

## HERRAMIENTAS ESTADÍSTICAS PARA LA EVALUACIÓN Y SELECCIÓN DE HÍBRIDOS DE MAÍZ A TRAVÉS DE MÚLTIPLES AMBIENTES Y AÑOS<sup>1</sup>

*Román Gordón-Mendoza<sup>2</sup>; Ismael Camargo-Buitrago<sup>3</sup>*

### RESUMEN

Con el objetivo de evaluar algunas herramientas estadísticas para la toma de decisiones al momento de liberar nuevos genotipos, con la precisión que éstos sean superiores a los testigos de uso común, se tomaron los datos de 34 ensayos sembrados durante los últimos tres años (2017-2019) principalmente en la Región de Azuero en Panamá. El número de híbridos evaluados por año varió de 20, 15 y 18 genotipos, respectivamente. Para el estudio se tomaron seis híbridos en común a través de los años comparándose con el testigo más usado en el país (30F-35). El diseño experimental original fue Alfa Látice con tres repeticiones, el cual varió a través de años. Para el análisis de los siete genotipos seleccionados se realizó un análisis de varianza individual y combinado tipo REML en un diseño de Bloques Completos al Azar. Estos análisis mostraron diferencias altamente significativas entre los distintos híbridos evaluados para la variable rendimiento de grano y otras características agronómicas. Este análisis mostró que al reducir el número de cultivares, la varianza entre genotipos se redujo; mientras que la varianza entre ambientes aumentó. De los híbridos evaluados, tres sobrepasaron la media general del combinado, sobresaliendo de manera significativa el P-4039, ADV-9789 y ADV-9779 con medias de que superan las 8,30 ton-ha<sup>-1</sup>. El análisis Biplot GGE-SReg identificó al híbrido ADV-9779 como el más estable a través de las localidades. El análisis de la confiabilidad de la respuesta normalizada, indicó que el P-4039 supera al testigo en el 87% de las localidades. Se confirmó que las metodologías empleadas, resultan útiles y sencillas para identificar genotipos superiores para su liberación en las áreas de influencia evaluadas.

**Palabras clave:** Biplot GGE-SReg, Conglomerados de Ward, Confiabilidad de la respuesta, repetitividad.

<sup>1</sup> Recepción: 25 de junio de 2020. Aceptación: 25 de marzo de 2021. Investigación realizada con fondos del Proyecto "Generación de variedades e híbridos de maíz" del DIAP.

<sup>2</sup> Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP), M.Sc., e-mail: gordon.roman@gmail.com

<sup>3</sup> Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP), Ph.D., e-mail: camargo.ismael@gmail.com



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

## STATISTICAL TOOLS FOR EVALUATION AND SELECTION OF CORN HYBRIDS ACROSS MULTIPLE ENVIRONMENTS AND YEARS

### ABSTRACT

Data of 34 trials established during the last three years (2017- 2019), mainly in the Azuero Region in Panama, were used to evaluate some statistical tools for decision-making when releasing new genotypes, with the precision that these are superior to the controls in common use. The number of hybrids evaluated per year varied from 20, 15 and 18 genotypes, respectively. For this study, six hybrids in common were taken over the years, comparing them with the most used control in the country (30F-35). The original experimental design was Alpha Lattice with three repetitions, which varied over years. An analysis of variance was carried out individually and in a combined type REML in a Complete Random Block design for the analysis of the seven selected genotypes. These analyzes showed highly significant differences between the different hybrids evaluated for grain yield variable and other agronomic characteristics. This analysis showed that by reducing the number of cultivars, the variance between genotypes was reduced; while the variance between environments was increased. Within the evaluated hybrids, three exceeded the combined overall average, with P-4039, ADV-9789, and ADV-9779 standing out significantly, with averages exceeding 8,30 ton·ha<sup>-1</sup>. The Biplot GGE-SReg analysis identified ADV-9779 as the most stable hybrid across localities. The analysis of the reliability of the normalized response indicated that P-4039 exceeds the control in 87% of the locations. The used methodologies were confirmed to be useful and simple to identify superior genotypes for release in the evaluated areas of influence.

**Key words:** Biplot GGE-SReg, Ward clusters, Reliability of the response, repeatability.

### INTRODUCCIÓN

Para aprovechar la máxima expresión del potencial de productividad de los híbridos de maíz, cuando existen regiones heterogéneas para la producción comercial, es conveniente explorar la mayor proporción de esta variabilidad ambiental. Este objetivo se logra aumentando el número de sitios de evaluación, evaluando diferentes épocas y años, de tal forma que se expongan los materiales genéticos a las condiciones ambientales prevalecientes en las zonas de producción.

En las regiones tropicales como Panamá, en años diferentes, las mismas localidades presentan condiciones climatológicas distintas, especialmente en cuanto a la disponibilidad de humedad en el suelo, producto de la precipitación pluvial. En el caso de



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

los cultivos sembrados bajo condiciones de secano, la humedad del suelo constituye un factor limitante en la producción de grano, como particular de la región de Azuero (Gordón, 2020) que representa la mayor superficie comercial sembradas con híbridos en el país.

La evaluación en ambientes contrastantes representa un reto para los mejoradores genéticos. En esta materia es obligatorio evaluar los efectos de genotipo, ambiente y la interacción genotipo ambiente e involucra conceptos como repetitividad, estabilidad y adaptabilidad. Afortunadamente, en la actualidad existen modelos estadísticos robustos que representan herramientas indispensables en la toma de decisiones al momento de liberar nuevos híbridos, que garanticen que las nuevas tecnologías genéticas sean iguales o superiores a las usadas en la actualidad.

La repetitividad se define como la fracción de la variancia, total del carácter que se debe a las diferencias permanentes entre los individuos y al igual que la heredabilidad, puede tomar valores entre 0 y 1 (Falconer, 1990; Holland et al., 2003; Yan, 2014). La heredabilidad o repetitividad  $H$ , es un indicativo de la validez o utilidad de las pruebas de evaluación de genotipos, cuando  $H = 1$  significa que las diferencias observadas entre las medias genotípicas del ensayo son debido al efecto genético; mientras que  $H = 0$  indica que las diferencias observadas son debido al error aleatorio o experimental (Yan y Holland, 2010). Gordón y Camargo (2015), Camargo et al., 2017 indican que la repetitividad puede ser un estadístico robusto para medir la precisión de los experimentos, con menos sesgo que el coeficiente de variación.

En este sentido tenemos el modelo AMMI, propuesto por Zobel et al. (1988) y validado por Gauch Junior y Zobel (1989) y Crossa et al. (1990), combina el análisis de regresión lineal con el análisis por componentes principales. Por otro lado, Yan et al., 2000; Yan y Hunt, 2002; Yan y Kang, 2003 propusieron el modelo Biplot GGE ésta es una herramienta que ha incrementado su popularidad entre los mejoradores de plantas y otros investigadores agrícolas por su versatilidad y facilidad de interpretación de sus figuras. El análisis de conglomerado mediante el método de Ward es una técnica multivariada, que busca agrupar elementos (o variables) y que trata de lograr la máxima homogeneidad en cada grupo y la mayor diferencia entre los grupos (Johnson, 2000).



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

Autores como Eskridge y Mumm (1992); Nuland y Eskridge (1992); Eskridge et al. (1993), Eskridge (1997), han propuestos metodologías estadísticas que permiten identificar genotipos superiores utilizando datos desbalanceados; estos autores perfeccionaron el análisis de confiabilidad o respuesta normalizada, basados en las diferencias de rendimiento de los cultivares respecto a un testigo adaptado a la región. Los objetivos del presente estudio fue resaltar algunas herramientas estadísticas sencillas y vigorosas en la toma de decisiones al momento de liberar las nuevas tecnologías genéticas con la certeza estadística que esas nuevas tecnologías serán igual o superiores a las actuales.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Localidades y Material Genético

Durante los ciclos agrícolas 2017, 2018 y 2019 se estableció, un número variable de ensayos por año, en distintas localidades de la Región de Azuero y Chiriquí. Estos fueron sembrados en parcelas de productores colaboradores de las provincias de Los Santos, en sus propias parcelas comerciales de siembra. También se establecieron de dos a tres ensayos por año en la Estación Experimental El Ejido a distintas fechas de siembra (agosto, septiembre y octubre), con el fin de determinar el efecto de la distribución de lluvias en los distintos genotipos (Cuadro 1).

**Cuadro 1. Diseño, número de repeticiones, tratamientos y localidades de los ensayos de evaluación de híbridos simples en Panamá. 2017-2019.**

Año	Diseño	No Rep	No Trat	Provincia	No Loc	Localidades
2017	Alfa Látice 4x5	3	20	Los Santos	10	El Ejido A*, El Salaíto, Guararé, Llano Abajo, Nuevo Ocu, Pocrí, Chupá, Los Destiladeros, Ejido O*
2018	Alfa Látice 3x5	3	15	Los Santos	12	El Ejido A*, Guararé, Santo Domingo, La Mina, La Candelaria, Purio, Pedasí, La Laguna, Chupá, El Ejido S*, Aranda, El Ejido O*
				Chiriquí	1	Chiriquí (Facultad de Ciencias Agropecuarias)
2019	Alfa Látice 3x6	3	18	Los Santos	11	El Ejido A*, La Candelaria, El Ejido S*, Chupá, La Mina, La Laguna, Purio, El Nanzal, Aranda, Quindío, El Ejido O*
Total					34	

\*El Ejido A, S y O se refiere a la siembra en El Ejido en el mes de agosto, septiembre y octubre, respectivamente.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Todos los híbridos evaluados fueron suministrados por empresas semilleras que operan en Centro América que introducen y comercializan genotipos en Panamá. En el año 2017 se sembraron 20 híbridos de los cuales 18 eran de grano color amarillo y dos de grano blanco. En el 2018 se evaluaron 15 híbridos, todos de grano amarillo. Finalmente, en el año 2019 fueron sembrados 18 genotipos, 17 de grano amarillo y uno grano blanco. Todos los años se sembró el testigo local 30F-35, el cual es un híbrido que fue liberado en el país en el año 2009 (Cuadro 2). Para este estudio se seleccionaron los seis híbridos en común, más el testigo local; el resto de los híbridos fueron descartados para el análisis combinado.

### Unidad Experimental

Las parcelas experimentales consistieron de dos surcos de 5,2 m de largo. Todos los ensayos fueron sembrados a una distancia de 0,75 m entre hileras y 0,20 m entre posturas de siembra para una densidad inicial de 6,66 plantas/m<sup>2</sup>. El manejo agronómico respecto al control de plagas dependió de su incidencia y de las recomendaciones tecnológicas que aparecen en la Guía para el manejo integrado del cultivo de maíz del IDIAP (Gordón, 2009). Al cultivo se le aplicó a la siembra, 273 kg·ha<sup>-1</sup> de una fórmula completa (13-26-10-3) en forma de banda a 2,5 cm de profundidad. Se realizaron dos aplicaciones suplementarias de nitrógeno en forma de urea, la primera a los 21 días después de siembra (dds) y la segunda a los 37 dds a razón de 159 y 204 kg·ha<sup>-1</sup>, respectivamente. Las malezas fueron controladas con la aplicación de atrazina más pendimentalina inmediatamente después de la siembra. Durante el desarrollo del cultivo se realizaron deshierbes manuales por escape del control hasta el momento de la cosecha.

### VARIABLES MEDIDAS

Los datos tomados incluyeron variables cuantitativas como: días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, número de plantas acamadas de tallo, número de mazorcas podridas, número de plantas y mazorcas al momento de la cosecha, rendimiento de grano, número de mazorcas con mala cobertura y humedad del grano. Además, se midieron variables cualitativas, como: aspecto de planta y mazorcas (escala 1 a 5), textura de grano (escala 1 a 4), enfermedades al follaje tales como *Bipolaris maydis*, *Exserohilum turcicum*. En donde 1,0 indica ausencia de enfermedad y 5,0 infección muy



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

severa. La evaluación se realizó en la etapa R3 (75-80 dds) del cultivo, antes de la senescencia de las hojas. Para el análisis estadístico de las variables porcentaje de plantas acamadas, mazorcas podridas y mazorcas con punta descubiertas se realizó una transformación utilizando la fórmula de la raíz cuadrada más un medio ( $\sqrt{x + 0.5}$ ). El rendimiento de grano de cada híbrido fue normalizado ( $RN_i$ ) por medio del proceso de estandarización  $N(0,1)$ . Para este cálculo se utilizó la fórmula  $(X_i - \mu) / \delta$ , en donde  $X_i$  es el rendimiento del híbrido de interés,  $\mu$  es la media general y  $\delta$  es la desviación estándar general a través de localidades. En cada año se tomó una muestra de seis mazorcas de todos los híbridos, con el fin de obtener el porcentaje de desgrane. El cálculo del rendimiento de grano analizado corresponde al obtenido con este porcentaje de desgrane.

**Cuadro 2. Híbridos evaluados por ciclo agrícola en cada experimento, Panamá 2017-19.**

2017	2018	2019
1. 30F-35 (TL)	1. 30F-35 (TL)	1. 30F-35 (TL)
2. P-4039	2. P-4039	2. P-4039
3. P-4226	3. P-4226	3. P-4226
4. ADV-9293	4. ADV-9293	4. ADV-9293
5. ADV-9779	5. ADV-9779	5. ADV-9779
6. ADV-9789	6. ADV-9789	6. ADV-9789
7. SV-3243	7. SV-3243	7. SV-3243
8. SV-3245	8. SV-3245	8. BA-1303
9. ADV-9022	9. 60XB14	9. BA-1332
10. ADV-9139	10. 90XB06	10. BA-1407
11. ADV-9339	11. HV132549	11. BA-1419
12. IMPACTO	12. P-4285	12. BA-1429
13. NB-7253	13. SOMMA	13. P-3456
14. SV-1035	14. SV-2104	14. P-3898
15. SV-2104	15. SV-292	15. DOW-446
16. SV-292		16. HV110427
17. SYN-730		17. HV132549
18. SYN-750		18. SV-7019
19. P-4082W		
20. P-4028W		

TL = Testigo Local



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

## Diseño Experimental y Análisis estadístico

Se realizó un análisis de varianza por localidad con todos los híbridos y con los siete genotipos seleccionados. El análisis de varianzas por localidad se realizó utilizando el método REML (Restricted Maximum Likelihood) propuesto por Vargas et al. (2013). Para el análisis por año se consideró un diseño Alfa Látice (set completo) y de Bloques Completo al Azar (set de híbridos seleccionados) con tres repeticiones. Se utilizaron los siguientes modelos matemáticos

$$Y_{ijk} = \mu + Rep_i + Block_j(Rep_i) + Gen_k + \varepsilon_{ijk} \quad (1)$$

$$Y_{ijk} = \mu + Rep_i + Gen_k + \varepsilon_{ijk} \quad (2)$$

En donde  $Y_{ijk}$  es el tratamiento de interés;  $\mu$  es la media general;  $Rep_i$  es el efecto de la  $i$ -ésima repetición;  $Block_j(Rep_i)$  es el efecto del  $j$ -ésimo bloque incompleto dentro del  $i$ -ésima repetición;  $Gen_k$  es el efecto  $k$ -ésimo genotipo, y  $\varepsilon_{ijk}$  es el error residual. En este modelo los genotipos se consideran como efectos fijos y las repeticiones y bloques incompletos como efectos al azar.

## Repetitividad

En cada análisis se procedió a calcular la repetitividad (H) por localidad (3). Luego se le calculó este estadístico de precisión a cada variable del análisis combinado (4) de acuerdo a las siguientes fórmulas:

$$H = \frac{\delta_g^2}{\delta_g^2 + \delta_e^2/N^\circ \text{ reps}} \quad (3)$$

$$H = \frac{\delta_g^2}{\delta_g^2 + \delta_{ge}^2/N^\circ \text{ loc} + \delta_e^2/(N^\circ \text{ locs} \times N^\circ \text{ reps})} \quad (4)$$

En donde  $\delta_g^2$  es la varianza de genotipos,  $\delta_{ge}^2$  es la varianza de la interacción Genotipo x Ambiente y  $\delta_e^2$  es la varianza del error de los análisis de varianza realizados a cada localidad y al combinado.

## Análisis de Varianzas

A las localidades que tuvieron una repetitividad superior a 0,00 se les realizó un análisis de varianza combinado a través de años con un modelo BCA (5) con el siguiente modelo matemático:

$$Y_{ijkl} = \mu + Loc_i + Rep_j(Loc_i) + Gen_l + Loc_i \times Gen_l + \varepsilon_{ijkl} \quad (5)$$



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

En donde los nuevos términos  $Loc_i$  y  $Loc_i \times Gen_i$  son los efectos para la  $i$ -ésima localidad y la interacción genotipo por localidad, ambos considerados términos al azar dentro del modelo. En este modelo los genotipos se consideran como efectos fijos y las repeticiones como efectos al azar. Para la estructura de las covarianzas se utilizó el modelo de componentes de la varianza (*Variance components*). A todas las variables se le calculó las medias ajustadas (LS means) y las mismas fueron comparadas utilizando las diferencias mínimas significativas (DMS) al 5% de probabilidad.

### **Análisis de Conglomerado**

Los datos de rendimiento fueron sometidos a un análisis de conglomerado mediante el método de Ward (Johnson, 2000). Este método utiliza el análisis de la varianza para evaluar la distancia entre grupos, minimizando la suma de los cuadrados de las distancias entre los conglomerados que son formados en cada interacción. Es una técnica multivariada que busca agrupar variables tratando de lograr la máxima homogeneidad en cada grupo y la mayor diferencia entre los grupos. Luego se representó en un Dendograma, el cual es la representación gráfica que mejor ayuda a interpretar el resultado de este análisis.

$$W = \sum_g \sum_{i \in g} (U_{ig} - \bar{U}_g)'(U_{ig} - \bar{U}_g)$$

En donde:  $\bar{U}$  = Es la media del grupo  $g$ . El criterio comienza suponiendo que cada dato forma un grupo,  $g = n$  y por tanto  $W$  es cero. Luego se unen los elementos que produzcan el menor incremento de  $W$ . Obviamente esto implica tomar los valores más próximos a la distancia euclídea. En la siguiente etapa se tiene  $n-1$  grupo,  $n-3$  de un elemento y uno de dos elementos. Se decide nuevamente, unir dos grupos para que  $W$  crezca lo menos posible, con lo que se pasa a  $n-2$  grupos y así sucesivamente hasta tener un único grupo. Los valores de  $W$  van indicando el crecimiento del criterio al formar grupos y pueden utilizarse para decidir cuántos grupos naturales contienen los datos.

### **Análisis de Estabilidad**

Para el análisis de estabilidad del combinado de los tres años, se utilizó el modelo Biplot GGE-SReg, que integra el análisis de varianza y el análisis de componentes



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).



principales (Yan et al., 2000). El SReg está basado en la Regresión de sitios Lineal-bilineal (multiplicativo) de (Cornelius et al., 1996). El modelo matemático del SReg (6) es:

$$\bar{y}_{ik} = \mu + \delta_j + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \bar{\epsilon}_{ij}. \quad (6)$$

En donde  $\bar{y}_{ik}$  es el Rendimiento promedio de un genotipo  $i$  en un ambiente  $k$ ,  $\mu$  es la Media General del genotipo  $i$ -ésimo en el  $j$ -ésimo ambiente;  $\delta_j$  es el efecto de las desviaciones de las medias del ambiente,  $\lambda_n$  es el valor singular para el PCA o son constantes de escala (valores singulares) que permiten la imposición de restricciones de orto-normalidad en los vectores singulares para genotipos  $\alpha_{ik}$  y ambientes  $\gamma_{jk}$ ; de modo que  $\sum_i \alpha_{ik}^2 = \sum_j \gamma_{jk}^2 = 1$  y  $\sum_i \alpha_{ik} \alpha_{ik'} = \sum_j \gamma_{jk} \gamma_{jk'} = 0$  para  $k \neq k'$ ;  $\alpha_{ik}$  y  $\gamma_{jk}$  son llamadas “primario”, “secundario”, “terciario”...etc efectos de genotipos y ambientes respectivamente.;  $\bar{\epsilon}_{ij}$  es el Error experimental asumiendo ser normal y con distribución independiente  $(0, \sigma^2/r)$ .

### **Análisis de confiabilidad de la respuesta**

El análisis de confiabilidad se realizó a los seis híbridos (excluyendo al testigo local) que fueron evaluadas los tres años. Para la confiabilidad o respuesta normalizada (RN<sub>i</sub>), del  $i$ -ésimo genotipo se determinó a partir de los diferenciales de rendimiento con respecto al testigo 30F-35. Los valores promedios  $d_i$  y la desviación estándar de las diferencias ( $S_{d_i}$ ) se estimaron en todos los ambientes. A continuación, se determinó el valor estandarizado ( $d_i/S_{d_i}$ ), al cual se le establece la probabilidad normal estandarizada, mediante la tabla de distribución normal tipificada  $N(0, 1)$ , que proporciona los valores de alfa de la cola (probabilidad de encontrar un valor de  $Z$  mayor al indicado). A esta probabilidad se le denomina confiabilidad normalizada con respecto al testigo (RN<sub>i</sub>) (Córdova et al., 1993; Camargo et al., 2014). Para determinar que las diferencias de los distintos híbridos evaluados contra el testigo en todas las localidades no son productos del azar se utilizó la prueba de Rachas de Wald-Wolfowitz y la Prueba de Cochran-Armitage.

## **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

### **Análisis de varianza por localidad**

De acuerdo al análisis estadístico individual para la variable rendimiento de grano de las 34 localidades, la localidad El Ejido A del 2017 presentó una repetitividad de 0,0 por



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

lo cual fue eliminada del análisis combinado. En el resto de las 33 localidades presentaron valores de repetitividad superior a 0,10 y las mismas fueron incluidas en el combinado. En el Cuadro 3 se presentan las varianzas por fuente y el cálculo de la repetitividad en cada localidad; también se incluye el cociente DMS/Rango el cual varió de 0,33 a 2,54, indicando este valor, de acuerdo a Gordón y Camargo (2015) y Camargo et al. (2017), la buena precisión de los ensayos individuales.

Al analizar el comportamiento después de eliminar entradas a los ensayos se observa una disminución en el valor de la repetitividad como en el estadístico de precisión DMS/Rango. Esta disminución puede ser atribuida a la disminución en las varianzas entre tratamientos. En todas las localidades se observó este efecto, excepto en la localidad de Pedasí 2017 en donde tanto la varianza de tratamientos como la repetitividad aumentaron (Cuadro 3). Es importante señalar que la repetitividad cero de El Ejido A, se debió a que su varianza entre genotipos fue nula.

### **Análisis de varianza combinado**

El análisis de varianzas indicó diferencia altamente significativa entre ambientes y genotipos para la mayoría de las variables estudiadas (Cuadro 4). La interacción genotipo ambiente resultó altamente significativa para la mayoría de las variables analizadas. De acuerdo al análisis de varianza del rendimiento, el ambiente capturó el 69% de la suma de cuadrados total del experimento. Por su parte los genotipos capturaron el 5% de la variabilidad total del análisis de varianza. Este resultado, indica que la mayor variabilidad del ensayo se debe a la gran diferencia entre los ambientes evaluados y que además existe poca variabilidad entre los siete híbridos evaluados. De acuerdo a este análisis, la repetitividad del combinado para el rendimiento de grano fue de 0,94 y un DMS/Rango de 0,26; estos valores son muy similares a los encontrados por Gordón et al. (2020) en la evaluación de seis variedades en esta misma Región. El resto de las variables presentaron valores de repetitividad superiores a 0,20. Estos valores sugieren una buena precisión experimental de este ensayo (Cuadro 4). El aumento del DMS/Rango por experimento, indica que debe haber mayor diferencia entre los tratamientos para declarar diferencias significativas, principalmente por el aumento del valor del DMS y menor rango o diferencia entre los tratamientos.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

**Cuadro 3. Repetitividad, DMS/rango, DMS, Varianzas de tratamientos y del error del análisis por localidad con el número total de híbridos y con los siete híbridos seleccionados. Panamá, 2017-2019.**

Localidades	Repetitividad		DMS/R		DMS		S <sup>2</sup> tratamientos		S <sup>2</sup> Error	
	Todos los 7 híbridos		Todos los 7 híbridos		Todos los 7 híbridos		Todos los 7 híbridos		Todos los 7 híbridos	
	híbridos	híbridos	híbridos	híbridos	híbridos	híbridos	híbridos	híbridos	híbridos	híbridos
<b>El Ejido A*</b>	0,40	<b>0,00</b>	0,67	2,17	1,30	1,54	0,13	<b>0,00</b>	0,61	0,75
<b>El Salaíto</b>	0,57	0,11	0,49	1,11	2,46	3,31	0,98	0,14	2,18	3,47
<b>Guararé</b>	0,87	0,28	0,32	0,89	1,22	1,80	1,15	0,14	0,53	1,02
<b>Llano Abajo</b>	0,92	0,83	0,20	0,43	0,66	0,77	0,63	0,29	0,16	0,19
<b>Nuevo Ocú</b>	0,94	0,88	0,22	0,34	1,10	1,33	2,26	1,39	0,44	0,56
<b>Pocrí</b>	0,94	0,88	0,21	0,40	0,96	1,01	1,64	0,82	0,33	0,32
<b>Chupá</b>	0,92	0,82	0,21	0,46	0,52	0,77	0,38	0,28	0,10	0,19
<b>Destiladero</b>	0,90	0,61	0,30	0,72	0,93	1,76	0,95	0,51	0,31	0,98
<b>Pedasí</b>	0,48	0,77	0,49	0,58	1,40	1,07	0,22	0,40	0,71	0,36
<b>El Ejido O</b>	0,71	0,20	0,46	0,98	0,78	1,20	0,05	0,04	0,06	0,45
<b>El Ejido A</b>	0,92	0,86	0,09	0,43	0,44	1,21	1,41	0,94	0,36	0,46
<b>Guararé</b>	0,80	0,50	0,13	0,81	0,83	2,68	1,74	0,76	1,31	2,27
<b>Santo Domingo</b>	0,96	0,83	0,06	0,54	0,30	1,05	1,47	0,57	0,17	0,35
<b>La Mina</b>	0,87	0,54	0,13	0,83	0,56	1,97	1,33	0,49	0,60	1,23
<b>Candelaria</b>	0,89	0,67	0,12	0,60	0,49	1,90	1,20	0,77	0,46	1,14
<b>Purio</b>	0,89	0,72	0,14	0,55	0,60	1,48	1,90	0,59	0,70	0,69
<b>La Laguna</b>	0,95	0,81	0,07	0,50	0,32	1,40	1,34	0,89	0,20	0,62
<b>Chupá</b>	0,88	0,83	0,13	0,53	0,52	0,98	1,28	0,49	0,52	0,30
<b>El Ejido S</b>	0,90	0,86	0,11	0,43	0,34	0,85	0,68	0,48	0,22	0,23
<b>Aranda</b>	0,92	0,79	0,10	0,45	0,39	1,25	1,08	0,62	0,30	0,50
<b>Quindío</b>	0,83	0,71	0,14	0,61	0,55	1,26	0,96	0,40	0,57	0,50
<b>El Ejido O</b>	0,92	0,79	0,10	0,50	0,30	1,16	0,64	0,55	0,18	0,43
<b>Chiriquí</b>	0,60	0,49	0,17	0,80	0,67	2,43	0,92	0,60	1,82	1,87
<b>El Ejido A</b>	0,92	0,83	0,20	0,44	1,50	1,27	3,03	0,80	0,80	0,51
<b>Chupá</b>	0,94	0,75	0,19	0,47	1,27	1,47	3,07	0,69	0,57	0,68
<b>Candelaria</b>	0,95	0,90	0,18	0,34	1,44	1,82	4,54	3,30	0,73	1,04
<b>La Mina</b>	0,94	0,80	0,23	0,50	1,43	1,50	3,71	0,97	0,73	0,71
<b>La Laguna</b>	0,95	0,62	0,19	0,73	1,64	2,52	5,73	1,11	0,95	2,01
<b>Purio</b>	0,98	0,79	0,14	0,51	1,12	1,20	6,48	0,56	0,44	0,46
<b>El Ejido S</b>	0,95	0,69	0,20	0,67	1,38	1,45	3,85	0,49	0,67	0,66
<b>El Nanzal</b>	0,96	0,86	0,17	0,43	0,91	1,12	2,31	0,82	0,29	0,40
<b>Aranda</b>	0,92	0,46	0,23	0,78	1,36	1,43	2,67	0,19	0,65	0,65
<b>Quindío</b>	0,93	0,73	0,20	0,51	1,58	2,45	4,15	1,73	0,88	1,90
<b>El Ejido O</b>	0,98	0,95	0,15	0,27	0,69	1,10	2,62	2,55	0,17	0,38

\* Localidades excluida del análisis combinado de los tres años.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

**Cuadro 4. Varianzas y estadísticos del análisis combinado a través de años. Panamá, 2017-2019.**

	Rend	RN <sub>i</sub>	Alpt	Ptm <sup>-2</sup>	MzPt <sup>-1</sup>	PMz	TPod	TAcá	TCob	Pomz
<b>S<sup>2</sup> Genotipos</b>	0,32	0,203	56	0,01	0,000	30	0,000	0,001	0,000	0,000
<b>S<sup>2</sup> Ambientes</b>	3,63	0,000	287	0,04	0,001	979	0,013	0,009	0,000	0,002
<b>S<sup>2</sup> Amb x Gen</b>	0,44	0,216	19	0,02	0,001	63	0,000	0,003	0,000	0,000
<b>S<sup>2</sup> Error</b>	0,87	0,528	87	0,23	0,031	141	0,000	0,005	0,000	0,001
<b>Repetitividad</b>	<b>0,94</b>	<b>0,95</b>	<b>0,98</b>	<b>0,73</b>	<b>0,25</b>	<b>0,90</b>	<b>0,64</b>	<b>0,91</b>	<b>0,91</b>	<b>0,96</b>
<b>DMS/R</b>	0,26	0,24	0,19	0,54	0,78	0,31	0,54	0,29	0,28	0,20
<b>CV</b>	11,6	---	4,1	7,4	18,1	9,6	0,0	8,2	0,0	6,1
<b>No locs</b>	33	33	33	33	33	33	33	32	32	33

Rend = Rendimiento de grano, RN<sub>i</sub> = Rendimiento Normalizado, AlPt = Altura de planta, Ptm<sup>-2</sup> = Plantas/m<sup>2</sup>, MzPt<sup>-1</sup> = Mazorcas por planta, PMz = Peso de mazorcas, TPod = % mazorcas podridas transformada, TAcá = % plantas acamadas transformada, TCob = % de mala cobertura transformada, Pomz = Posición relativa de la mazorca

### Efecto de Ambientes

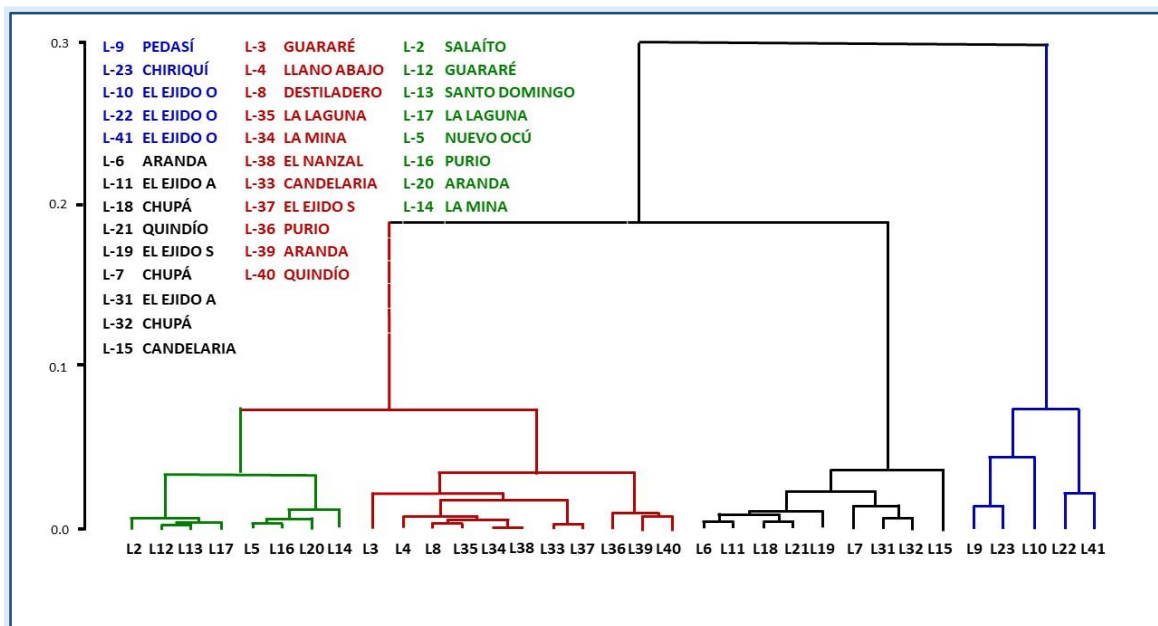
De acuerdo al análisis de Conglomerados de Ward para la variable rendimiento de grano, en el Dendograma se identificaron tres grupos ambientales o dominios de recomendación con una altura de corte de 0,189 (Figura 1). El primer grupo estuvo formado por los ensayos sembrados en las localidades de Pedasí, Chiriquí y las tres siembras de El Ejido O, (Grupo A). El segundo grupo lo conformaron nueve localidades entre las que están Aranda (17), El Ejido A (18 y 19), El Ejido S (18), Candelaria (18), Quindío (18) y los tres años (17, 18 y 19) sembrados en la localidad de Chupá (Grupo B). El tercer grupo (Grupo C) se conformó con el resto de las 19 localidades. En este análisis las localidades se agrupan en varios grupos generales; de forma muy similar a los grupos identificados del análisis Biplot-GGE-SReg. A diferencia de otros estudios en este trabajo se encontró mayor diferencia entre ambas metodologías en donde ocho localidades del Grupo C las ubica en el Grupo Ambiental B (Gordón et al., 2020; 2019; 2017a y b).

La media del rendimiento en las localidades del Grupo A fue la más baja entre los tres grupos con un estimado de 4,47 ton·ha<sup>-1</sup>. En este grupo están incluidas las tres siembras de octubre en la localidad de El Ejido (siembra fuera de la fecha recomendada), el cual de acuerdo a Gordón (2020), las siembras tardías en esta Región se ven afectadas por la errática distribución de lluvias y poca humedad de suelo en las etapas críticas de floración y llenado de grano lo cual incide en bajos rendimientos del cultivo. El Grupo B, que, presentó un rendimiento promedio de 8,20 ton·ha<sup>-1</sup>, en este grupo se ubican las mejores fechas de siembras, en especial en las comunidades de El Ejido y el distrito de



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

Guararé, ambas ubicadas en la Zona Norte de la Región, que se caracteriza por tener una precipitación media anual menor a la Zona Sur de Azuero (Gordón et al., 2004).



**Figura 1. Análisis de conglomerados de las 33 localidades del ensayo de siete híbridos de maíz, Panamá, 2017-2019.**



Por otra parte, el Grupo C presentó el rendimiento de grano más alto con una media de 8,90 ton·ha<sup>-1</sup>. Este grupo estuvo conformado por una mezcla de localidades de la zona norte y sur de la región, pero en gran parte por localidades de la zona sur de la región de Azuero, que es la zona con mayor lámina acumulada y mejor distribución de lluvias en la época de siembra del cultivo (Gordón et al., 2004). El mayor promedio tomando en cuenta todas las localidades se obtuvo en la localidad Purio (2019) con una media de 10,73 ton·ha<sup>-1</sup>, mientras que el más bajo se dio en El Ejido O (2018) con media de 2,38 ton·ha<sup>-1</sup>. En todas las localidades la floración femenina se presentó alrededor de los 53 días después de siembra (dds), con un rango entre 49 y 55 días. En cuanto al porcentaje de plantas acamadas de tallo, el mismo fue alto en la mayoría de las localidades (mayor al 10% de plantas acamadas) con excepción de los ensayos sembrados en El Ejido O del Grupo A y algunas del Grupo C (El Quindío, El Salaíto, Los Destiladeros y Llano Abajo). El porcentaje de mazorcas podridas fue bajo en todas las localidades con menos del 5,0 % de mazorcas podridas (Cuadro 5).



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

**Cuadro 5. Medias Ajustadas del rendimiento de grano y otras variables tomadas del Ensayo de variedades, según localidades y grupo de acuerdo al análisis de Ward. Panamá, 2017-2019.**

Localidad	Año	Rend	Flor	Alpt	Almz	Ptm <sup>-2</sup>	Mzm <sup>-2</sup>	MzPt <sup>-1</sup>	Pmz	Pod	Aca	Enf	Cob
Chiriquí	18	8,46	52	289	118	5,94	5,92	1,00	138	5,6	---	---	---
Pedasí	17	5,31	51	215	105	6,61	6,13	0,93	85	2,2	23,5	2,0	2,2
El Ejido O	19	3,23	50	215	120	6,66	6,04	0,91	52	1,5	8,0	2,0	.
El Ejido O	17	2,98	54	205	98	6,57	6,31	0,96	26	---	2,3	1,9	3,2
El Ejido O	18	2,38	51	199	93	6,23	5,75	0,92	41	---	4,5	1,6	2,2
<b>Promedio Grupo A</b>		<b>4,47</b>	<b>52</b>	<b>247</b>	<b>107</b>	<b>6,40</b>	<b>6,03</b>	<b>0,94</b>	<b>69</b>	<b>3,1</b>	<b>9,6</b>	<b>1,9</b>	<b>2,5</b>
Purio	19	10,73	51	247	143	6,59	6,44	0,98	162	0,3	16,4	2,1	0,4
Aranda	17	9,35	49	226	117	6,55	6,45	0,98	143	0,2	21,2	2,3	1,2
El Ejido A	18	8,93	49	214	115	6,45	6,37	0,99	136	3,1	38,1	1,7	2,3
El Ejido A	19	8,84	51	237	134	6,31	6,22	0,98	138	1,0	38,4	2,1	1,9
Chupá	18	8,80	52	236	134	6,50	6,31	0,97	135	0,5	53,6	1,6	0,2
Candelaria	18	8,54	51	210	108	6,50	6,28	0,97	131	1,8	30,0	1,7	1,0
Chupá	19	8,01	52	232	119	6,54	5,96	0,91	130	3,7	32,8	1,9	1,4
Quindío	18	7,73	53	223	103	6,59	6,34	0,96	118	0,4	28,0	1,7	0,5
El Ejido S	18	7,15	50	224	117	6,22	5,98	0,96	117	2,1	35,9	1,5	1,4
Chupá	17	6,44	50	221	113	6,32	6,43	1,19	98	2,4	18,0	1,9	1,2
<b>Promedio Grupo B</b>		<b>8,20</b>	<b>51</b>	<b>225</b>	<b>118</b>	<b>6,44</b>	<b>6,26</b>	<b>0,99</b>	<b>127</b>	<b>1,7</b>	<b>32,9</b>	<b>1,8</b>	<b>1,2</b>
Nuevo Ocu	17	9,83	49	220	113	6,15	6,09	1,00	159	0,5	14,0	2,1	1,1
La Mina	19	9,66	51	226	135	6,76	6,60	0,98	142	0,7	14,1	1,9	0,1
La Laguna	19	9,65	52	239	143	6,60	6,34	0,96	147	0,8	15,2	1,9	1,0
Quindío	19	9,48	52	235	122	6,50	5,98	0,92	153	1,8	8,1	1,8	0,6
Candelaria	19	9,33	51	207	117	6,10	5,82	0,95	155	1,3	10,1	1,9	1,0
El Salaíto	17	9,04	51	215	109	6,24	6,21	0,99	142	1,2	2,3	2,4	1,5
Aranda	19	9,00	51	214	114	6,75	6,51	0,96	135	0,7	21,4	---	0,2
Guararé	18	8,97	50	240	128	6,51	6,34	0,97	136	1,1	54,9	1,9	2,0
Destiladero	17	8,88	47	227	113	6,84	6,46	0,94	135	1,0	5,8	2,9	1,5
El Ejido S	19	8,81	49	231	119	6,78	6,32	0,93	135	1,0	30,0	---	1,4
Guararé	17	8,80	50	248	131	6,52	6,39	0,98	135	0,8	25,7	3,3	1,1
Purio	18	8,77	50	222	107	6,25	6,23	1,00	137	0,7	29,3	1,6	0,7
El Nanzal	19	8,59	49	245	129	6,58	6,29	0,96	133	0,4	73,0	1,6	1,1
Aranda	18	8,46	50	220	118	6,94	6,93	1,00	118	---	34,9	1,6	0,3
Llano Abajo	17	8,13	49	206	98	6,77	6,71	0,99	119	0,5	7,0	2,7	0,8
La Mina	18	8,07	52	212	107	6,36	6,22	0,98	126	0,7	45,0	2,0	2,1
Santo Domingo	18	7,57	52	196	101	6,72	6,61	0,98	111	0,7	49,6	1,7	0,3
La Laguna	18	7,26	50	217	104	6,92	6,76	0,98	104	0,3	62,5	1,8	0,4
<b>Promedio Grupo C</b>		<b>8,90</b>	<b>50</b>	<b>225</b>	<b>118</b>	<b>6,57</b>	<b>6,38</b>	<b>0,97</b>	<b>136</b>	<b>0,8</b>	<b>27,3</b>	<b>2,1</b>	<b>0,9</b>

Rend = Rendimiento, Flor = Floración, AlPt = Altura de planta, Almz = Altura de mazorca, Ptm<sup>-2</sup> = Plantas/m<sup>2</sup>, Mzm<sup>-2</sup> = Mazorcas/m<sup>2</sup>, MzPt<sup>-1</sup> = Mazorcas por planta, PMz = Peso de mazorcas, Pod = % mazorcas podridas, Aca = % plantas acamadas, Enf = Bipolaris, Cob = % de mala cobertura transformada



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Los ensayos con menor número de plantas a la cosecha se dieron en Chiriquí, Candelaria y Nuevo Océ con poblaciones menores a 6,20 plantas/m<sup>2</sup> al momento de la cosecha. En todas las localidades se obtuvo más de 0,90 mazorcas por planta, excepto en Chupá (2017) con 1,19 mazorcas por planta. Las plantas con mayor altura promedio se registraron en Chiriquí (289 cm) mientras que las más bajas (199 cm) se presentaron en la siembra de 2018 en El Ejido O. El porcentaje general de mazorcas con mala cobertura fue bueno presentándose menos del 3% de mazorcas descubiertas. Las enfermedades foliares se presentaron con baja incidencia, siendo Guararé 17 con una evaluación 3,3 la más alta de todas las localidades (Cuadro 5).

### Efecto de Genotipos

El rendimiento de grano promedio de los siete híbridos, a través de las 33 localidades, fue de 8,04 ton·ha<sup>-1</sup>. Tres de estos híbridos sobrepasaron la media general del combinado; sobresaliendo de manera significativa P-4039, ADV-9789 y ADV-9779 con medias que superan las 8,30 ton·ha<sup>-1</sup>. Igualmente, éstos superaron estadísticamente al testigo en más del 10%. Siguieron a este primer grupo, el P-4226 y ADV-9293 con rendimientos de 7,99 y 7,97 ton·ha<sup>-1</sup>, respectivamente. El híbrido ADV-9293 presentó el rendimiento más alto en las localidades del Grupo A con 5,24 ton·ha<sup>-1</sup> (38% sobre el testigo); por lo que puede considerarse adecuado para las condiciones adversas de clima de las localidades de este grupo. En el Grupo B sobresalió tanto el ADV-9789 como el híbrido P-4039 con rendimientos superiores a 9,50 ton·ha<sup>-1</sup>. En tanto que en el Grupo C se destacan el P-4039 seguido por P-4226 con rendimientos de 9,27 y 8,90 ton·ha<sup>-1</sup>.

**Cuadro 6. Medias ajustadas del rendimiento de grano, de los híbridos evaluados y su comportamiento versus el testigo de mayor área sembrada en Panamá. 2017-2019.**

Híbridos	Rendimiento de grano (ton·ha <sup>-1</sup> )				% sobre el testigo 30F-35			
	33 Loc	Grupo A	Grupo B	Grupo C	33 Loc	Grupo A	Grupo B	Grupo C
1 <b>P-4039</b>	8,76	4,16	9,73	9,27	18	9	17	<b>22</b>
2 <b>ADV-9789</b>	8,57	4,69	9,88	7,95	15	23	<b>19</b>	4
3 <b>ADV-9779</b>	8,37	4,19	9,43	8,44	13	10	14	11
4 <b>P-4226</b>	7,99	4,70	8,42	8,90	8	24	2	17
5 <b>ADV-9293</b>	7,97	5,24	8,83	7,64	7	<b>38</b>	7	0
6 <b>30F-35</b>	7,43	3,80	8,29	7,62	0	0	0	0
7 <b>SV-3243</b>	7,18	4,52	7,70	7,55	-3	19	-7	-1
<b>Promedio</b>	<b>8,04</b>	<b>4,47</b>	<b>8,90</b>	<b>8,20</b>	8	18	7	8

?



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).



El número de plantas al momento de la cosecha entre híbridos osciló entre 6,38 y 6,66 plantas cosechadas por metro cuadrado, siendo el SV-3243 el de menor valor con 6,38 plantas·m<sup>-2</sup>. Todos los híbridos, presentaron porcentajes de mazorcas podridas similares que fueron inferiores a 5,2%. La prolificidad o número de mazorcas por planta no presentó diferencias entre los híbridos, todos con valores muy cercanos a una mazorca por planta. La floración femenina osciló entre 51 y 54 dds. La altura de planta presenta diferencias entre los distintos híbridos, siendo ADV-9789 y ADV-9293 los de menor estatura con 217 y 218 cm, respectivamente. La altura de la mazorca varió entre 112 a 123 cm. Los cultivares con la posición más baja fueron ADV-9789 y 30F-35, el más alto en esta variable fue el P-4226. Con relación al porcentaje de desgrane, los híbridos con mayor porcentaje de desgrane fueron ADV-9789 y ADV-9779 con 92 y 91%, seguidos por el P-4039, ADV-9293 y 30F-35 con 87% de desgrane (Cuadro 7).

En cuanto a la evaluación de enfermedades foliares se observa que la media general representa más bien la sanidad foliar de los cultivares. Para el acame de tallo, el promedio general fue de 27%, siendo el 30F-35 el de menor acame con 19%, seguido por P-4226 con 20%. El de mayor porcentaje con 39% de plantas acamadas fue el SV-3243. Todos los híbridos presentaron un bajo porcentaje de punta de la mazorca descubierta con una media de 1,1%. El P-4039 presentó un Rendimiento Normalizado de 0,57 representando el único superior a 0,50. Todos los híbridos, excepto el testigo 30F-35, presentaron una puntuación de textura cercana a 1,0, lo que indica son considerados cristalinos, coincidiendo con la textura preferida en el mercado de consumo humano de maíz de Panamá.

### **Interacción Genotipo por Ambiente**

El análisis de varianza Tipo IV del rendimiento de grano. En el mismo se observa tanto las fuentes de Ambiente, Genotipo como la interacción Genotipo-Ambiente. También se muestra el valor de los dos ejes principales de la interacción, éstos últimos obtenidos a través del modelo Biplot GGE-SReg. El resultado de este análisis indica que los dos primeros Ejes de los Componentes Principales (PCA) de la interacción explicaron el 65,7% de la interacción genotipo ambiente con tan solo el 33,2% de los grados de libertad (Cuadro 8)



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).



**Cuadro 7. Medias Ajustadas del rendimiento de grano y otras características agronómicas del Combinado a través de los años de siete híbridos de maíz. Panamá, 2017-2019.**

Híbridos	Rend ton·ha <sup>-1</sup>	RN <sub>i</sub>	Flor días	Alpt cm	Almz cm	Ptm <sup>2</sup> m <sup>2</sup>	Mzm <sup>2</sup> m <sup>2</sup>	MzPt <sup>-1</sup>	Pmz g	Pod %	Aca %	Enf 1 a 5	Aspt 1 a 5	Asmz 1 a 5	Cob %	Tex 1 a 4	Desg %
P-4039	8,76	0,57	53	231	120	6,66	6,47	0,97	132	4,1	27	2,0	3,0	2,8	2,0	1,4	87
ADV-9789	8,57	0,37	52	217	112	6,51	6,30	0,97	125	2,8	29	1,7	2,7	2,7	0,7	1,1	92
ADV-9779	8,37	0,29	54	219	116	6,41	6,20	0,97	126	3,2	34	1,6	2,8	2,8	0,6	1,2	91
P-4226	7,99	0,03	52	234	123	6,64	6,48	0,98	124	3,4	20	2,2	3,1	2,8	0,3	1,0	84
ADV-9293	7,97	-0,06	54	218	114	6,47	6,17	0,95	125	3,9	23	1,9	2,8	2,8	0,9	1,0	87
30F-35	7,43	-0,50	53	232	113	6,52	6,20	0,95	116	5,2	19	1,9	2,8	3,0	3,0	2,8	87
SV-3243	7,18	-0,70	51	220	117	6,38	6,23	0,98	115	4,0	39	2,2	2,9	2,9	0,3	1,1	85
<b>Promedio</b>	8,04	0,00	53	225	117	6,51	6,29	0,97	123	3,8	27	1,9	2,9	2,8	1,1	1,4	87
<b>DMS 5%</b>	0,41	0,30	0,4	3	2	0,15	0,18	0,05	5	1,5	6,0	0,1	0,1	0,1	0,8	0,2	---

Rend = Rendimiento de grano, RN<sub>i</sub> = Rendimiento Normalizado, Flor = Floración femenina, AlPt = Altura de planta, Almz = Altura de mazorca, Ptm<sup>2</sup> = Plantas/m<sup>2</sup>, Mzm<sup>2</sup> = Mazorcas/m<sup>2</sup>, MzPt<sup>-1</sup> = Mazorcas por planta, PMz = Peso de mazorcas, Pod = % mazorcas podridas, Aca = % plantas acamadas, Enf = *Bipolaris maydis*, Aspt = Aspecto de planta, Asmz = Aspecto de mazorcas, Cob = % de mala cobertura, Tex = Textura del grano, Desg = % de desgrane

**Cuadro 8. Análisis de varianza Tipo IV y componentes principales (PCA) para la variable rendimiento de grano, Panamá, 2017-2019.**

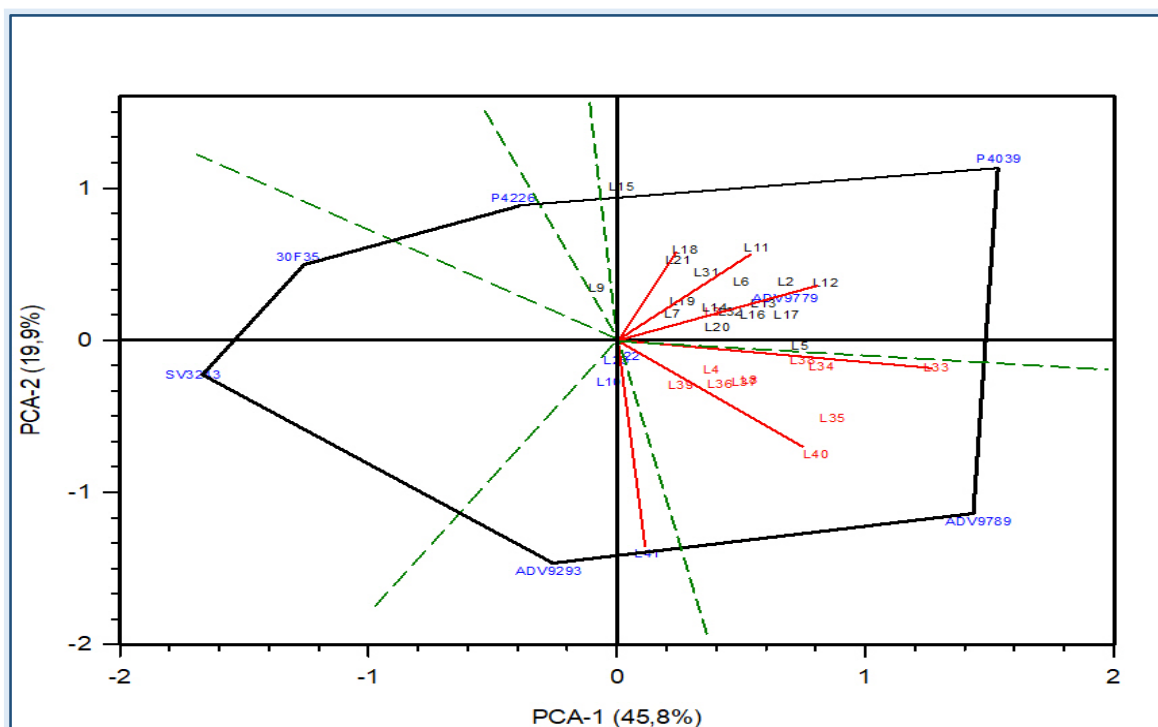
F de V	gl	Suma de Cuadrados Tipo IV	Cuadrados Medios
AMB	32	2557,07	79,91**
GEN	6	201,56	33,59**
GEN x AMB	192	420,33	2,19**
PCA-1		37	285,1
PCA-2		35	123,6
			7,71**
			3,53**

□

Las puntuaciones de cada híbrido y localidad son representadas en la gráfica Biplot que se muestra en la Figura 2. Al graficar las puntuaciones de ambos ejes principales, se forma un polígono con los genotipos que están más alejados del centro (Yan et al., 2000). Estos genotipos en los vértices del polígono son considerados los mejores e inferiores dependiendo de su ubicación y son los que más aportan a la interacción (Yan et al., 2007; Samonte et al., 2005). Las líneas punteadas en verde dividen el polígono en sectores o Grupos Ambientales (con ambientes similares entre sí para la respuesta de los genotipos ubicados dentro de cada sector). En donde el genotipo que está ubicado en el vértice de cada sector corresponde al genotipo con mejor rendimiento en el mismo (Yan et al., 2007).



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)



**Figura 2. Puntuaciones del primer y segundo eje del componente principal de siete híbridos de maíz grano en 33 localidades de Panamá, 2017-2019 (Biplot GGE-SReg).**

□

Determinar el patrón de qué cultivar fue mejor en qué ambiente de un conjunto de localidades es una propiedad intrínseca del Biplot GGE. Si todas las localidades se encuentran en el mismo sector, indica que, un solo cultivar tuvo el mayor rendimiento en todos los ambientes. Si los marcadores ambientales caen en diferentes sectores, esto indica que diferentes cultivares ganaron en diferentes sectores (Yan y Kang, 2003; Yan et al., 2007). Según Yan et al. (2000), las localidades que están más alejadas del centro del gráfico discriminan más los genotipos, mientras que las que están cerca del origen del Biplot, indican que todos los genotipos se desempeñaron de manera similar y, por lo tanto, proporcionan poca o ninguna información sobre las diferencias de genotipo. Un vector corto también podría significar que el entorno no está bien representado por PC1 y PC2 si el Biplot no explica la mayor parte del GGE de los datos (Yan et al., 2000; Yan et al., 2007). En esta evaluación las localidades de Quindío (L33) y El Ejido O del año 2019 (L41) son las más alejadas del centro por lo que son consideradas las que mejor discriminaron a los genotipos evaluados en esta investigación. Gordón et al. (2020),



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

encontró que Quindío fue la que mejor discriminó un grupo de variedades sintéticas evaluadas durante los mismos años.

El resultado del análisis de este ensayo muestra la formación de tres sectores o Grupos Ambientales. El primer sector fue conformado por la Siembra tardía en la localidad de El Ejido (Ejido O) los tres años más el ensayo sembrado en Chiriquí (Grupo ambiental A). Un segundo grupo (Grupo ambiental B) estuvo conformado por las localidades de la Zona Sur que fueron sembradas en el año 2019 y las de Guararé sembradas en 2017 (Zona Norte). En la gráfica se puede observar un tercer grupo (Grupo ambiental C) que fue formado por el resto de las 17 localidades (Grupo Ambiental C). En el Grupo A, el rendimiento más alto se obtuvo con el ADV-9293, el híbrido ADV-9789 fue el más alto en el Grupo B, mientras que en el Grupo C sobresalió el P-4039. De acuerdo a las puntuaciones de los ejes PCA-1 y PCA-2 el híbrido más estable agronómicamente fue el ADV-9779 (valor del PCA-2 más cercano a 0 y PCA-1 más alto).

A pesar de estas diferencias en los Grupos, los cuatro Sub-Grupos formados por ambas metodologías son similares, pero ubicados en distintos Grupos. Este resultado se explica porque ambas metodologías utilizan diferentes cálculos matemáticos para conformar los grupos, en donde la metodología de Ward solo toma en consideración el rendimiento de la localidad sin tomar en cuenta la interacción con los híbridos. Por su parte el Biplot GGE-SReg si toma en cuenta el rendimiento de cada genotipo y separa los grupos tomando en cuenta el desempeño de los genotipos y su interacción con el ambiente. De tal forma que en el gráfico Biplot se puede determinar cuáles fueron los genotipos que mejor desempeño presentan en los grupos o sectores formados, mientras que el Dendograma no hace este tipo de interpretación.

### **Recomendación de híbridos por Grupo ambiental**

Al observar el híbrido con mejor desempeño por localidad y compararlos con los grupos, se encontró que los Grupos formados por Biplot GGE tienen una buena relación con los mejores híbridos por localidad (Cuadro 10). El híbrido con mejor rendimiento en el Grupo A fue el ADV-9293. En el Grupo B, el híbrido más sobresaliente fue el ADV-9789 en el 73% de localidades. Al observar el gráfico Biplot se observa que en el sector que contiene



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

estas localidades se encuentra el ADV-9789, lo que confirma lo descrito por Yan et al. (2000). En el Grupo C no hay un claro ganador, en el mismo sobresalen los híbridos P-4039 seguidos por ADV-9779 y P-4226. Al observar el gráfico Biplot, se observa que en el sector que están las 18 localidades, en la esquina del polígono de este sector está el P-4039 y también se encuentra el híbrido ADV-9779.

**Cuadro 10. Porcentaje de las localidades con el híbrido de mayor rendimiento según metodología para formar los Grupos ambientales.**

Grupo Ambiental	Rendimiento de grano			% de localidades como mejor híbrido		
	A	B	C	A	B	C
P-4039	3,64	9,99	<b>9,15</b>		9	<b>50</b>
ADV-9789	4,77	<b>10,36</b>	8,32		<b>73</b>	11
ADV-9779	4,13	9,36	<b>8,70</b>	25		<b>22</b>
P-4226	4,43	8,65	8,37		9	17
ADV-9293	<b>5,14</b>	9,58	7,61	<b>75</b>	9	
SV-3243	4,40	8,03	7,27			
30F-35	3,33	8,35	7,77			
No Localidades	5	9	19	4	11	18

□

### **Análisis de confiabilidad o respuesta normalizada**

La confiabilidad de la respuesta normalizada de los distintos genotipos presentó una diferencia altamente significativa de acuerdo a los valores obtenidos de los estadísticos de Wald y Cochran ( $W=51,61$ ;  $Q=41,36$ ). El híbrido con la mejor probabilidad del  $RN_i$  fue el P-4039 con un valor de 0,87. Por otra parte, el híbrido ADV-9779, de baja interacción con el ambiente y una puntuación cercana a cero del segundo eje del Componente Principal (PCA2), presentó una respuesta normalizada con un valor de  $RN_i$  de 0,81. El ADV-9789 presenta una buena probabilidad del  $RN_i$  (0,79) pero un alto valor del PCA2 (-1,190). El resto de los híbridos presentaron respuestas normalizadas menores de 0,75 y valores del PCA2 alejados de 0,00 (Cuadro 11). Eskridge et al. (1993) señalan que, a diferencia de la estabilidad, la confiabilidad permite hacer inferencias más amplias que ésta, ya que, depende de las diferencias con el testigo y el genotipo de interés en las distintas localidades utilizadas en la evaluación. En este mismo sentido, Córdova et al. (1993), indican que los testigos deben permitir un término de referencia para comparar nuevos genotipos; por lo tanto, es necesario que tengan un nivel competitivo y un



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

desempeño estable a través de los distintos ambientes en que se van a liberar los nuevos cultivares, de lo contrario, si no se tiene un testigo que esté bien adaptado a las condiciones en donde se realiza la investigación, la confiabilidad llevará a conclusiones erróneas (Eskridge y Mumm, 1992).

**Cuadro 11. Rendimiento promedio, diferencias de rendimiento (Di), desviación estándar de las diferencias (Sdi), Respuestas normalizadas (RNi) y su probabilidad en 33 localidades con respecto al testigo nacional 30F-35. Panamá, 2017-2019.**

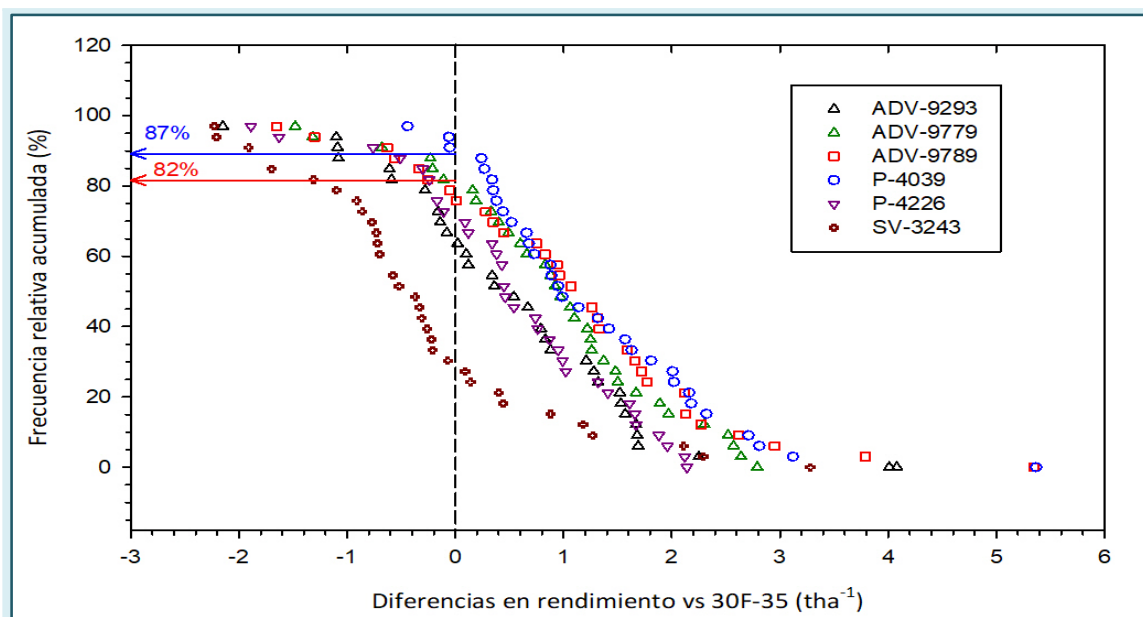
HÍBRIDO	Rend ton·ha <sup>-1</sup>	Diferencia ton·ha <sup>-1</sup>	Desv. Est. ton·ha <sup>-1</sup>	Di/Sdi	Probabilidad RNi>0*	Puntuación PCA2
ADV-9293	8,06	0,54	1,17	0,46	0,68	-1,517
ADV-9779	8,51	0,94	1,05	0,89	0,81	0,273
ADV-9789	8,69	1,14	1,40	0,82	0,79	-1,190
P-4039	8,98	1,34	1,16	1,15	0,87	1,188
P-4226	8,18	0,56	0,97	0,58	0,72	0,934
SV-3243	7,27	-0,25	1,23	-0,20	0,42	-0,229
<b>30F-35</b>	7,63	0,00				0,542

\* Wald = 51,61 P<0,01 para hipótesis nula de que no hay diferencias entre confiabilidades verdaderas, Q = 41,36, P<0,01

Las curvas de frecuencia acumuladas de la probabilidad normalizada de las diferencias de los seis híbridos, con respecto al testigo 30F-35 se observan en la Figura 3; la confiabilidad de la respuesta difirió a través de las mismas. Según Eskridge et al. (1993) en cuanto más se desplace la función de confiabilidad hacia la derecha, mayor será la diferencia de medias y es más probable que la variedad de prueba supere a la variedad testigo. En esta gráfica se aprecia como el híbrido P-4039 es mejor a las otras tres variedades en superar al testigo en mayor cantidad total para una misma frecuencia acumulada. Se verifica que entre mayor es la diferencia de rendimiento, mayor es la confiabilidad estimada; es decir, si se toma la mediana (50% de todas las localidades), el sintético S10TLYNGSHGAB01 supera al testigo en poco más de 0,70 toneladas, mientras que los otros sintéticos promedian menos 0,17 ton·ha<sup>-1</sup>. De acuerdo a Camargo et al. (2003), la variación en confiabilidad para los genotipos dentro de un diferencial dado, se debe básicamente a las diferentes magnitudes de las desviaciones estándares a través de los distintos ambientes.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).



**Figura 3, Relación de la frecuencia acumulada de la probabilidad normalizada con las diferencias de rendimiento de las variedades experimentales y el testigo 30F-35, Panamá 2017-2019.**

### CONCLUSIONES

- En general se cuenta con híbridos que presentan buenas características agronómicas y buena tolerancia a las enfermedades foliares, que superan significativamente al testigo local en los distintos ambientes de Panamá.
- Las metodologías empleadas resultan útiles y sencillas para identificar genotipos superiores para su liberación en las áreas de influencia evaluadas.
- Los análisis de estabilidad utilizados permitieron identificar híbridos estables, así como permitió la identificación de la adaptabilidad de algunos híbridos a localidades específicas de la Región.
- El análisis de confiabilidad es una herramienta que se complementa y mejora otras herramientas, así como incrementa la certeza de los programas de investigación para recomendar nuevos genotipos.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

## BIBLIOGRAFÍA

- Camargo-Buitrago, I., Gordón-Mendoza, R., y Quirós-McIntire, E.I. (2017). La repetitividad como estimador de la precisión experimental en el análisis de experimentos. *Revista Agronomía Mesoamericana*, 28(1), 159-169.
- Camargo, I., Quirós, E.I., y Camargo, V.M. (2014). Selección de nuevos genotipos de arroz basados en la probabilidad de superar al testigo. *Agron. Mesoamericana*, 25(1), 63-71.
- Camargo, I., Gordón, R., y Fuentes, M.R. (2003). Estabilidad y confiabilidad de los nuevos híbridos de maíz en comparación al testigo regional HB-83, 1998-200. *Agron. Mesoamericana*, 14(2), 129-134.
- Córdova, H.S., Barreto, H.J., y Crossa, J. (1993). Impacto del desarrollo de híbridos en Centro América: confiabilidad de las ganancias en rendimiento sobre el genotipo H5 y consideraciones para selección de testigos regionales. En: *Síntesis de resultados Experimentales del PRM*. 4, 3-10.
- Cornelius, P.L., Crossa, J., y Seyedsadr, M.S. (1996). Statistical test and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. En: Kang, M.S. y Gauch, H.G. (eds). *Genotype-by-environment interaction*. Boca Ratón, FL., CRC Press. 199-234.
- Crossa, J., Gauch Junior, H.G., y Zobel, R.W. (1990). Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Science*, 30, 493-500.
- Eskridge, K.M. (1997). Evaluation of corn hybrids using the probability of outperforming a check based on strip-test data. *Journal of agricultural, biological and environmental statistics*, 2(3), 245-254.
- Eskridge, K.M., Smith, O.S., y Byrne, P.F. (1993). Comparing test cultivars using reliability functions of test check differences from on farm trials. *Theor. Appl. Genet.* 87, 60-64.
- Eskridge, K.M, y Mumm, R.F. (1992). Choosing plant cultivars based on the probability of outperforming a check. *Theor Appl. Genet.* 84, 494-500.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

- Falconer, D.S. (1990). Introducción a la genética cuantitativa. 3ª imp. Compañía Editorial Continental S.A., MEX.
- Gauch Junior, H.G., y Zobel, R.W. (1989). Accuracy and selection success in yield trial analyses. *Theoretical and Applied Genetics*, 77, 473-481.
- Gordón M, R., Franco, J.E., Núñez, J.I., Sáez, A.E., Jaén., J.E., Ramos, F.P., y Ávila, A.E. (2019). Evaluación de la adaptabilidad de híbridos de maíz a las condiciones agroclimáticas de la Región de Azuero, Panamá, 2017. *Visión Antataura*, 3(2), 15-32.
- Gordón M, R., Franco, J.E., Núñez, J.I., Sáez, A.E., Ramos, F.P., Jaén, J.E., y San Vicente, F.M. (2020). Evaluación y selección de variedades de maíz para sistemas de agricultura familiar en Panamá, 2017-2019. *Ciencia Agropecuaria*, 31, 99-126.
- Gordón M, R. (2020). Variabilidad climática en la Región de Azuero y su efecto sobre el cultivo de maíz. IDIAP.
- Gordón M, R., Franco, J.E., Núñez, J.I., Sáez, A.E., y Jaén, J.E. (2017a). Adaptabilidad de 20 híbridos de maíz a las condiciones agroclimáticas de la zona maicera de la Región de Azuero, Panamá, 2016. *Visión Antataura*, 1(2), 1-17.
- Gordón M, R., Franco, J., Núñez, J., Jaén, J., Sáez, A., Ramos, F., y Ávila, A. (2017b). Variedades de maíz en la Región de Azuero, Panamá, 2017. *Ciencia Agropecuaria*, 28, 117-131.
- Gordón M, R., y Camargo B, I. (2015). Selección de estadísticos para la estimación de la precisión experimental en ensayos de maíz. *Revista Agronomía Mesoamericana*, 26(1), 55:63.
- Gordón M, R. (2009). Manejo Integral del cultivo de Maíz. Folleto Técnico. IDIAP. 20 p.
- Gordón, R., Camargo, I., Franco, J., y González, A. (2004). Impacto de la Precipitación Pluvial en el Rendimiento de Grano del Maíz en la Región de Azuero, Panamá, 1995-2003. I. Análisis de la Distribución de Lluvias y su Relación con la Época de Siembra. *Ciencia Agropecuaria*, 16, 17-30.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).



- Holland, J.B., Nyquist, W.E., y Cervantes-Martínez, C.T. (2003). Estimating and interpreting heritability for plant breeding and update. *Plant Breed. Rev.* 22, 9-11.
- Johnson, D.E. (2000). Métodos multivariados aplicados al análisis de datos. International Thompson Editors. 566 p.
- Nuland, D.S., y Eskridge, K.M. (1992). Probability of outperforming a check. In: H.F. Schwartz (ed.). *Proceedings, 35th Bean Improvement Cooperative Meetings*. Colorado State Univ. For. Collins. CO. p. 17-20. *Theor. Appl. Genet.* 84, 494-500.
- Samonte, S.O.PB., Wilson, L.T., McClung, A.M., y Mendley, J.C. (2005). Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE Biplot analyses. *Crop. Sci.* 45, 2414-24124.
- Vargas, M., Combs, E., Alvarado, G., Atlin, G., Mathews, K., y Crossa, J. (2013). META: A suite of SAS Programs to analyze Multi environment breeding trials. *Agron. J.* 105, 11-19.
- Yan, W. (2014). *Crop variety trials. Data management and analysis*. John Wiley & Sons Inc., MA, USA.
- Yan, W., y Holland, J.B. (2010). A heritability-adjusted GGE Biplot for test environmental evaluation. *Euphytica* 171, 355-369.
- Yan, W, Kang, M.S., S. Woods, B. Ma, y Cornelius, P.L. (2007). GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci.* 47, 641-653.
- Yan, W., y Kang, M.S. (2003). *GGE Biplot Analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. CRC Press, Boca Ratón, FL. 271 p.  
<https://books.google.com.pa/books?id=Bz2SpUxgnkC&lpg=PP1&ots=neKRaEtiBv&lr&pg=PA8#v=onepage&q&f=false>.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

Yan, W., y Hunt, L.A. (2002). Biplot analysis of multi-environment trial data. En: M.S. Kang, editor, Quantitative genetics, genomics and plant breeding. CAB International, Wallingford. p. 289-319.

Yan, W., Cornelius, P., Crossa, J., y Hunt, L.A. (2001). Two types of GGE Biplots for analyzing multi environment trial data. Crop Sci. 41, 656-663.

Yan, W., Hunt, L.A., Sheng, Q., y Szlavnic, Z. (2000). Cultivar Evaluation and Mega Environment Investigation based on the GGE Biplot. Crop Sci. 40, 597-605.

Zobel, R.W., Madison, J.W., y Gauch, H.G. Jr. (1988). Statistical analysis of a yield trial. Agron. J. 80, 388-393.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).