59.1	66.5	64.7
16	57.7	55.4	53.0	56.0	76.8	52.8	65.7	63.6	48.8	61.7	52.3	53.0	61.4	65.6	64.1
17	59.3	56.4	56.7	58.7	76.9	55.7	65.7	65.3	51.3	62.0	54.0	54.7	61.0	66.7	66.3
18	59.7	55.8	54.7	57.6	75.5	55.7	65.0	64.4	49.0	61.0	53.0	53.7	62.4	66.9	64.7
19	59.0	56.6	54.0	57.0	75.4	55.0	66.3	65.0	51.7	62.3	53.7	53.2	61.5	66.7	66.1
20	56.7	55.2	53.4	56.0	73.8	53.2	64.3	60.9	46.6	59.7	53.0	51.1	63.0	65.5	61.5
21	58.0	56.0	53.4	58.3	77.8	53.8	65.3	63.9	48.3	61.7	53.0	54.1	64.0	65.6	63.0

Cuadro 20A. (Continuación)

Híbrido	AF	CE	Cot	EEP	MJ	MN	MO	PAL	PC	SA	SCP	SGC	SY	TJ	Tla
22	65.0	55.6	56.0	54.3	77.0	54.0	67.3	65.5	56.4	61.0	53.0	44.2	61.3	65.9	66.5
23	56.3	55.6	51.3	57.3	73.6	53.5	65.3	65.6	55.4	60.7	51.3	50.2	61.8	64.0	64.1
24	57.3	56.0	52.3	57.4	75.1	55.3	64.3	64.2	53.3	62.3	54.3	51.4	62.3	65.9	66.5
Promedio	58.5	55.7	54.6	56.8	75.8	54.7	65.3	64.1	52.1	61.6	53.5	52.8	62.6	65.6	64.9
DMS 0.05	1.9	1.0	1.9	1.7	3.1	1.1	1.5	1.3	5.5	1.6	1.2	1.6	4.6	1.9	1.5
CV (%)	1.6	0.9	1.7	1.4	2.0	0.9	1.1	1.0	5.2	1.3	1.1	1.5	3.6	1.4	1.2

AF=Agua Fria, Puebla, México; CE= Cuyutla Escuintla, Guatemala; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; EEP= El Ejio Panamá; MJ= La Máquina Juchitepequez, Guatemala; MN= Managua, Nicaragua; MO= Las Monjas Jalapa, Guatemala; PAL=Palмира, Colombia; PC= Playita, Comayagua, Honduras; SA=San Andrés, El Salvador; SCP=Santa Cruz Porrillo, El Salvador; SGC= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; SY= Sulaco, Yoro, Honduras; TJ= Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapán Morelos, México; DMS= Diferencia mínima significativa; CV= Coeficiente de variación.

Cuadro 21A. Promedio de acame de raíz de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo y cuatro testigos evaluados en 11 ambientes

Hibrido	AF	CE	Cot	MN	MO	PAL	PC	SA	SCP	SE	SGC	SY	TJ	Tla
1	2.1	1.5	40.1	0.0	1.5	1.4	1.3	6.7	0.0	0.0	2.6	1.4	10.0	1.8
2	1.4	0.0	3.4	0.0	0.0	1.1	1.7	11.7	0.0	0.0	0.4	4.1	1.0	2.1
3	1.4	0.0	46.1	0.0	0.0	9.1	18.6	9.2	0.0	1.3	1.1	12.6	3.9	0.5
4	0.7	0.0	3.9	0.0	0.0	0.9	2.7	4.7	0.0	0.0	2.0	10.8	0.5	3.6
5	0.0	0.0	6.1	0.0	3.1	1.2	6.8	11.4	0.0	0.0	0.0	11.2	2.7	3.7
6	0.0	0.0	4.6	0.0	0.0	2.3	5.6	-1.9	6.3	0.0	2.0	3.8	5.1	1.5
7	4.0	0.8	18.6	0.0	1.4	1.2	2.9	10.9	0.0	0.7	2.4	4.1	2.6	1.0
8	6.1	0.0	45.8	0.0	1.4	0.2	6.5	10.0	4.9	1.7	0.9	7.1	4.6	0.0
9	3.5	0.0	29.2	0.0	1.3	0.1	14.4	10.1	4.0	0.0	0.5	24.3	6.6	0.5
10	2.0	0.0	30.7	0.0	1.4	1.8	3.8	3.4	0.0	0.6	0.8	7.1	1.9	3.6
11	0.0	0.0	4.0	0.0	2.8	0.0	4.4	3.3	0.0	0.7	1.7	8.4	1.6	1.1
12	0.0	0.0	4.3	0.0	0.7	0.0	1.5	7.8	0.0	0.0	1.3	10.3	0.8	0.0
13	0.0	0.0	5.8	0.0	0.7	0.2	0.4	6.2	0.0	0.0	0.8	9.0	1.4	2.5
14	0.0	0.0	7.2	0.0	1.4	0.8	5.6	7.0	0.0	1.3	0.2	6.0	4.5	1.0
15	1.4	0.0	1.2	0.0	0.8	0.6	0.7	25.7	0.0	0.0	1.7	8.5	0.2	0.0
16	0.7	0.0	15.7	0.0	2.9	0.0	1.3	27.6	0.0	0.0	1.3	19.9	2.9	1.6
17	0.0	0.0	16.2	0.0	0.7	5.7	2.8	1.9	3.3	0.0	2.0	9.4	0.5	1.6
18	0.7	0.0	19.8	0.0	2.1	1.1	7.4	11.2	0.0	0.0	1.3	3.3	2.3	3.5
19	2.0	0.0	3.6	0.0	0.0	2.1	2.0	7.6	0.0	2.0	3.2	4.2	2.1	1.6
20	0.0	0.0	23.4	0.0	1.4	0.0	5.1	33.7	1.5	0.0	0.2	2.1	3.9	4.6

Cuadro 21A. (Continuación)

Hibrido	AF	CE	Cot	MN	MO	PAL	PC	SA	SCP	SE	SGC	SY	TJ	Tla
21	0.7	0.0	33.5	1.0	1.7	3.6	2.7	22.6	11.4	0.0	2.0	46.6	11.7	2.1
22	5.1	0.0	33.1	0.0	4.5	1.8	5.9	6.6	21.3	0.0	7.2	11.6	11.1	1.6
23	2.8	1.6	20.3	0.0	1.4	1.8	0.4	3.2	0.0	0.0	1.9	8.8	2.3	0.0
24	0.7	0.0	4.1	0.0	2.6	3.2	0.9	7.1	0.0	0.0	2.4	36.7	5.3	2.6
Promedio	1.5	0.2	17.4	0	1.4	1.7	4.3	10.3	2.2	0.3	1.6	11.3	3.7	1.8
DMS 0.05	3.0	1.4	22.5	0.6	3.4	6.2	7.9	26.6	7.7	1.8	3.3	16.3	8.0	3.1
CV (%)	100.4	416.6	63.2	692.8	116.5	182.8	91.3	126.5	171.3	258.4	97.4	70.5	105.5	85.0

AF=Agua Fria, Puebla, México; CE= Cuyutla Escuintla, Guatemala; Cot= Cotaxtla, Veracruz, México; MO= Las Monjas Jalapa, Guatemala; PAL=Palmira Colombia; Playita Comayagua. Honduras; PC= Playita, Comayagua, Honduras; SA=San Andrés, El Salvador; SGC= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; SY= Sulaco, Yoro, Honduras; Tiucal, TJ= Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapán Morelos, México; DMS= Diferencia mínima significativa; CV= Coeficiente de variación.

Cuadro 22A. Promedio de acame de tallo de 20 híbridos tropicales de maíz de endospermo amarillo y cuatro testigos evaluados en 14 ambientes

Hibrido	AF	CE	Cot	MN	MO	PAL	PC	SA	SCP	SE	SGC	SY	TJ	Tla
1	0.0	0.1	0.0	2.1	0.0	1.4	2.5	0.0	0.0	40.4	0.7	1.7	7.4	18.7
2	0.0	0.0	0.0	3.6	2.4	0.0	0.8	0.0	0.0	25.5	0.7	3.8	2.9	31.1
3	0.0	0.3	0.0	9.3	2.5	0.0	0.6	0.0	0.0	24.9	1.4	1.8	4.2	30.0
4	0.0	0.0	0.0	4.1	0.7	0.0	1.1	0.0	1.5	28.5	0.8	1.2	3.9	17.0
5	0.7	0.5	0.0	-0.6	3.3	1.1	1.0	0.8	1.5	35.1	1.5	1.4	15.5	28.5
6	0.0	0.0	0.6	2.1	0.7	0.0	0.3	0.0	0.0	29.9	1.4	3.3	12.6	43.3
7	0.7	0.1	0.0	2.5	0.0	0.0	2.0	0.0	0.0	21.1	2.6	0.5	5.7	15.7
8	1.3	0.1	0.0	9.0	0.8	3.6	-0.4	0.0	0.0	37.2	0.0	14.9	4.5	29.9
9	1.4	0.0	0.0	3.7	0.7	2.8	1.0	0.0	0.0	25.0	0.0	3.7	6.6	54.9
10	0.0	0.0	0.0	1.4	0.6	0.0	0.2	0.0	0.0	29.9	0.0	-0.2	5.8	14.2
11	0.0	0.3	0.0	8.2	0.0	0.0	0.2	0.0	0.0	33.2	0.7	2.3	0.0	26.2
12	0.7	0.0	0.0	1.6	0.7	1.2	0.2	0.0	0.0	46.5	0.0	2.1	3.8	32.5
13	1.4	0.0	0.0	1.1	0.0	1.1	2.4	0.0	0.0	30.4	0.0	4.6	2.9	46.4
14	0.0	0.0	0.0	6.3	0.0	0.0	0.8	0.0	0.0	28.8	0.0	6.3	0.7	34.9
15	0.0	0.1	0.0	0.4	1.9	1.1	0.0	0.0	0.0	24.4	0.0	1.2	2.1	28.3
16	0.7	0.0	0.0	8.8	2.1	0.0	1.4	0.0	0.0	43.1	0.0	0.4	3.7	45.7
17	0.0	0.0	0.0	6.2	0.7	0.0	-0.3	0.0	0.0	29.3	4.5	5.5	2.7	53.5
18	0.0	0.1	0.0	5.9	4.1	0.0	-0.2	0.0	0.0	25.6	0.0	1.6	1.3	17.1
19	0.0	0.0	0.6	2.0	1.4	0.0	0.7	0.0	0.0	20.2	0.0	2.9	2.1	18.5
20	2.1	0.0	0.9	0.7	0.7	0.0	-0.1	0.0	0.0	22.7	0.0	2.5	12.4	20.5

Cuadro 22A. (Continuación)

Hibrido	AF	CE	Cot	MN	MO	PAL	PC	SA	SCP	SE	SGC	SY	TJ	Tla
21	0.7	0.0	0.0	4.9	1.6	1.4	0.2	0.0	1.9	30.2	0.0	2.3	6.6	32.1
22	0.0	0.1	0.0	2.8	0.0	0.0	0.3	0.0	0.0	38.4	4.6	0.7	14.8	25.0
23	1.5	2.3	0.0	7.2	1.2	0.0	0.1	0.0	5.6	27.8	0.8	0.8	3.3	33.7
24	0.7	0.2	0.6	2.2	2.5	0.0	0.0	0.0	0.0	32.1	3.4	10.5	5.9	39.5
Promedio	0.5	0.1	0.1	4.0	1.2	0.6	0.6	0.0	0.4	30.4	1.0	3.2	5.5	30.7
DMS 0.05	1.9	1.4	0.8	6.6	3.5	2.9	1.5	0.5	3.7	20.4	3.4	6.4	7.5	20.9
CV (%)	190.7	524.6	330.3	81.4	146.4	245.9	120.0	692.8	413.8	32.9	173.3	99.7	66.9	33.4

AF=Agua Fria, Puebla, México; EEP= El Ejido Panamá; MN= Managua Nicaragua; MO= Las Monjas Jalapa, Guatemala; PAL=Palмира Colombia; PC= Playita, Comayagua Honduras; PC= Playita, Comayagua, Honduras; SGC= San Gilberto Chinandenga, Nicaragua; SY= Sulaco, Yoro, Honduras; TJ=Tiucal, Jutiapa, Guatemala; Tla= Tlaltizapan, Morelos, México; DMS= Diferencia mínima significativa; CV= Coeficiente de variación.