



**FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS  
UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO**

**CARACTERIZACIÓN DE LÍNEAS TEMPLADAS DE MAÍZ POR  
COMPORTAMIENTO EN SIEMBRAS TEMPRANAS Y CICLO FENOLÓGICO**

**AMADEO SOLMI**

**TESIS PARA OPTAR AL TÍTULO DE MAGISTER EN GENÉTICA VEGETAL**

**DIRECTOR: RAQUEL A. DEFACIO**

**CO- DIRECTOR: ROBERTO D. LOREA**

**2017**

## TÍTULO DEL TRABAJO DE TESIS

Amadeo Solmi

Ingeniero Agrónomo – Universidad Nacional Noroeste Buenos Aires

Esta Tesis es presentada como parte de los requisitos para optar al grado académico de Magister en Genética Vegetal, de la Universidad Nacional de Rosario y no ha sido previamente presentada para la obtención de otro título en ésta u otra Universidad. La misma contiene los resultados obtenidos en investigaciones llevadas a cabo en la EEA INTA Pergamino, durante el período comprendido entre Abril de 2015 y Mayo de 2016, bajo la dirección de la Ing. Agr. (Mg.) Raquel A. Defacio y el Ing. Agr. (M.Sc.) Roberto D. Lorea.

Nombre y firma del Doctorando

Nombre y firma del Director

Nombre y firma del Co - Director

Defendida: .....de 20\_\_.

## **Agradecimientos**

Quiero expresar mi agradecimiento a todas las personas e instituciones que hicieron posible que este trabajo de tesis pudiera realizarse:

A mis directores Raquel Defacio y Roberto Lorea por el acompañamiento constante en mi formación profesional, por haber confiado en mi persona, por su entrega y conducción durante el desarrollo del presente trabajo final.

Al Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) de Pergamino, y en especial a los miembros del Grupo de Banco de Germoplasma de Maíz Fabián Torres, Juan Lanzillotta, Lorena Cascardo y Marcelo Ferrer por su gran colaboración en todas las tareas que se realizaron en el presente trabajo.

A mi familia y novia por el apoyo incondicional durante el transcurso de toda la maestría.

A mis amigos y compañeros por compartir conmigo muchos momentos inolvidables.

## Índice

I.- RESUMEN:.....	6
II.- INTRODUCCIÓN.....	8
II.1.- Generalidades del cultivo de maíz.....	9
II.2.- Mejoramiento genético del Maíz.....	9
II.3.- Ciclo fenológico del maíz .....	10
II.4.- Fecha de siembra temprana y tardía.....	12
II.5.- Interacción genotipo ambiente .....	13
II.6.- Selección de líneas .....	15
III.- HIPÓTESIS .....	17
IV.- OBJETIVOS .....	18
IV.1.- Objetivo General .....	18
IV.2.- Objetivos Específicos.....	18
V.- MATERIALES Y MÉTODOS .....	19
V.1.- Germoplasma: .....	19
V.2.- Ensayos:.....	19
V.3.- Variables evaluadas:.....	20
V.4.- Análisis estadísticos univariados:.....	22
V.5.- Análisis de los componentes genéticos:.....	24
V.6.- Análisis estadísticos multivariados:.....	25
V.7.- Análisis de la interacción genotipo ambiente:.....	25
V.8.- Selección de líneas.....	26
VI.- RESULTADOS:.....	30
VI.1.- Medidas de resumen por ensayo / ambiente de evaluación.....	30
VI.2.- Análisis Univariado .....	32
VI.2.1.- Normalidad de las variables.....	32
VI.2.2.- Homogeneidad de las varianzas.....	32
VI.2.3.- Análisis de la varianza.....	32
VI.3.- Análisis conjunto en los 4 ambientes. Estimación de los componentes genéticos de la variancia.....	<b>¡Error! Marcador no definido.</b>
VI.4.- Análisis multivariado .....	35
VI.4.1.- Análisis multivariado ensayo Pergamino 1 .....	35
VI.4.2.- Análisis multivariado ensayo Pergamino 2 .....	38
VI.4.3.- Análisis multivariado ensayo Pergamino 3.....	41
VI.4.4.- Análisis multivariado ensayo Marcos Juárez.....	44
VI.5.- Análisis de la interacción genotipo ambiente.....	47

VI.5.1.- Emergencia del coleoptilo - Antesis .....	47
VI.5.2.- Período de llenado de granos .....	47
VI.5.3.- Asincronía Floral (ASI).....	47
VI.5.4.- Ciclo completo (MF).....	47
VI.6.- Selección de genotipos mediante el Índice base modificado.....	52
VII.- DISCUSIÓN .....	57
VII.1.- Variabilidad en el ciclo fenológico .....	57
VII.1.1.- Emergencia del coleoptilo (S-EC) .....	57
VII.1.2.- Emergencia del coleoptilo – Estado fenológico V1 (EC-V1) .....	58
VII.1.3.- Estado fenológico V1 – Estados fenológico V6 .....	59
VII.1.4.- Ciclo a floración (EC-A).....	59
VII.1.5.- Período de llenado de granos (R1-MF) .....	61
VII.1.6.- Ciclo completo a madurez fisiológica (MF).....	62
VII.1.7.- Asincronía floral .....	63
VII.2.- Análisis de los componentes genéticos.....	64
VII.3.- Análisis multivariado en los 4 ensayos.....	66
VII.3.1.- Correlaciones de Pearson.....	66
VII.3.2.- Análisis de Componentes Principales .....	66
VII.4.- Análisis de la interacción genotipo ambiente.....	70
VII.5.- Selección de líneas.....	72
VIII.- CONCLUSIONES .....	77
IX.- BIBLIOGRAFIA .....	79
X.- ANEXO .....	87

**Abreviaturas:**

<b>S-EC</b>	<b>Siembra – emergencia del coleoptilo.</b>
<b>EC-V1</b>	<b>Emergencia del coleoptilo – estado fenológico V1.</b>
<b>V1-V6:</b>	<b>Estado fenológico V1 – estado fenológico V6.</b>
<b>EC-A</b>	<b>Emergencia del coleoptilo – Antesis.</b>
<b>R1-MF</b>	<b>Estado fenológico R1 – madurez fisiológica.</b>
<b>MF</b>	<b>Siembra – madurez fisiológica.</b>
<b>ASI</b>	<b>Asincronía floral.</b>
<b>SF</b>	<b>Score FRIO.</b>
<b>ACP</b>	<b>Análisis de componentes principales.</b>
<b>C1</b>	<b>Componente principal 1.</b>
<b>C2</b>	<b>Componente principal 2.</b>
<b>H<sup>2</sup></b>	<b>Heredabilidad en sentido amplio.</b>
<b>I</b>	<b>Índice de selección.</b>
<b>b</b>	<b>Peso del índice.</b>

## I.- RESUMEN

La duración de ciclo es uno de los principales factores que definen la adaptación de los híbridos de maíz a un determinado ambiente. La cantidad de radiación solar interceptada por el cultivo depende de la duración del ciclo y de la dinámica de intercepción de dicho cultivo. Conocer los factores determinantes del desarrollo del cultivo es de gran utilidad para orientar la correcta elección del híbrido y de la fecha de siembra con el fin de maximizar la oferta ambiental. El éxito alcanzable de un programa de mejoramiento genético de maíz dependerá de la elección del germoplasma y del proceso de mejora utilizado, ya que es la variabilidad genética la que determina el máximo progreso genético obtenible. Para tal fin es de vital importancia conocer las características del germoplasma presente a los fines de seleccionar aquellos que mejor se adapten al objetivo del programa de mejoramiento. En el programa de mejoramiento de maíz de la EEA INTA Pergamino se está trabajando en la caracterización de germoplasma disponible. En el presente trabajo se evalúa el comportamiento de un set de 254 líneas endocriadas de maíz de diversos orígenes con el objetivo de caracterizar la variabilidad fenológica en diversas condiciones de cultivo. La posibilidad de contar con la caracterización fenotípica de las líneas permitirá el desarrollo de germoplasma adaptado a diversas condiciones. Para evaluar las líneas se tomaron una serie de datos, los cuales nos permitieron caracterizar el germoplasma por atributos fenológicos y por el comportamiento en condiciones de temperatura sub-óptima. Se realizaron cuatro ensayos comparativos durante la campaña 2015/16. Los mismos se sembraron en distintos ambientes de evaluación de la región pampeana Argentina. Dentro del germoplasma evaluado se encontró variabilidad tanto para la longitud de las etapas fenológicas como para el comportamiento en siembras tempranas, la cual puede ser utilizada en un programa de mejoramiento genético orientado a la obtención de híbridos para diversas condiciones de cultivos en la región maicera núcleo.

## **I.- ABSTRACT:**

“Characterization of inbred maize lines for early sowing date performance and phases of development duration”

Cycle duration is one of the main factors in corn hybrids adaptation into specific environments. The amount of radiation intercepted depends on the length of the cycle and the interception dynamics of the crop. The knowledge of factors that determine crop's development is useful to make the correct selection of the hybrid and sowing date. The success of maize genetic development programs will depend on the germplasm and the improvement process used. Genetic variability determines the maximum genetic progress obtainable. For this purpose, it is important to know the characteristics of the germplasm present in order to select those which best suit with the objective of the breeding program. Maize development program of EEA INTA Pergamino has been working on characterization of germplasm available by phenologic cycle length and early sowing dates performance. In the present work, a set of 254 inbred lines was evaluated in diverse cultivation conditions. Within the evaluated germplasm was found variability for phenological stages length and early plantings performance. This variability could be used in breeding programs in order to obtaining hybrids for different cultivation conditions.

## II.- INTRODUCCIÓN

### II.1.- Generalidades del cultivo de maíz

El maíz (*Zea mays* L.) es una gramínea anual originaria de México. Es una especie alógama que se propaga por semillas, presenta la inflorescencia femenina (espiga) ubicada en posición axial y la inflorescencia masculina (panoja) ubicada en la posición apical del tallo.

Es uno de los cereales más importantes del mundo, siendo un insumo clave para una gran cantidad de industrias que abarcan desde la alimentación humana y animal, hasta su procesamiento industrial cuyo producto final puede ser un alimento, un combustible o una materia prima para elaborar productos químicos como los biomateriales (Paliwal, 2001).

El consumo de maíz viene incrementándose en forma acelerada, tal es así que en la última década creció más de un 35% a nivel mundial. Algunas de las razones que han llevado a este aumento son el crecimiento de la industria de etanol en Estados Unidos, la evolución de los países asiáticos, la recuperación de la industria aviar, los nuevos mercados y el aumento de la población (FYO, 2016).

En la campaña 2015/16 la producción mundial de maíz fue alrededor de 960 millones de toneladas. Para la campaña 2016/17, el Departamento de Agricultura de Estados Unidos (USDA) estimó que la producción mundial rondaría los 1.040 millones de toneladas, 80 millones de toneladas más a lo cosechado durante la campaña anterior (USDA, 2017). La principal demanda que recibe el maíz es la alimentación animal, que abarca aproximadamente dos tercias partes de la producción mundial, seguida por la industrialización (FAO, 2010).

En los últimos años, Argentina respondió a la necesidad mundial, pasando de 14,4 millones de toneladas en la campaña 2005/6 a 39,7 millones de toneladas en la campaña 2015/16. La principal demanda que recibe el maíz en nuestro país es la exportación, que abarca aproximadamente el 60% de la producción nacional y el volumen restante representa el consumo interno (MAGYP, 2017).

### II.2.- Mejoramiento genético del Maíz

El mejoramiento de maíz se basa en la producción de líneas (genéticamente uniformes) con características particulares, a partir de las cuales, los mejoradores logran generar semillas híbridas, con cualidades superiores (Gear, 2006). El éxito alcanzable de un

programa de mejoramiento de maíz dependerá de la elección del germoplasma y del proceso de mejora utilizado. Si el germoplasma elegido no es el adecuado, el programa de mejoramiento puede fracasar, independientemente del método de selección utilizado (Hallauer y Miranda, 1988), ya que es la variabilidad genética la que determina el máximo del progreso genético obtenible. Para tal fin es de vital importancia conocer las características del germoplasma presente a los fines de seleccionar aquellos que mejor se adapten al objetivo del programa de mejoramiento (Eyhérbide, 2012).

En un programa de mejoramiento genético es necesario seleccionar los individuos que muestren una mejor performance en las variables consideradas de importancia a los fines del programa en cuestión. Para ellos e deben conocer los componentes genéticos de las variables de interés para poder obtener la información de heredabilidad y de esta forma realizar una selección, sabiendo que proporción de la varianza observada (varianza fenotípica) se debe a efectos genéticos (heredables) y que proporción a efectos ambientales (no heredables).

Si bien pueden medirse únicamente los valores fenotípicos de los individuos, es el valor reproductivo el que determina su influencia en la siguiente generación. Por lo tanto, si un mejorador elige individuos para que sean progenitores de acuerdo con sus valores fenotípicos, su éxito en cambiar las características de la población puede predecirse únicamente a partir del conocimiento del grado de correspondencia entre los valores fenotípicos y reproductivos. Este grado de correspondencia es medido a través de la heredabilidad (Falconer, 1889).

En el programa de mejoramiento de maíz de la EEA INTA Pergamino se está trabajando desde la campaña 2011/12 en la caracterización del germoplasma disponible (Lorea *et al.*, 2014; Defacio *et al.*, 2014) con el objetivo de estudiar la variabilidad de dicho programa en cuanto a precocidad del ciclo y comportamiento en siembras tempranas.

El programa cuenta con un panel de 270 líneas endocriadas de diversos orígenes. La posibilidad de caracterizar fenotípicamente a estas líneas permitiría el desarrollo de germoplasma adaptado a diversas condiciones de cultivo.

### II.3.- Ciclo fenológico del maíz

El estudio de las fases fenológicas que transcurren a través del ciclo permite analizar los factores ambientales que controlan la duración de cada etapa y conocer los componentes del rendimiento que quedan fijados en cada una de ellas.

La duración de ciclo es uno de los principales factores que definen la adaptación de los híbridos de maíz a un determinado ambiente. La cantidad de radiación solar interceptada por el cultivo depende de la duración del ciclo y de la dinámica de intercepción de dicho cultivo (Carcova *et al.*, 2003a). La biomasa total acumulada hasta madurez fisiológica está positivamente relacionada con la radiación total interceptada (Andrade, 1995).

Conocer los factores determinantes del desarrollo del cultivo es de gran utilidad para orientar la correcta elección del híbrido y de la fecha de siembra con el fin de maximizar la oferta ambiental.

La escala fenológica más utilizada para describir el ciclo de un cultivo de maíz es la propuesta por Ritchie y Hanway (1982), que utiliza caracteres morfológicos externos. En ella se identifican dos grandes períodos: el vegetativo y el reproductivo. La duración de cada una de las etapas del ciclo ontogénico presenta gran variabilidad en función del genotipo y del ambiente (Ellis *et al.*, 1992).

Los cultivares se pueden clasificar como de madurez temprana o tardía, según sus requerimientos térmicos para cumplir las etapas de desarrollo. Los cultivares para las zonas templadas tienden a ser más precoces y también menos sensibles al fotoperiodo, lo cual les permite completar su ciclo en un tiempo relativamente más corto en condiciones de días largos que caracterizan a los veranos de las zonas templadas. Estudios de variabilidad genotípica en líneas endocriadas de maíz (D'Andrea *et al.*, 2006) y poblaciones nativas (Defacio *et al.*, 2005) reportan gran variabilidad en la longitud de las diferentes etapas fenológicas.

La mayoría de las etapas ontogénicas en maíz reconocen una temperatura base para el desarrollo de aproximadamente 8°C (Ritchie y NeSmith, 1991), sin embargo se han encontrado valores de 3°C y 10°C dependiendo del genotipo y la etapa considerada (Padilla y Otegui, 2005). El valor de temperatura óptimo a partir del cual la velocidad de desarrollo es máxima y deja de ser lineal, se ubica entre 30 y 34°C (Kiniry y Bonhomme, 1991). La temperatura máxima a la cual cesa el desarrollo se encuentra entre 40 y 44°C (Blacklow, 1972).

El período de siembra a emergencia se caracteriza por su dependencia de la temperatura, la humedad y la aireación del suelo y de las reservas acumuladas en la semilla. El umbral de temperatura del suelo óptima para germinación puede variar con el germoplasma (Ritchie y NeSmith, 1991).

En el período entre emergencia y floración, el desarrollo está influenciado principalmente por la temperatura y el fotoperiodo. El progreso del desarrollo muestra una respuesta lineal a la temperatura, entre una temperatura base a la cual la tasa de desarrollo es nula y una temperatura óptima a la cual se alcanza la máxima tasa de desarrollo (Ellis *et al.*, 1992). El fotoperiodo afecta directamente el momento de iniciación de la panoja (Ellis *et al.*, 1992). El maíz, responde al fotoperiodo como una especie cuantitativa de día corto, fotoperiodos cortos aceleran la inducción floral en el meristema de los genotipos sensibles. Sin embargo, hay un valor umbral en la respuesta al fotoperiodo de aproximadamente 12,5 horas, por encima de la cual la inducción se demora proporcionalmente con el aumento del fotoperiodo (Kiniry *et al.*, 1983). La etapa vegetativa del meristema reconoce dos subetapas, una temprana insensible al fotoperiodo (etapa juvenil) seguida por otra sensible al mismo (de cuatro a ocho días previos a la inducción del ápice) (Otegui *et al.*, 1996).

El período entre la floración y madurez fisiológica para un genotipo dado depende esencialmente de la temperatura a través de su efecto sobre la tasa de llenado del grano (Cirilo y Andrade, 1996). Situaciones ambientales desfavorables que limiten la provisión de asimilados pueden adelantar la formación de la capa de abscisión acortando el período de llenado (Cirilo y Andrade, 1996). La temperatura durante la primera parte del llenado de grano tiene un efecto importante sobre el rendimiento. Una temperatura alta provoca senescencia y madurez más tempranas y puede inducir a un estrés hídrico en las plantas (Shaw, 1988).

El atraso de la fecha de siembra en ambientes donde la estación de crecimiento está acotada por las bajas temperaturas, reduce el tiempo disponible para el cultivo (Cirilo y Andrade, 1994a). Por otra parte, la etapa reproductiva de maíces de siembras tardías se desplaza hacia condiciones ambientales deterioradas para el crecimiento donde existe un mayor riesgo de heladas capaces de detener anticipadamente el llenado de los granos. En estas condiciones se esperaría que los híbridos de menor ciclo fenológico presenten una mejor adaptación que los de ciclo más largo indicados para siembras tempranas (Dijak *et al.*, 1999; Nielsen *et al.*, 2002).

#### II.4.- Fecha de siembra temprana y tardía

En zonas de clima templado como el norte de la provincia de Buenos Aires, los niveles de radiación solar y los registros térmicos varían marcadamente durante el año. La modificación de la fecha de siembra modifica la combinación de estas variables ambientales

a lo largo de la estación de crecimiento del cultivo. Estos factores ambientales tienen gran influencia sobre el crecimiento y desarrollo de los cultivos.

La práctica de anticipar la fecha de siembra de maíz con el fin de maximizar la duración de la estación de crecimiento y de esta forma mejorar el rendimiento, expone a las plantas a condiciones sub-óptimas de temperatura durante las etapas de germinación, emergencia y crecimiento vegetativo temprano, provocando dificultades como la desuniformidad en la emergencia y en el stand de plantas, formando plantas dominantes con consecuencias posteriores desfavorables sobre la determinación del número de granos y el rendimiento (Mroginski *et al.*, 2010).

Para la implementación de un sistema productivo de doble cultivo es necesario disponer de germoplasma de maíz de ciclo corto y con buen comportamiento frente a temperaturas sub-óptimas como las registradas durante el mes de Agosto en el norte de la provincia de Buenos Aires. Por otra parte, en la región pampeana es posible la implementación de un maíz de segunda, es decir, un cultivo detrás de otro cultivo de crecimiento invierno-primaveral en la misma campaña agrícola.

Las mayores temperaturas que experimenta el cultivo durante la fase vegetativa en fechas de siembra de segunda favorecen una alta eficiencia de conversión de luz en crecimiento, acumulando una mayor cantidad de biomasa al momento de floración que las siembras tempranas. Sin embargo, luego de la floración, los niveles de radiación solar incidente decaen progresivamente reduciendo la producción de biomasa (Cirilo y Andarde, 1994a).

Los efectos negativos del desplazamiento de la floración y el llenado de los granos con el retraso de la siembra hacia momentos menos favorables serán mayores, cuanto más largo sea el ciclo del híbrido empleado (Cirilo y Andarde, 1994b). Para la implementación de maíces de segunda es necesario contar con genotipos de maíz de ciclo corto tanto a floración como en el período de llenado de granos.

#### II.5.- Interacción genotipo ambiente

Comprender la relación que existe entre el comportamiento de los genotipos y el medio ambiente ha sido un problema clave para los mejoradores. La expresión de una determinada característica está en función del genotipo, del ambiente y de la interacción genotipo ambiente. Esta interacción es la variación en performance relativa de los genotipos en ambientes distintos (Fehr, 1987).

Los investigadores coinciden que la interacción genotipo ambiente solo es importante cuando es significativa y causa un cambio significativo en la expresión de los genotipos en diferentes ambientes (Gauch y Zobel, 1996). La interacción genotipo ambiente ofrece posibilidades en la selección y adopción de genotipos que muestren interacción positiva con una localidad y sus condiciones ambientales prevalecientes. Además, puede ser utilizada para generar nichos y obtener productos fitotécnicos diferenciales.

Para que la interacción pueda ser detectada a través de procedimientos estadísticos es necesario tener al menos dos genotipos distintos evaluados en al menos dos ambientes. El modelo básico que incluye la interacción se puede describir como:

$$P = G + E + IGA$$

En este modelo se puede interpretar que un genotipo dado (G) puede mostrar varios fenotipos (P) dependiendo del ambiente (E) y de la interacción (IGA) (Frutos, 2011).

La interacción genotipo ambiente puede dividirse en dos categorías, interacción con cambio de rango o *crossover* (se modifica el orden de jerarquía entre los genotipos o sea el ranking entre cultivares cambia de un ambiente a otro) y la interacción sin cambio de rango o *non crossover* (los genotipos responden de diferente manera al ambiente pero su orden de jerarquía permanece igual) (Cornelius *et al.*, 1996).

La capacidad de los genotipos de comportarse consistentemente a través de un amplio rango de ambientes se denomina estabilidad (Balzarini *et al.*, 2005), encontrando genotipos más o menos estables en la expresión de sus caracteres.

Determinar el comportamiento de los genotipos en varios ambientes nos permite evaluar la adaptabilidad (habilidad del genotipo de tener buen desempeño con respecto a determinadas condiciones ambientales) e identificar el tipo y tamaño de la interacción. De esta forma, podríamos definir una estrategia de cultivo exitosa y aprovechar los efectos de interacción para el desarrollo de germoplasma específicamente adaptado o minimizarlos para el desarrollo de material ampliamente adaptado (Balzarini *et al.*, 2005).

Si bien el efecto del ambiente resulta ser la principal fuente de variación en los ensayos multiambientales (Gauch y Zobel, 1996), solamente son relevantes los efectos de genotipos y de interacción para la recomendación de cultivares.

Los GGE (Genotipo - Genotipo x Ambiente) Biplots permiten eliminar el efecto del ambiente y focalizar en los efectos de genotipos e interacción. Son aconsejables cuando los

ambientes constituyen la fuente de variación más importante, hecho muy común en la práctica. Es muy eficaz para el análisis de mega-ambientes, la evaluación del poder de discriminación entre “buenos” y “malos” genotipos que presenta un ambiente y la evaluación de genotipos (Cravero, 2016).

Los GGE biplot se construyen a partir de las primeras dos componentes principales del modelo de regresión por sitio. Cuando existe una alta correlación entre la primera componente principal y el efecto medio del genotipo, la primera componente representa la expresión del carácter que se debe sólo a los efectos del genotipo. La segunda componente representa la expresión del carácter que se debe a la interacción genotipo ambiente. Los genotipos cercanos entre sí en el biplot presentan patrones similares de respuesta a través de los ambientes. Los ambientes cercanos entre sí, dado 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 el ángulo recto entre vectores y la asociación negativa por el ángulo obtuso (Yan *et al.*, 2000).

En los biplots construidos, las observaciones que se grafican en una misma dirección que una variable tienen valores relativamente altos para esa variable y valores bajos en variables que se grafican en dirección opuesta (Balzarini *et al.*, 2008).

## II.6.- Selección de líneas

En un programa de mejoramiento en el que se quiere seleccionar varios caracteres a la vez es posible aplicar diversas técnicas, una de ellas es el uso de índices de selección.

El valor fenotípico de una planta, desde un punto de vista productivo, depende siempre de varios caracteres. En consecuencia, el mejorador se ve forzado a considerar varios de ellos al seleccionar. Un índice de selección es una función lineal de los valores fenotípicos de diferentes caracteres, donde cada valor observado recibe una ponderación (Eyhérbide, 2011).

En este método una serie de caracteres ( $P_i$ ) de un genotipo son ponderados por coeficientes ( $b_i$ ) y sumados para obtener el índice de selección ( $I$ ) del individuo.

$$I = b_1P_1 + b_2P_2 + \dots + b_nP_n$$

El índice está compuesta por coeficientes “b” o pesos del índice que acompañan a los valores fenotípicos “P”, para “n” caracteres incluidos en el índice (Smith *et al.*, 1981).

Los pesos del índice se estiman de modo de maximizar la respuesta en un carácter que se denomina genotipo agregado "H". La maximización de la respuesta se logra en la medida que el índice sea la mejor predicción lineal del valor de mejora de un individuo. El genotipo agregado "H" es una función lineal de los valores genotípicos (no observables) en los cuales el valor genotípico de cada carácter está ponderado por un valor económico relativo y conocido (Smith, 1936; Hazel, 1943). Aquellos pesos del índice que maximizan la respuesta se denominan pesos óptimos (Eyhérbide, 2011).

### **III.- HIPÓTESIS**

Las líneas del grupo de mejoramiento de maíz del INTA Pergamino presentan variabilidad para el comportamiento en siembras tempranas y la longitud del ciclo fenológico.

## **IV.- OBJETIVOS**

### IV.1.- Objetivo General

- Evaluar la variabilidad fenológica de líneas endocriadas pertenecientes al Programa de Mejoramiento de Maíz de INTA.

### IV.2.- Objetivos Específicos

- Estudiar el comportamiento de líneas endocriadas de maíz en siembras tempranas en la región maicera núcleo.
- Establecer los componentes genéticos involucrados en la determinación de la longitud del ciclo fenológico en el germoplasma en estudio.
- Determinar la Interacción Genotipo x Ambiente de líneas endocriadas de maíz en ensayos conducidos en diferentes fechas de siembra y en dos regiones agroecológicas.
- Identificar las líneas endocriadas de maíz templado que presenten características favorables para su adaptación a tres condiciones de cultivo: fecha de siembra temprana y doble cultivo, fecha de siembra óptima y fecha de siembra tardía.

## V.- MATERIALES Y MÉTODOS

### V.1.- Germoplasma:

Se evaluaron 254 líneas de maíz templado pertenecientes al Programa de Mejoramiento de Maíz de INTA Pergamino (Anexo – Tabla 22). Dichas líneas representan más de 40 orígenes genéticos diversos. La semilla utilizada se incrementó en la campaña 2014/15 en el campo experimental de la EEA Pergamino del INTA.

### V.2.- Ensayos:

Se realizaron cuatro ensayos comparativos durante la campaña 2015/16. Los mismos se sembraron en distintos ambientes de evaluación de la región pampeana Argentina. Los ambientes correspondieron a la localidad de Pergamino, con tres fechas de siembra (1: temprana, 2: intermedia y 3: tardía) y Marcos Juárez en una sola fecha de siembra (4). Los detalles de cada uno de los ensayos se muestran en la tabla 1.

Tabla 1: Detalles de los distintos ensayos en los que se evaluaron los genotipos.

<b>Ensayo</b>	<b>Campaña</b>	<b>Ambiente</b>	<b>Fecha de Siembra</b>
<b>1</b>	15/16	Pergamino 1	28/08/2015
<b>2</b>	15/16	Pergamino 2	05/10/2015
<b>3</b>	15/16	Pergamino 3	12/01/2016
<b>4</b>	15/16	Marcos Juárez	11/12/2015

En cada ensayo se utilizó un diseño en alfa-látice con dos repeticiones. La figura 2 muestra un esquema simplificado de un ensayo con diseño alfa látice y distribución de parcelas en serpentina.

								<b>BI 4</b>	<b>Bloque 2</b>
								<b>BI 3</b>	
		.	.	.	.	<b>210</b>	<b>209</b>	<b>BI 2</b>	
<b>201</b>	<b>202</b>	<b>203</b>	<b>204</b>	<b>205</b>	<b>206</b>	<b>207</b>	<b>208</b>	<b>BI 1</b>	
								<b>BI 4</b>	<b>Bloque 1</b>
								<b>BI 3</b>	
		.	.	.	.	<b>110</b>	<b>109</b>	<b>BI 2</b>	
<b>101</b>	<b>102</b>	<b>103</b>	<b>104</b>	<b>105</b>	<b>106</b>	<b>107</b>	<b>108</b>	<b>BI 1</b>	

Figura 2: Representación gráfica de un diseño alfa látice (101, 102, ... representan las parcelas, BI es cada uno de los Bloques Incompleto dentro del Bloque)

En el ensayo 1, la unidad experimental consistió en una parcela de dos surcos a 0,70 metros de distancia y 2 metros de longitud. Se sembró de forma manual con “escopeta” y una semilla por golpe a 20 centímetros, obteniendo una densidad de siembra de 5 plantas/ m lineal de surco.

En los ensayos 2, 3 y 4, la unidad experimental consistió en una parcela de dos surcos a 0,70 m de distancia y 5 metros de longitud. Fueron implantados con sembradora neumática a densidad de siembra de 5 plantas/ m lineal de surco.

El ensayo 1 se sembró en la EEA Pergamino de INTA el 28 de agosto de 2015, exponiendo las plantas a temperaturas sub-óptimas durante la germinación y crecimiento temprano. Bajo estas condiciones se realizó un screening de comportamiento de las líneas a bajas temperaturas.

Todos los ensayos fueron implantados en seco, sin limitaciones de nutrientes y con control de malezas desde el barbecho.

#### V.3.- Variables evaluadas:

- GDU siembra - emergencia (S - EC): valor medido en unidades grados día (GDU) tomado desde la siembra hasta que el 50% de la parcela entró en estado fenológico de emergencia del coleoptilo (EC). Se considera EC cuando el coleoptilo emerge sobre la superficie del suelo.
- GDU Emergencia del coleoptilo – Estado fenológico V1 (EC-V1): medido en unidades grados día tomado desde la emergencia del coleoptilo hasta que el 50% de la parcela se encuentra con la primera hoja desplegada.
- GDU Estado fenológico V1 – Estado fenológico V6 (V1-V6): medido en unidades grados día tomado desde que 50% de la parcela se encuentra con la primera hoja desplegada hasta que el 50% de la parcela se encuentra con la sexta hoja desplegada.
- GDU Floración masculina (A): medido en unidades grados día tomado desde la siembra hasta que el 50% de la parcela se encuentra liberando polen.
- GDU Floración femenina (R1): medido en unidades grados día tomado desde la siembra hasta que el 50% de la parcela se encuentra con estigmas visibles.

- GDU Emergencia del coleoptilo - Antesis (EC-A): medido en unidades grados día tomado desde la emergencia del coleoptilo hasta que el 50% de la parcela se encuentra liberando polen.
- GDU llenado de granos (R1-MF): medido en unidades grados día tomado cuando el 50% de la parcela presenta estigmas visibles hasta que el 50% de la parcela presenta granos en  $\frac{3}{4}$  de la línea de leche.
- GDU madurez fisiológica (MF): Representa el ciclo completo desde la siembra a madurez fisiológica. Medido en unidades grados día tomado cuando el 50% de la parcela presenta granos en  $\frac{3}{4}$  de la línea de leche.
- ASI: Asincronía floral, los grados días transcurridos entre floración masculina y femenina.
- Score Frio (SF): La escala de daño por bajas temperaturas se realizó en el estado fenológico V3. Se utilizó una escala de 0 a 5 con puntos intermedios teniendo en cuenta el porcentaje del área foliar afectada por las bajas temperaturas (Tabla 2). El área afectada que se tuvo en cuenta en la escala corresponde a clorosis y necrosis en tejido foliar.

Tabla 2: Escala utilizada para determinar el daño causado por las bajas temperaturas.

<i>Score Frio</i>	<i>% Área afectada</i>
0	0
0,5	10
1	20
1,5	30
2	40
2,5	50
3	60
3,5	70
4	80
4,5	90
5	100

A continuación se detallan las variables evaluadas en los diversos ambientes (Tabla 3).

Tabla 3: Variables evaluadas en cada uno de los ambientes en estudio.

Ambiente	S-EC	EC-V1	V1-V6	EC - A	R1-MF	MF	ASI	Score FRIO
Pergamino 1	+	+	+	+	+	+	+	+
Pergamino 2	+	-	-	+	+	+	+	-
Pergamino 3	+ *	-	-	+	+	+	+	-
Marcos Juárez	+ *	-	-	+	+	+	+	-

Referencia: + Variables evaluadas;-Variables no evaluadas; (\*) se tomó una sola fecha que representa la emergencia uniforme del 50% de plantas emergidas en el total de las parcelas.

El tiempo térmico se calculó realizando la sumatoria del residual sobre la temperatura base de cada día del período, tal como muestra en la siguiente fórmula:

$$TT: \sum (T_m - T_b),$$

En donde TT es el tiempo térmico expresado en grados centígrados día (GD), T<sub>m</sub> es la temperatura media del aire y T<sub>b</sub> es la temperatura base utilizada en maíz, 8 °C. En los días donde la temperatura media fue inferior a la temperatura base, se estableció un TT de 0°C para ese día. Esta metodología permite que la duración de cualquier etapa medida en GD, resulte independiente de la temperatura durante la cual transcurren las distintas etapas de desarrollo (Miralles *et al.*, 2003).

#### V.4.- Análisis estadísticos univariados:

En primer término se calcularon las medidas resumen para observar el comportamiento general del ciclo en cada ambiente de evaluación. En cada variable, la inferencia estadística se determinó mediante un modelo lineal mixto utilizando el software Infostat (Di Rienzo *et al.*, 2005) y la interfase con "R" a través del procedimiento "lme" de la librería nlme. En el modelo se consideró a los Genotipos como efectos fijos y a los Bloques y Bloques Incompletos como efectos aleatorios. Los modelos mixtos se adecúan bien en situaciones comunes en agricultura, como por ejemplo cuando existe algún tipo de estructura de bloqueo de unidades experimentales que afecta las covarianzas entre observaciones (Balzarini *et al.*, 2005).

Para las variables analizadas se implementó el siguiente modelo lineal mixto:

$$Y_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_{0j} + \beta_{1k} + \epsilon_{ijk}$$

En donde:

$Y_{ijk}$ : Efecto del i-ésimo genotipo en j-ésimo bloque y en k-ésimo bloque incompleto.

$\mu$ : Media general.

$\tau_i$ : Efecto del i-ésimo genotipo,  $i=1, 2, \dots, 254$ .

$\beta_{0j}$ : Efecto del j-ésimo bloque,  $j=1, 2$ .

$\beta_{1k}$ : Efecto del k-ésimo bloque incompleto,  $k=1, 2, \dots, 16$ .

$\epsilon_{ijk}$ : Error experimental asociado a la observación  $Y_{ijk}$ .

Se comprobaron los supuestos de normalidad y homogeneidad de varianzas. Se corrigió la heterogeneidad de varianzas cuando fue necesario seleccionando el modelo que mejor ajustaba de acuerdo a los coeficientes AIC (Criterio de información de Akaike) y BIC (Criterio de información bayesiano). El modelo que presenta los menores valores en estos coeficientes implica un mejor ajuste. Se probó la existencia de variabilidad entre las líneas caracterizadas y se obtuvieron las medias corregidas por el efecto de bloque y bloque incompleto.

Utilizando las medias corregidas por efecto de bloque y bloque incompleto se realizó un ANOVA combinado multiambiental donde se evaluó el efecto del ambiente y la interacción Genotipo x Ambiente.

Se implementó el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + (\tau\beta)_{ij} + \epsilon_{ijk}$$

En donde:

$Y_{ijk}$ : Efecto del i-ésimo genotipo en j-ésimo ambiente.

$\mu$ : Media general.

$\tau_i$ : Efecto del i-ésimo genotipo,  $i=1, 2, \dots, 254$ .

$\beta_j$ : Efecto del j-ésimo ambiente,  $j=1, 2, \dots, 4$ .

$(\tau\beta)_{ij}$ : Efecto de Interacción entre el i-ésimo genotipo y el j-ésimo ambiente.

$\epsilon_{ijk}$ : Error asociado a la observación *ijk*-ésima

V.5.- Análisis de los componentes genéticos:

A partir del análisis de variancia realizado con las medias corregidas por el efecto de bloque y bloque incompleto se estimaron los componentes genéticos,  $\sigma^2_G, \sigma^2_E$  y  $\sigma^2_{IGA}$  que estiman las variancias genética, ambiental y de la interacción genotipo ambiente respectivamente en los genotipos evaluados (Tabla 4).

Tabla 4: Componentes genéticos de la varianza

<b>FV</b>	<b>gl</b>	<b>CM</b>	<b>E (CM)</b>
<i>Ambientes</i>	$(a-1)$	$CMa$	$\sigma^2_E + r \sigma^2_{IGA} + g \sigma^2_{R/A} + rg \sigma^2_A$
<i>Genotipos</i>	$(g-1)$	$CMg$	$\sigma^2_E + r \sigma^2_{IGA} + ra \sigma^2_G$
<i>IGA</i>	$(a-1).(g-1)$	$CM_{IGA}$	$\sigma^2_E + r \sigma^2_{IGA}$
<i>Error</i>	$(r-1).(ag-1)$	$CMe$	$\sigma^2_E$
<i>Total</i>	$(r.g.a)-1$		

Referencias: **a**: ambientes, **g**: genotipos, **r**: repeticiones.

Todas las variables fueron analizadas en base a promedios de parcela, y los componentes genéticos de varianza y heredabilidad en sentido amplio fueron estimados tal cual la tabla precedente como lo señalan Hallauer y Miranda (1988).

La heredabilidad en sentido amplio ( $H^2$ ) se estimó utilizando la siguiente fórmula:

$$H^2 = \sigma^2_G / \sigma^2_F$$

En donde  $\sigma^2_G$  es la variancia genética y  $\sigma^2_F$  es la variancia fenotípica en los genotipos evaluados.

La varianza fenotípica ( $\sigma^2_F$ ) se estimó mediante la siguiente formula:

$$\sigma^2_F = CMg / r * e.$$

En donde  $CMg$  es el cuadrado medio de los genotipos,  $r$  el número de repeticiones y  $e$  los ambientes.

El análisis estadístico supone una distribución al azar de los genotipos respecto de las variaciones ambientales. Este supuesto se satisface plenamente mediante la

aleatorización del ensayo. El modelo estadístico asume ausencia de efectos maternos, ausencia de ligamiento y ausencia de epistásis.

#### V.6.- Análisis estadísticos multivariados:

Se establecieron las correlaciones de Pearson entre las variables analizadas. Esta es una medida de la asociación lineal entre dos variables que no depende de las medidas de las variables originales. Para las variables j-ésima y k-ésima se define como:

$$r_{jk} = \frac{S_{jk}}{\sqrt{S_j^2 S_k^2}} = \frac{\left( \sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j)(x_{ik} - \bar{x}_k) \right) / (n-1)}{\sqrt{\left( \left( \sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j)^2 \right) / (n-1) \right) \left( \left( \sum_{i=1}^n (x_{ik} - \bar{x}_k)^2 \right) / (n-1) \right)}}$$

Donde  $S_{jk}$  es la covariancia entre la variable j y k,  $S_j^2$  y  $S_k^2$  son las variancias de las variables j y k respectivamente. El coeficiente muestra los valores de la covariancia estandarizados asumiendo valores entre -1 y 1 y el signo muestra la dirección de la asociación (Balzarini *et al.*, 2008).

Sobre la base de la matriz de correlaciones se generó un Análisis de Componentes Principales (ACP) para cada ambiente de evaluación, el mismo permitió ver las similitudes y diferencias existentes en las líneas evaluadas como así también las variables que permiten dicha diferenciación. El ACP se representó en el plano mediante un gráfico bidimensional donde se muestran las observaciones y las variables en el mismo gráfico, de forma tal que se pueden hacer interpretaciones sobre las relaciones conjuntas entre observaciones y variables (Gabriel, 1971). Para realizar el ACP no se tuvieron en cuenta las variables EC-V1 y V1-V6 del ensayo Pergamino 1 por presentar correlación negativa y altamente significativa con la variable S-EC. La variable R1 fue descartada en el ACP debido a que presentó valores altos de correlación con la variable EC-A en todos los ambientes de evaluación. La variable R1-MF se incluyó en el ACP a pesar de presentar correlación negativa con la variable EC-A debido a que es una variable de gran relevancia en el estudio del ciclo fenológico de maíz.

#### V.7.- Análisis de la interacción genotipo ambiente:

Un genotipo determinado se puede expresar de forma diferente en distintos ambientes lo cual está relacionado con la sensibilidad al cambio ambiental y se la conoce como Interacción Genotipo Ambiente (IGA).

Para evaluar la estabilidad de los genotipos se realizó un análisis GGE Biplots con las variables EC-A, R1-MF, MF y ASI. El mismo permitió además definir mega-ambientes y evaluar los ambientes de acuerdo a su capacidad para discriminar entre genotipos.

El siguiente modelo permitió eliminar el efecto del ambiente (E) de los ensayos y focalizar en los efectos genéticos (G) y de IGA, significativos en la evaluación de la líneas (Yan *et al.*, 2000).

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = \alpha_i + \theta_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$  = Efecto del genotipo i en el ambiente j

$\mu$  = Media general de las observaciones

$\alpha_i$  = Efecto principal del genotipo i. i: 1, 2,...

$\beta_j$  = Efecto principal del ambiente j, j:.....

$\theta_{ij}$  = Interacción entre el genotipo i y el ambiente j

En cada una de las variables los resultados se presentan en un gráfico bidimensional donde se considera solamente el efecto del genotipo y de la interacción genotipo ambiente.

#### V.8.- Selección de líneas

La selección de las líneas endocriadas se realizó utilizando el índice base modificado Smith (Smith *et al.*, 1981). Se seleccionaron líneas para tres condiciones de cultivo. En cada una, se armaron dos grupos de líneas donde se consideraron las variables que se relacionan con cada objetivo de selección.

Condición 1: Se seleccionaron líneas para una condición de cultivo de fechas tempranas y doble cultivo en el norte de la provincia de Buenos Aires. Para tal fin se tuvo en cuenta la emergencia del coleoptilo (S-EC) y el comportamiento bajo condiciones de temperaturas sub-óptimas (Score Frio) en el grupo A, mientras que en el grupo B se consideró el ciclo completo a madurez fisiológica (MF) y la asincronía floral (ASI) del ambiente Pergamino 1. Las variables S-EC y SF permitieron identificar genotipos con menores requerimientos de tiempo térmico a emergencia y con mayor grado de tolerancia a temperaturas sub óptimas en etapas vegetativas tempranas. El tiempo térmico a madurez fisiológica (MF) se eligió para seleccionar los genotipos más precoces. La variable ASI fue incluida en el índice para seleccionar genotipos con menor tiempo térmico entre la floración masculina y la femenina.

Condición 2: Se seleccionaron líneas para una condición de cultivo de fecha de siembra óptima en el norte de la provincia de Buenos Aires. En esta condición se tuvo en cuenta el tiempo térmico a antesis (EC-A) y la asincronía floral (ASI) para el grupo A, mientras que para el grupo B se tuvo en cuenta el ciclo completo a madurez (MF) y la asincronía floral (ASI) del ambiente Pergamino 2. El tiempo térmico a antesis se tuvo en cuenta para seleccionar genotipos de ciclo intermedio que permitan aprovechar al máximo los recursos ambientales durante el período crítico. El tiempo térmico a madurez fisiológica se eligió para seleccionar los genotipos de mayor ciclo. Si bien el rendimiento *per se* de las líneas no es tenido en cuenta para seleccionar, los híbridos de ciclo completo presentan mayor potencial de rendimiento cuando se los compara con los híbridos más precoces en fechas de siembra de Septiembre / Octubre en el norte de la provincia de Buenos Aires (Miranda y Cirilo, 2008).

Condición 3: Se seleccionaron líneas para una condición de cultivo de fecha de siembra tardía. En el grupo A se tuvo en cuenta el tiempo térmico a antesis (EC-A) y la asincronía floral (ASI), mientras que en el grupo B se consideró el período de llenado de granos (R1-MF) y la asincronía floral (ASI) media de los ambientes Pergamino 3 y Marcos Juárez. En fechas de siembra tardía, es necesario contar con genotipos de ciclo corto a madurez fisiológica a los fines de disminuir el riesgo de heladas tempranas. Los efectos negativos del desplazamiento de la floración y el llenado de los granos con el retraso de la siembra hacia momentos menos favorables serán mayores cuanto más largo sea el ciclo del híbrido empleado (Cirilo, 2001).

De acuerdo con los principios establecidos por Smith (1936) y Hazel (1943), donde se establece que cada unidad de selección presenta un valor genético agregado (H), definido por la expresión:

$$H = a_1g_1 + a_2g_2 + \dots + a_n g_n,$$

Donde  $g_i$  es el valor genotípico o el valor reproductivo para cada carácter y  $a_i$  la ponderación económica correspondiente a cada variable. En caso de que un carácter no tenga un valor económico, su coeficiente  $a_i$  será igual a cero. Para el uso de esta ecuación tendrían que conocerse los valores  $g_i$ , lo cual es imposible, por lo que dicha expresión se estima por el valor fenotípico agregado del individuo o índice de selección "I", el cual es una función de los valores fenotípicos para un cierto número de caracteres.

El índice de selección "I" se estima como los valores fenotípicos de cada carácter ponderados por sus coeficientes de regresión parcial ( $b_i$ ) bajo la siguiente expresión:

$$I = b_1P_1 + b_2P_2 + \dots + b_nP_n$$

Donde  $P_n$  es el valor fenotípico para cada carácter y  $b_n$  los coeficientes que maximizan el avance esperado del valor genético agregado ( $H$ ), por medio de selección. De esta manera, la selección de los valores de  $H$  se realiza en forma indirecta por medios de los valores de  $I$ .

El índice base modificado (Smith, 1981) utilizado está acotado a los casos en los que los caracteres genotípicos que interesan y los fenotípicos que se miden son los mismos ( $n$  y  $m$  son iguales y coincidentes). La propuesta de Williams (Williams, 1962) consiste en utilizar como peso del índice a los pesos económicos. Dicho de otra manera:  $b_i = a_i$ . O bien en el caso del índice base modificado:

$$b_i = a_i \times H^2_i.$$

Donde:

$b$  = coeficientes de ponderación o peso del índice.

$a$  = peso económico de cada variable.

$H^2$  = Heredabilidad en sentido amplio.

El índice base posee la ventaja de que no requiere la estimación de parámetros genéticos ni fenotípicos. Es similar al índice óptimo en cuanto a eficiencia si los caracteres están escasamente correlacionados y si la magnitud de la variabilidad de cada carácter refleja su importancia relativa (Eyhérbide, 2011).

En la tabla 5 se muestran los pesos económicos ( $a_i$ ) de las variables que se tuvieron en cuenta en cada condición de cultivo. Los mismos fueron asignados según la importancia relativa de cada una de las variables en cada condición de cultivo. El signo indica la dirección en que cada variable es seleccionada.

Tabla 5: Pesos económicos asignados en las variables consideradas en cada condición de cultivo.

Condición de Cultivo	Grupo	Variable	Pesos económicos (a)
Fecha de siembra temprana y doble cultivo	A	S-EC	-1
		SF	-5
	B	MF	-5
		ASI	-3
Fecha de siembra óptima	A	EC-A	-0,5
		ASI	-8
	B	MF	-5
		ASI	-2
Fecha de siembra tardía	A	EC-A	-5
		ASI	-2
	B	R1-MF	-5
		ASI	-2

Utilizando la fórmula correspondiente se calcularon los valores de  $b_n$ , con los cuales se construyó el índice "I".

## VI.- RESULTADOS:

### VI.1.- Medidas de resumen por ensayo / ambiente de evaluación.

Los valores medios, mínimos (Mín), máximos (Max) y el desvío estándar (D.E.) por parcela para las variables S-EC, EC-A, R1-MF, MF y ASI expresados en grados día (°C día) se muestran en la tabla 6.

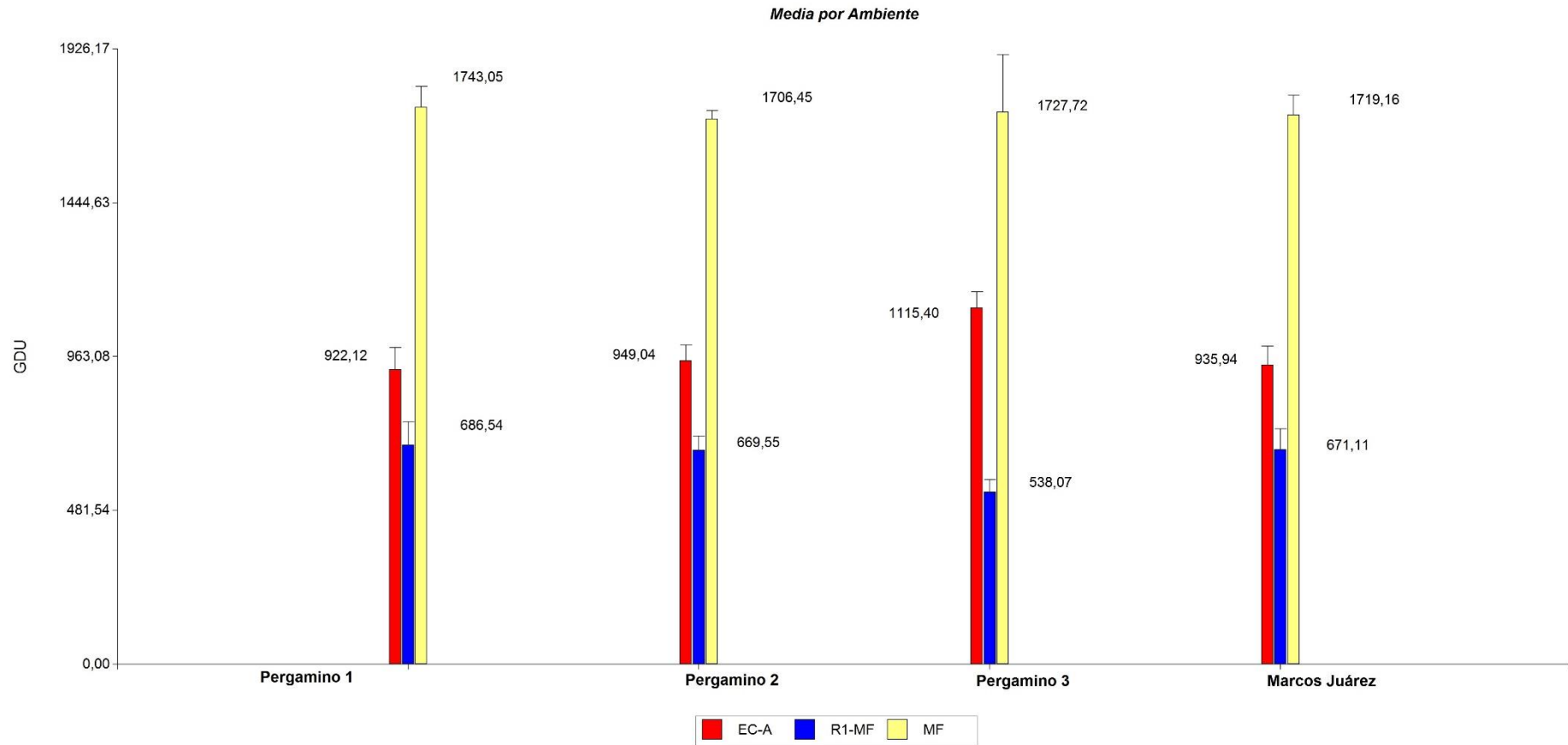
Tabla 6. Medidas de resumen por ensayo para las variables S-EC, EC-A, R1-MF, MF y ASI.

<b>Ensayo</b>	<b>Variable</b>	<b>n</b>	<b>Media</b>	<b>D.E.</b>	<b>Mín</b>	<b>Máx</b>
<i>Pergamino 1</i>	S-EC	502	134,88	15,14	108,5	181,05
	EC-A	502	922,12	73,27	773,4	1171,1
	R1-MF	496	686,54	75,49	444,25	869,6
	MF	496	1743,05	65,15	1580,5	1915,65
	ASI	501	22,81	29,10	-117,90	140,80
<i>Pergamino 2</i>	S-EC	502	88,01	14,55	55,80	130,05
	EC-A	498	948,87	50,85	773,75	1192,1
	R1-MF	498	669,74	45,94	457,35	837,15
	MF	500	1706,45	26,02	1637,85	1781,2
	ASI	498	19,82	19,76	-25,85	140,45
<i>Pergamino 3</i>	S-EC	502	90,15	-	93,4	90,15
	EC-A	413	1115,21	53,39	943,2	1275,9
	R1-MF	398	538,65	45,1	418,7	684,3
	MF	405	1744,79	28,51	1655,5	1807,85
	ASI	413	12,20	15,31	-41,25	60,60
<i>Marco Juárez</i>	S-EC	502	93,4	-	93,4	93,4
	EC-A	502	935,94	65,3	729,5	1284,3
	R1-MF	484	671,11	69,47	380,55	880,7
	MF	484	1719,16	60,62	1405,1	1833,2
	ASI	502	21,45	46,04	-180,20	221,50

Referencias: S-EC: Siembra – emergencia del coleoptilo; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madurez fisiológica. ASI: Asincronía floral.

El gráfico 1 muestra los valores medios de las variables EC-A, R1-MF y MF en cada ensayo / ambiente de evaluación.

Gráfico 1: Valores medios de EC-A, R1-MF y MF por ensayo.



## VI.2.- Análisis Univariado

### VI.2.1.- Normalidad de las variables.

En todas las variables los residuales se distribuyeron normalmente con excepción de las variables EC-V1 y Score FRIO del ensayo Pergamino 1 y la variable S-EC en los ensayos Pergamino 2, Pergamino 3 y Marcos Juárez (Anexo – Tabla 1).

### VI.2.2.- Homogeneidad de las varianzas.

En la variable EC-A evaluada en el ensayo Pergamino 2 se consideraron varianzas heterogéneas para cada genotipo (Anexo – Tabla 10). El modelo heterocedástico presentó un mejor ajuste teniendo en cuenta el R<sup>2</sup> y los valores de AIC y BIC. En el resto de las variables se consideró un modelo de varianzas homogéneas para cada genotipo.

### VI.2.3.- Análisis de la varianza.

La tabla 7 muestra la significancia de los análisis de la varianza en las variables evaluadas en cada ensayo / ambiente de evaluación. EC-V1, Score FRIO del ensayo Pergamino 1 y S-EC del ensayo Pergamino 2 se analizaron mediante un test no paramétrico de Friedman por no presentar distribución normal en sus residuales.

Tabla 7: Significancia del análisis de la varianza en las distintas variables por ensayo.

<b>Variable</b>	<b>Pergamino 1</b>	<b>Pergamino 2</b>	<b>Pergamino 3</b>	<b>Marcos Juárez</b>
<i>S-EC</i>	**	**	NS	NS
<i>EC-V1</i>	*	-	-	-
<i>V1-V6</i>	*	-	-	-
<i>EC - A</i>	**	**	**	**
<i>R1-MF</i>	**	**	**	**
<i>MF</i>	**	**	**	**
<i>ASI</i>	**	**	**	**
<i>Score FRIO</i>	*	-	-	-

Referencias: \*: p<0,05; \*\*: p<0,01; NS: no significativo; S-EC: Siembra – emergencia del coleoptilo; EC-V1: Emergencia del coleoptilo – estado fenológico V1; V1-V6: Estado fenológico V1 – estado fenológico V6; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madurez fisiológica. ASI: Asincronía floral; SF: Score FRIO.

Las tablas completas de los análisis de la varianza realizados en cada variable se pueden ver en el Anexo (Tabla 1 a 21 del Anexo).

### VI.3.- Análisis conjunto en los 4 ambientes. Estimación de los componentes genéticos de la varianza.

La tabla 8 muestra los cuadrados medios calculados en el análisis de la varianza, la significancia de las pruebas de hipótesis y los componentes de la varianza fenotípica observada. Los valores de heredabilidad ( $H^2$ ) calculados corresponden a una heredabilidad en sentido amplio, indican la proporción de la varianza fenotípica observada que se debe a efectos genéticos aditivos, de dominancia y de epistasis en cada una de las variables.

Tabla 8: Estimación de los componentes genéticos: varianza fenotípica ( $\sigma^2_F$ ), varianza de la interacción genotipo ambiente ( $\sigma^2_{IGA}$ ), varianza genética ( $\sigma^2_G$ ), varianza ambiental ( $\sigma^2_E$ ) y heredabilidad en sentido amplio del carácter ( $H^2$ ).

<i>Fuente de variación</i>	<b>S-EC</b>		<b>EC-A</b>		<b>R1</b>		<b>R1-MF</b>		<b>MF</b>		<b>ASI</b>	
	<b>CM</b>	<b>Sig.</b>	<b>CM</b>	<b>Sig.</b>	<b>CM</b>	<b>Sig.</b>	<b>CM</b>	<b>Sig.</b>	<b>CM</b>	<b>Sig.</b>	<b>CM</b>	<b>Sig.</b>
<b>Ambientes</b>	551448	**	2962921	**	2925327	**	2896458	**	5822670	**	13350	**
<b>Genotipos</b>	389	**	34792	**	43467	**	21444	**	16849	**	3101	**
<b>IGA</b>	260	**	3643	**	4063	**	6576	**	4500	**	1572	**
<b>Error</b>	117		871		1017		957		109		407	
$\sigma^2_F$	97		4349		5433		2681		2106		388	
$\sigma^2_G$	32		3894		4926		1859		1544		191	
$\sigma^2_{IGA}$	72		693		762		1405		1098		291	
$\sigma^2_E$	117		871		1017		957		109		407	
<b>H2</b>	<b>33,3</b>		<b>89,5</b>		<b>90,7</b>		<b>69,3</b>		<b>73,3</b>		<b>49,3</b>	

Referencias: p<0,05; \*\*: p<0,01; S-EC: Siembra – emergencia del coleoptilo; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1: Siembra – estado fenológico R; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madurez fisiológica. ASI: Asincronía floral.

Se pueden observar diferencias altamente significativas entre ambientes, genotipos y en la Interacción Genotipo Ambiente (IGA) para todas las variables que se analizaron.

#### VI.4.- Análisis multivariado

##### VI.4.1.- Análisis multivariado ensayo Pergamino 1

La tabla 9 muestra los coeficientes de correlación de Pearson en el ensayo Pergamino 1. Por encima de la diagonal se observa el nivel de significancia. Por debajo de la diagonal se observa el coeficiente de correlación.

Tabla 9: Coeficientes de correlación de Pearson para las variables evaluadas en el ensayo Pergamino 1.

	<b>S-EC</b>	<b>EC-V1</b>	<b>V1-V6</b>	<b>EC-A</b>	<b>R1</b>	<b>R1-MF</b>	<b>MF</b>	<b>ASI</b>	<b>SF</b>
<b>S-EC</b>	1	**	**	NS	**	*	*	NS	**
<b>EC-V1</b>	-0,54	1	NS	NS	*	NS	NS	NS	*
<b>V1-V6</b>	-0,59	0,07	1	NS	NS	NS	NS	NS	**
<b>EC-A</b>	0,00	0,00	0,05	1	**	**	**	NS	**
<b>R1</b>	0,21	-0,09	-0,09	0,91	1	**	**	**	**
<b>R1-MF</b>	-0,10	0,07	0,01	-0,61	-0,55	1	**	NS	NS
<b>MF</b>	0,11	-0,04	-0,06	0,41	0,43	0,44	1	NS	**
<b>ASI</b>	0,05	0,02	-0,05	-0,03	0,35	0,08	0,07	1	NS
<b>SF</b>	0,16	-0,09	-0,12	0,25	0,29	-0,07	0,24	0,07	1

Referencias: \*:  $p < 0,05$ ; \*\*:  $p < 0,01$ ; NS: no significativo; S-EC: Siembra – emergencia del coleoptilo; EC-V1: Emergencia del coleoptilo – estado fenológico V1; V1-V6: Estado fenológico V1 – estado fenológico V6; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1: Siembra – estado fenológico R1; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral; SF: Score FRIO.

La mayor correlación se observó entre las variables EC-A y R, la misma fue positiva. Otras correlaciones elevadas se observaron entre la variable S-EC que se correlacionó negativamente con las variables EC-V1 y V1-V6. El período de llenado de granos (R1-MF) se correlacionó negativamente con la variable EC-A y R1. El ciclo completo a madurez (MF) se correlacionó positivamente con EC-A, R1 y R1-MF. El Score Frio (SF) mostró baja correlación con el tiempo térmico a floración femenina.

A partir de la matriz de correlaciones se realizó un Análisis de Componentes Principales (ACP). Los autovectores calculados se muestran en la tabla 10.

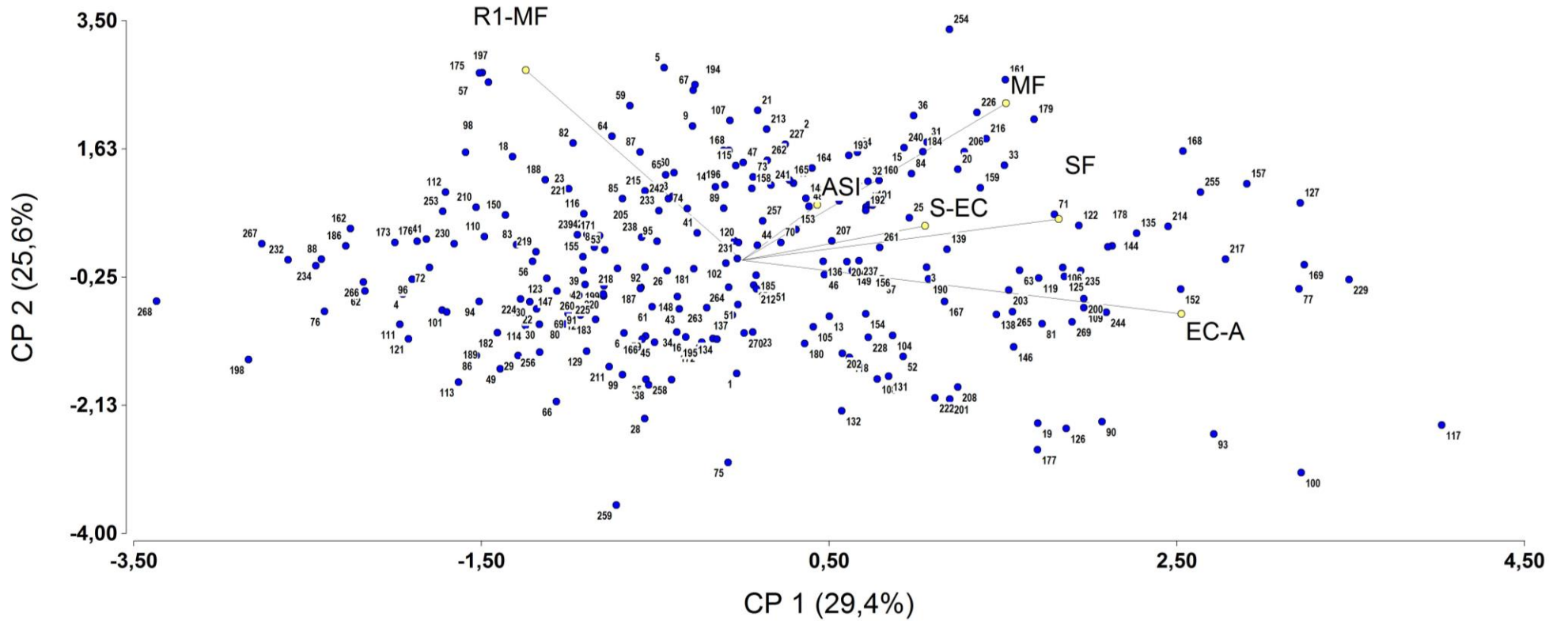
Tabla 10. Autovectores de las componentes principales 1 y 2 en el ensayo Pergamino 1.

<b>Variables</b>	<b>e1</b>	<b>e2</b>
<i>S-EC</i>	0,27	0,13
<i>EC-A</i>	0,66	-0,20
<i>R1-MF</i>	-0,32	0,72
<i>MF</i>	0,39	0,60
<i>ASI</i>	0,11	0,21
<i>SF</i>	0,47	0,16

Referencias: S-EC: Siembra – emergencia del coleoptilo; EC-A: Emergencia del coleoptilo – Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madurez fisiológica. ASI: Asincronía floral; SF: Score FRIO.

El ACP generado con las variables S-EC, EC-A, R1-MF, MF, ASI y SF en el ensayo Pergamino 1 se muestra en el gráfico 2. Las Componentes Principales (CP) 1 y 2 explican el 55 % de la variación. La CP 1 está representada principalmente por las variables EC-A y SF, seguida por las variables MF y R1-MF (tabla 10). A la derecha del gráfico se encuentran los genotipos que presentan mayores grados día a floración, valores de SF más elevados, ciclo completo a madurez mayor y un menor período de llenado de granos. En oposición, a la izquierda del gráfico se encuentran los genotipos con un ciclo más corto a floración, menores valores de SF, ciclo completo a madurez más bajo y mayor período de llenado de granos. La CP 2 está representada principalmente por las variables R1-MF y MF (tabla 10). En la parte inferior del gráfico están los genotipos con un período de llenado de granos y un ciclo completo a madurez más corto, mientras que los genotipos con un período de llenado de granos y ciclo completo más largo se encuentran en el extremo superior del gráfico.

Gráfico 2. Análisis de Componentes Principales del ensayo Pergamino 1.



Referencias: S-EC: Siembra – emergencia del coleoptilo; SF: Score Frio; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral.

#### VI.4.2.- Análisis multivariado ensayo Pergamino 2

La tabla 11 muestra los coeficientes de correlación de Pearson en el ensayo Pergamino 2. Por encima de la diagonal se observa el nivel de significancia. Por debajo de la diagonal se observa el coeficiente de correlación.

Tabla 11. Coeficientes de correlación de Pearson para las variables evaluadas en el ensayo Pergamino 2.

	<b>S-EC</b>	<b>EC-A</b>	<b>R1</b>	<b>R1-MF</b>	<b>MF</b>	<b>ASI</b>
<b>S-EC</b>	1	NS	**	**	NS	**
<b>EC-A</b>	0,04	1	**	**	**	**
<b>R1</b>	0,31	0,91	1	**	**	**
<b>R1-MF</b>	-0,31	-0,83	-0,82	1	NS	**
<b>MF</b>	0,08	0,51	0,5	-0,03	1	**
<b>ASI</b>	0,14	0,23	0,54	-0,18	0,2	1

Referencias: \*:  $p < 0,05$ ; \*\*:  $p < 0,01$ ; NS: no significativo; S-EC: Siembra – emergencia del coleoptilo; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1: Siembra – estado fenológico R1; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madurez fisiológica. ASI: Asincronía floral.

El mayor valor de correlación se registró entre el período EC-A y R1. El período de llenado de granos (R1-MF) se correlacionó negativamente con el tiempo térmico a antesis (EC-A) y floración femenina (R1). El ciclo completo a madurez (MF) se correlacionó positivamente con EC-A y R1. El ASI se correlacionó positivamente con la variable R1.

A partir de la matriz de correlaciones se realizó un Análisis de Componentes Principales (ACP). Los autovectores calculados se muestran en la tabla 12.

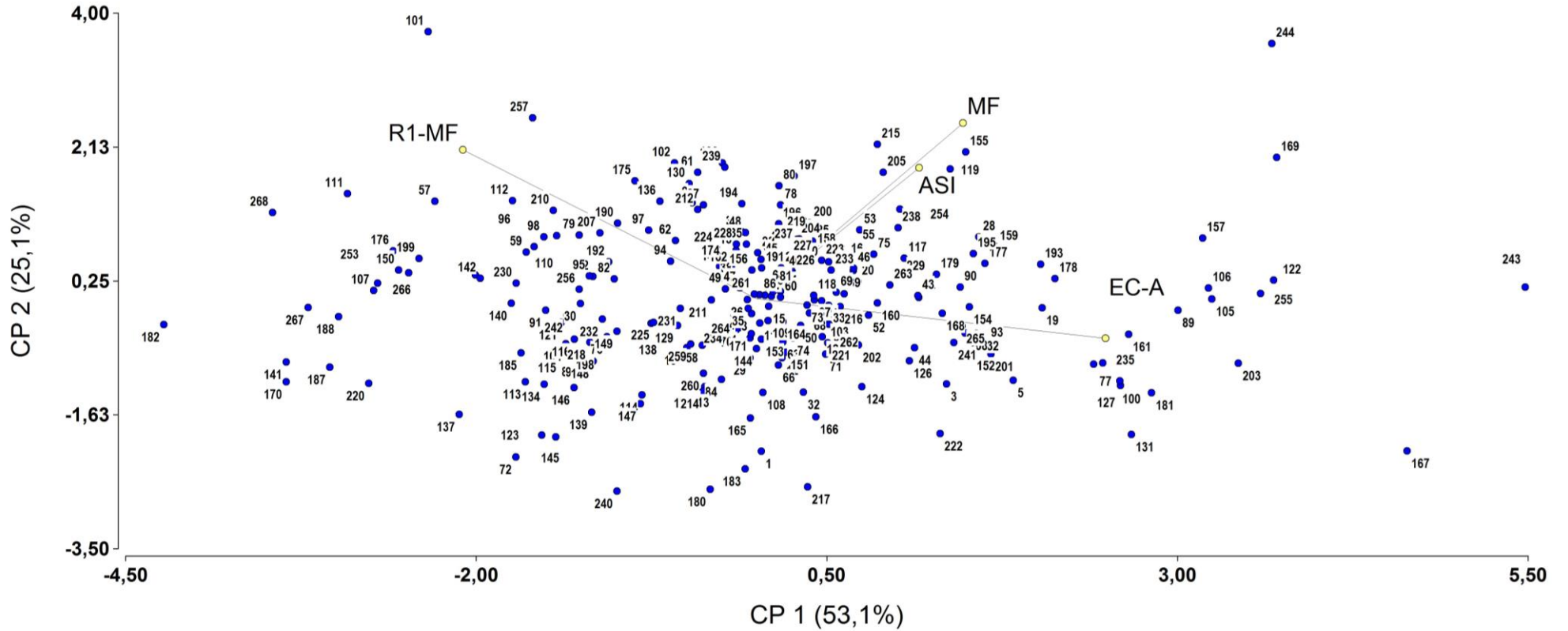
Tabla 12. Autovectores de las componentes principales 1 y 2 en el ensayo Pergamino 2

<b>Variables</b>	<b>e1</b>	<b>e2</b>
<i>EC-A</i>	0,66	-0,15
<i>R1-MF</i>	-0,56	0,56
<i>MF</i>	0,39	0,66
<i>ASI</i>	0,31	0,49

Referencias: EC-A: Emergencia del coleoptilo – Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madurez fisiológica. ASI: Asincronía floral.

En el gráfico 3 se muestra el ACP generado con las variables EC-A, R1-MF, MF y ASI en el ensayo Pergamino 2. Las componentes principales 1 y 2 explican el 78,2 % de la variación. La CP1 está representada principalmente por las variables EC-A y R1-MF, seguida por MF (tabla 12). A la derecha del gráfico se encuentran los genotipos que presentan mayores grados día a floración, un período de llenado más corto y un ciclo completo a madurez más largo. Mientras que a la izquierda del gráfico se encuentran los genotipos con menores grados día a floración, un período de llenado de granos más largo y un ciclo completo a madurez más corto. La CP 2 está representada principalmente por la variable MF, R1-MF y ASI (tabla 12). En el extremo superior del gráfico están los genotipos con un ciclo completo a madurez más largo, un mayor período de llenado y valores más elevados de ASI. En el extremo inferior del gráfico están los genotipos con un ciclo completo a madurez más corto, un menor período de llenado y valores más bajos de ASI.

Gráfico 3. Análisis de Componentes Principales en el ensayo Pergamino 2.



Referencias: EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral.

### VI.4.3.- Análisis multivariado ensayo Pergamino 3

La tabla 13 muestra los coeficientes de correlación de Pearson en el ensayo Pergamino 3. Por encima de la diagonal se observa el nivel de significancia. Por debajo de la diagonal se observa el coeficiente de correlación.

Tabla 13. Coeficientes de correlación de Pearson para las variables evaluadas en el ensayo Pergamino 3.

	<b>EC-A</b>	<b>R1</b>	<b>R1-MF</b>	<b>MF</b>	<b>ASI</b>
<b>EC-A</b>	1	**	**	**	NS
<b>R1</b>	0,97	1	**	**	**
<b>R1-MF</b>	-0,87	-0,85	1	NS	NS
<b>MF</b>	0,52	0,51	-0,04	1	NS
<b>ASI</b>	0,09	0,33	-0,08	0,05	1

Referencias: \*:  $p < 0,05$ ; \*\*:  $p < 0,01$ ; NS: no significativo; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1: Siembra – estado fenológico R1; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral.

El mayor valor de correlación se registró entre el período EC-A y R1. El período de llenado de granos (R1-MF) se correlacionó negativamente con la variable EC-A y con la variable R1. El ciclo completo a madurez (MF) se correlacionó positivamente con EC-A y R1.

A partir de la matriz de correlaciones se realizó un Análisis de Componentes Principales (ACP). Los autovectores calculados se muestran en la tabla 14.

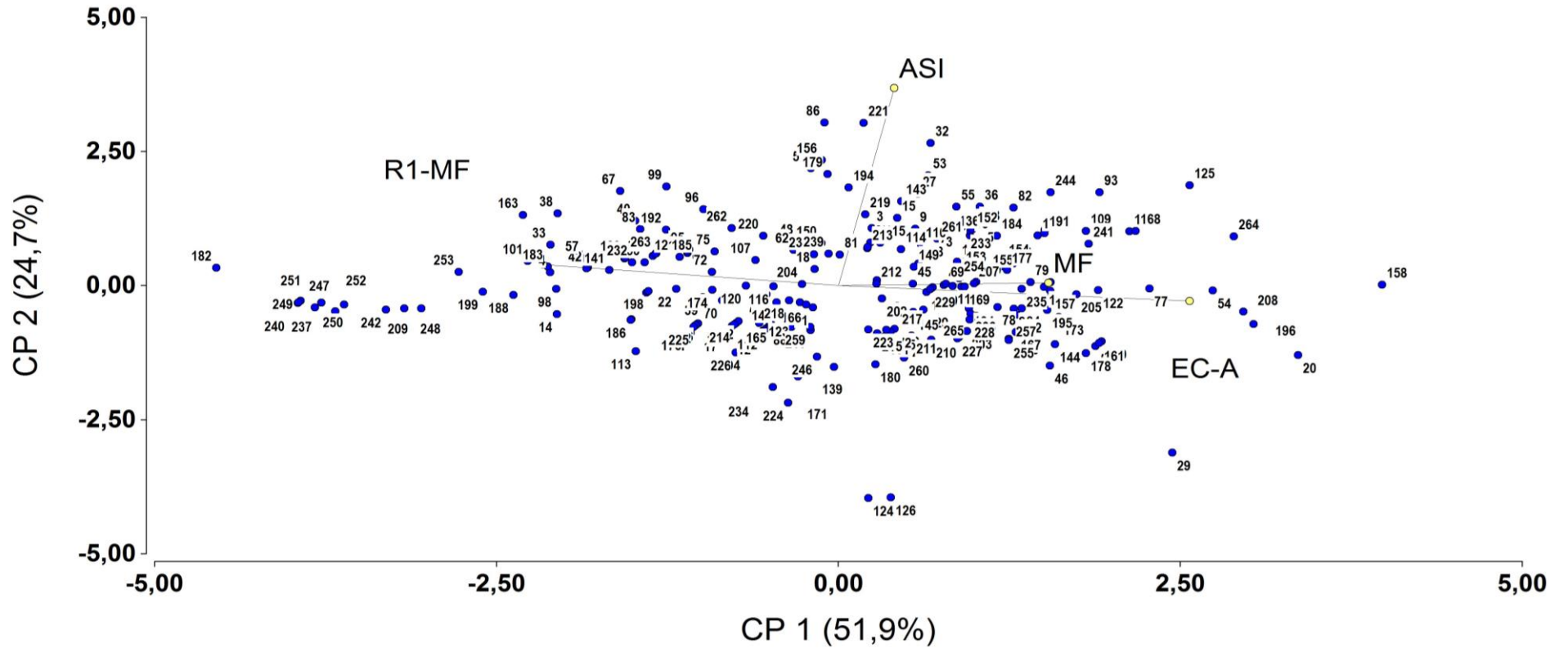
Tabla 14. Autovectores de las componentes principales 1 y 2 en el ensayo Pergamino 3.

<b>Variables</b>	<b>e1</b>	<b>e2</b>
<i>EC-A</i>	0,69	-0,08
<i>R1-MF</i>	-0,58	0,10
<i>MF</i>	0,41	0,01
<i>ASI</i>	0,11	0,99

Referencias: EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madurez fisiológica. ASI: Asincronía floral.

En el gráfico 4 se muestra el ACP generado con las variables EC-A, R1-MF, MF y ASI en el ensayo Pergamino 3. Las componentes principales 1 y 2 explican el 76,6 % de la variación. La CP1 está representada principalmente por las variables EC-A y R1-MF (tabla 14). A la derecha del gráfico se encuentran los genotipos que presentan mayores grados día a floración y un período de llenado más corto. Mientras que a la izquierda del se encuentran los genotipos que presentan menores grados día a floración y un período de llenado más largo. La CP 2 está representada completamente por la variable ASI (tabla 14). En la parte superior del gráfico están los genotipos con más desfasaje entre las floraciones masculina y femenina. En la parte inferior del gráfico están los genotipos menores valores de ASI.

Gráfico 4. Análisis de Componentes Principales en el ensayo Pergamino 3.



Referencias: EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral.

#### VI.4.4.- Análisis multivariado ensayo Marcos Juárez

La tabla 15 muestra los coeficientes de correlación de Pearson en el ensayo Marco Juárez. Por encima de la diagonal se observa el nivel de significancia. Por debajo de la diagonal se observa el coeficiente de correlación.

Tabla 15. Coeficientes de correlación de Pearson para las variables evaluadas en el ensayo Marcos Juárez.

	<b>EC-A</b>	<b>R1</b>	<b>R1 - MF</b>	<b>MF</b>	<b>ASI</b>
<b>EC-A</b>	1	**	**	**	NS
<b>R1</b>	0,85	1	**	**	**
<b>R1 - MF</b>	-0,47	-0,63	1	**	**
<b>MF</b>	0,44	0,45	0,4	1	*
<b>ASI</b>	-0,04	0,49	-0,4	0,11	1

Referencias: \*:  $p < 0,05$ ; \*\*:  $p < 0,01$ ; NS: no significativo; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1: Siembra – estado fenológico R1; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral.

El mayor valor de correlación se registró entre el período EC-A y R1. El período de llenado de granos (R1-MF) se correlacionó negativamente con la variable EC-A y R1. El ciclo completo a madurez (MF) se correlacionó con EC-A, R1 y R1-MF. El ASI se correlacionó positivamente con la variable R1.

A partir de la matriz de correlaciones se realizó un Análisis de Componentes Principales (ACP). Los autovectores calculados se muestran en la tabla 16.

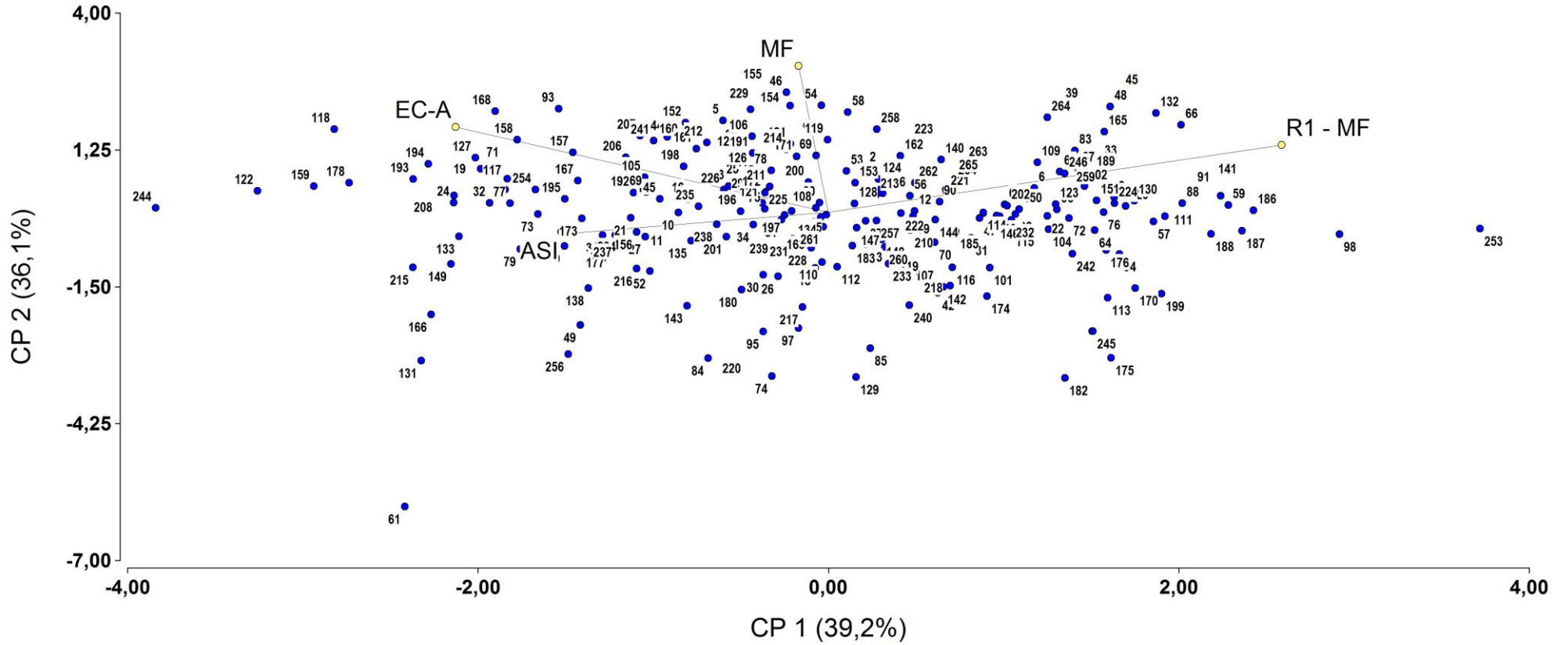
Tabla 16. Autovectores de las componentes principales 1 y 2 en el ensayo Marcos Juárez.

<b>Variables</b>	<b>e1</b>	<b>e2</b>
<i>EC-A</i>	-0,58	0,46
<i>R1-MF</i>	0,70	0,37
<i>MF</i>	-0,05	0,80
<i>ASI</i>	-0,41	-0,12

Referencias: EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral.

En el gráfico 5 se muestra el ACP generado con las variables EC-A, R1-MF, MF y ASI en el ensayo Marcos Juárez. Las componentes principales 1 y 2 explican el 75,3 % de la variación. La CP1 está representada principalmente por las variables R1-MF, EC-A y ASI (tabla 16). A la izquierda del gráfico se encuentran los genotipos que presentan mayores grados día a floración, un período de llenado más corto y valores de ASI más elevados. Y a la derecha del gráfico se encuentran los genotipos con menores grados día a floración, un período de llenado más largo y menores valores de ASI. La CP 2 está representada principalmente por la variable MF (tabla 16). En el extremo superior del gráfico están los genotipos con un ciclo completo a madurez más largo, mientras que en la parte inferior del gráfico están los genotipos con un ciclo completo a madurez más corto.

Gráfico 5. Análisis de Componentes Principales en el ensayo Marcos Juárez.



Referencias: EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica.  
 ASI: Asincronía floral.

#### VI.5.- Análisis de la interacción genotipo ambiente.

En los cuatro gráficos GGE Biplots (gráficos 6 a 9) se puede observar que los vectores correspondientes a los ambientes se encuentran hacia el extremo derecho del gráfico y en todos los casos los vectores de mayor longitud corresponden a los ambientes Pergamino 1 y Marcos Juárez.

##### VI.5.1.- Emergencia del coleoptilo - Antesis

El gráfico 6 muestra el biplot para la variable EC-A en los cuatro ambientes de evaluación. Las componentes principales 1 y 2 explican el 84,5 % de la variación.

##### VI.5.2.- Período de llenado de granos

El gráfico 7 muestra el biplot para la variable R1-MF en los cuatro ambientes de evaluación. Las componentes principales 1 y 2 explican el 78,6 % de la variación.

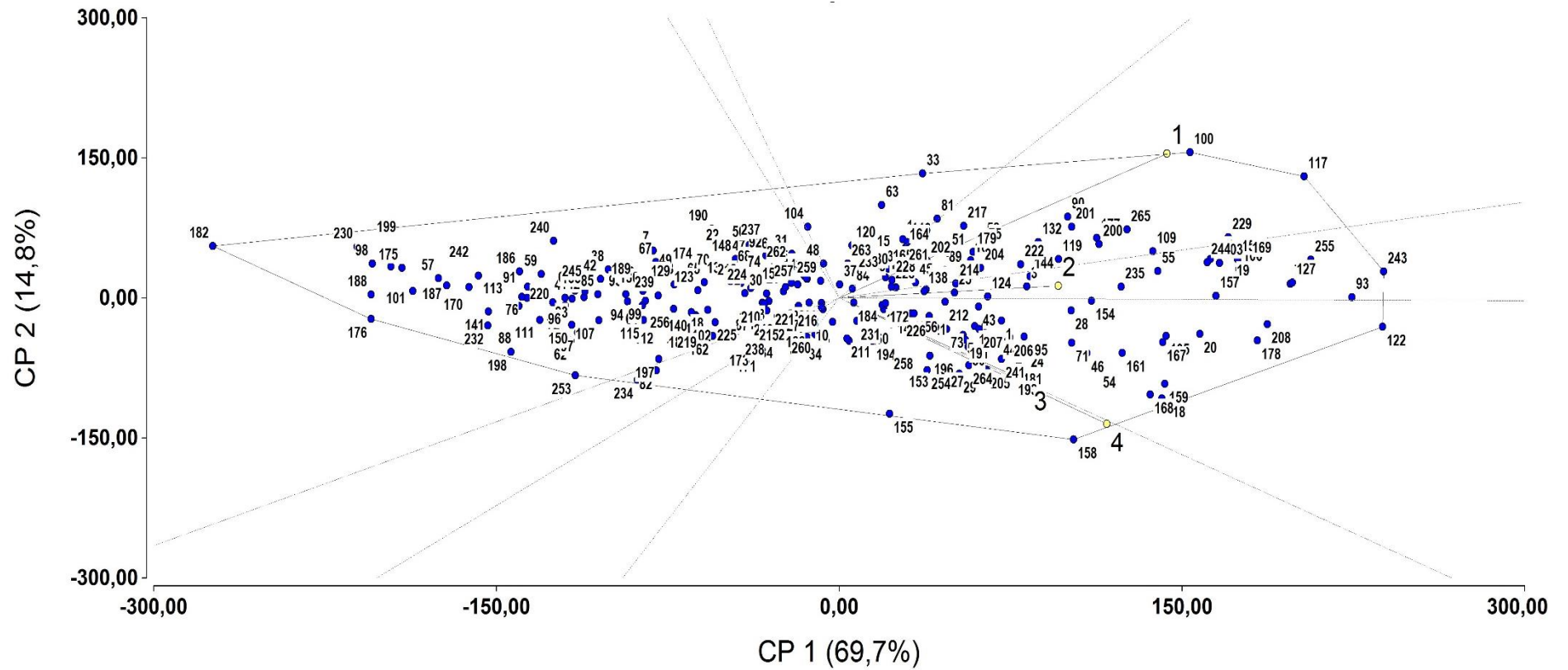
##### VI.5.3.- Asincronía Floral (ASI)

El gráfico 8 muestra el biplot para la variable ASI en los cuatro ambientes de evaluación. Las componentes principales 1 y 2 explican el 82,0 % de la variación.

##### VI.5.4.- Ciclo completo (MF)

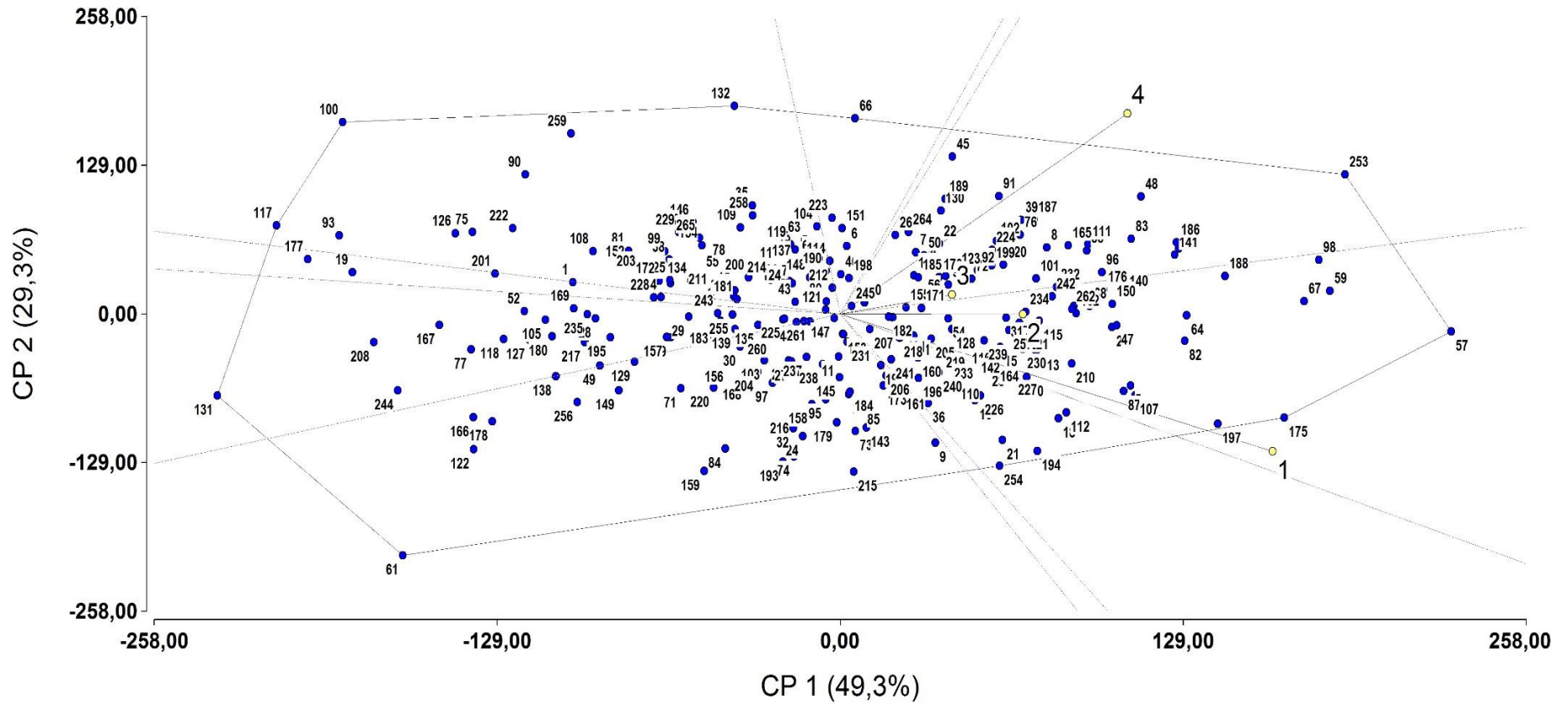
El gráfico 9 muestra el biplot para la variable MF en los cuatro ambientes de evaluación. Las componentes principales 1 y 2 explican el 86,9 % de la variación.

Gráfico 6: GGE Biplot para la variable EC-A.



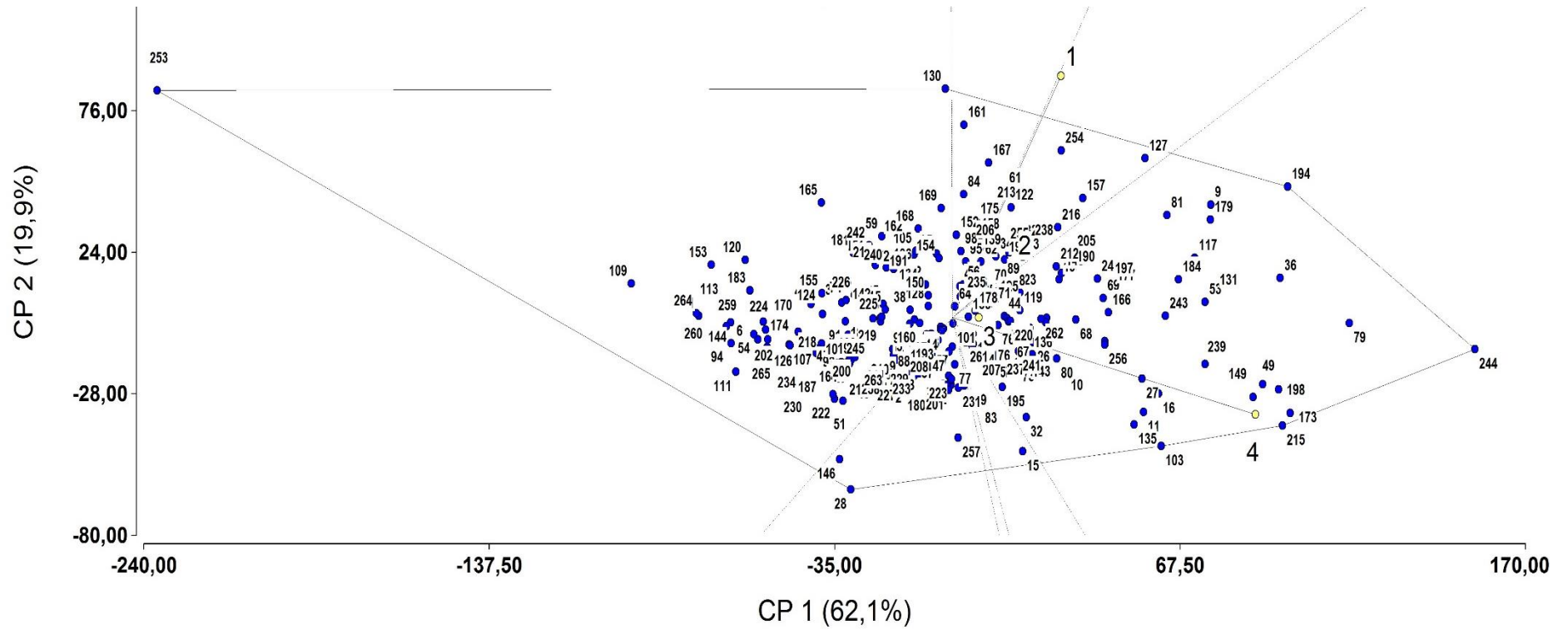
Referencias: EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; 1: Pergamino 1; 2: Pergamino 2; 3: Pergamino 3; 4: Marcos Juárez.

Gráfico 7: GGE Biplot para la variable R1-MF.



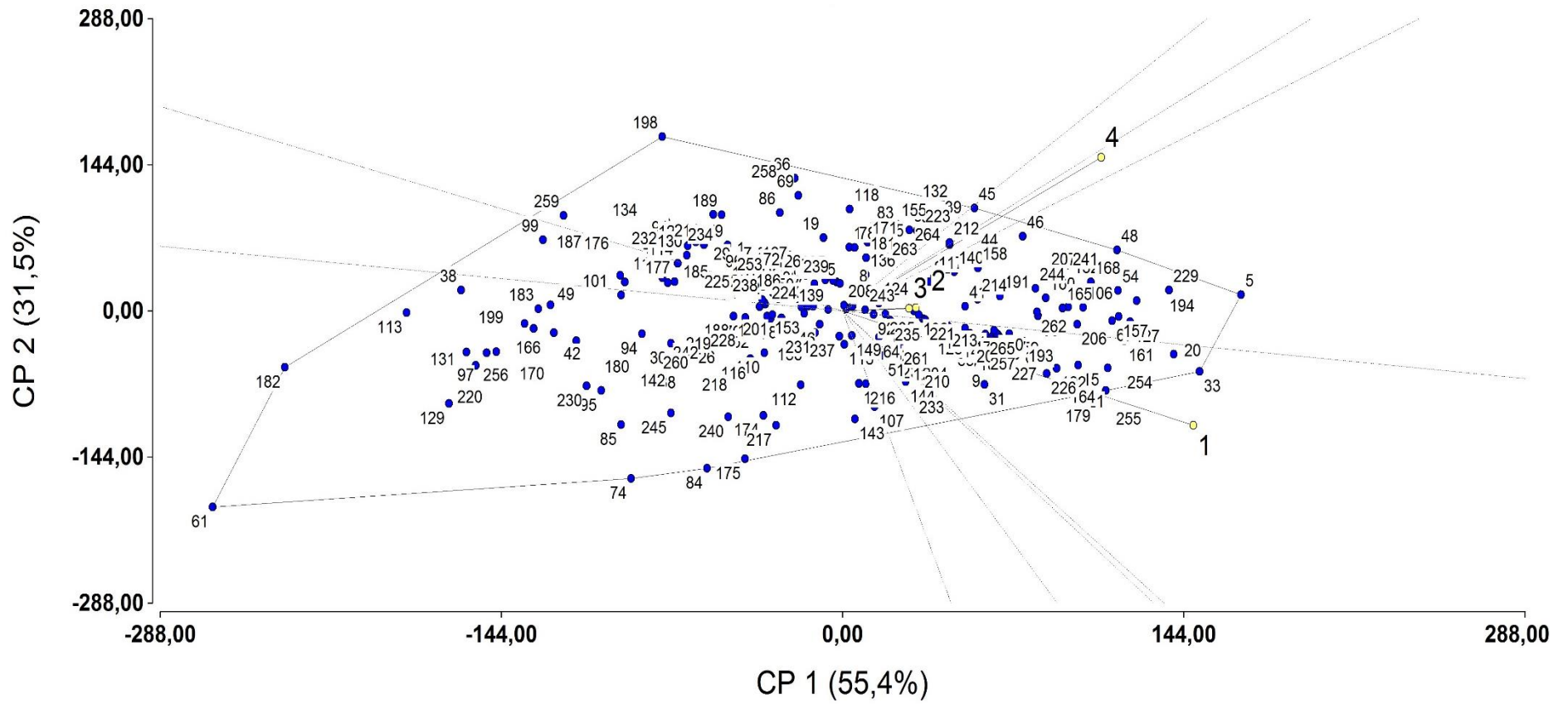
Referencias: R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; 1: Pergamino 1; 2: Pergamino 2; 3: Pergamino 3; 4: Marcos Juárez.

Gráfico 8: GGE Biplot para la variable ASI.



Referencias: ASI: Asincronía floral; 1: Pergamino 1; 2: Pergamino 2; 3: Pergamino 3; 4: Marcos Juárez.

Gráfico 9: GGE Biplot para la variable MF.



Referencias: ASI: Asincronía floral; 1: Pergamino 1; 2: Pergamino 2; 3: Pergamino 3; 4: Marcos Juárez.

Los genotipos con altos valores de CP1 presentan en todos los ambientes un tiempo térmico mayor en las diversas etapas fenológicas que los genotipos con valores bajos de CP1. En la tabla 17 se muestran los coeficientes de correlación de Pearson entre los valores medios de los genotipos evaluados y el valor de la CP1 para las variables EC-A, R1-MF, MF y ASI.

*Tabla 17. Coeficientes de correlación de Pearson entre la media y la componente principal 1 generada en el GGE Biplot.*

	<b>Variable 1</b>	<b>Variable 2</b>	<b>n</b>	<b>Pearson</b>	<b>p-valor</b>
<i>EC-A</i>	<i>Media</i>	<i>CP1</i>	251	0,96	<0,0001
<i>R1-MF</i>	<i>Media</i>	<i>CP1</i>	251	0,93	<0,0001
<i>MF</i>	<i>Media</i>	<i>CP1</i>	251	0,86	<0,0001
<i>ASI</i>	<i>Media</i>	<i>CP1</i>	251	0,93	<0,0001

Referencias: CP1: Componente Principal 1; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral.

#### VI.6.- Selección de genotipos mediante el Índice base modificado

En la tabla 18 se muestran los valores de heredabilidad y los pesos del índice calculados para las variables S-EC, SF, MF, R1-MF y ASI.

Tabla 18. Heredabilidad y pesos del índice para las variables de selección en cada condición de cultivo.

Condición de Cultivo	Grupo	Variable	H2	Peso del Índice (b)
Fecha de siembra temprana y doble cultivo	A	S-EC	33,3	-33,3
		SF	78,6	-393
	B	MF	73,3	-366,5
		ASI	49,3	-147,9
Fecha de siembra óptima	A	EC-A	89,5	-44,75
		ASI	49,3	-394,4
	B	MF	73,3	-366,5
		ASI	49,3	-98,6
Fecha de siembra tardía	A	EC-A	89,5	-447,5
		ASI	49,3	-98,6
	B	R1-MF	69,3	-346,5
		ASI	49,3	-98,6

Referencias: S-EC: Siembra – emergencia del coleoptilo; SF: ScoreFrio; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral.

Con los pesos del índice calculados, se construyó el índice de selección (I) en cada condición de cultivo y grupo de selección para los genotipos 1 a 265 (*le1:le265*) utilizando las siguientes fórmulas (Tabla 19).

Tabla 19. Índice de selección en cada condición de cultivo y grupo de selección.

Condición de Cultivo	Grupo	Índice de selección (I)
Fecha de siembra temprana y doble cultivo	A	$I_{(le1:le265)} = -33,3*S-EC - 393*SF$
	B	$I_{(le1:le265)} = -366,5*MF - 147,9*ASI$
Fecha de siembra óptima	A	$I_{(le1:le265)} = -44,75*EC-A - 394,4*ASI$
	B	$I_{(le1:le265)} = -366,5*MF - 98,6*ASI$
Fecha de siembra tardía	A	$I_{(le1:le265)} = -447,5*EC-A - 98,6*ASI$
	B	$I_{(le1:le265)} = -346,5*R1-MF - 98,6*ASI$

Referencias: S-EC: Siembra – emergencia del coleoptilo; SF: ScoreFrio; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral.

Se seleccionaron 20 genotipos dentro de cada grupo que presentaron los valores más altos de “I” (tabla 20). Los genotipos selectos modifican el valor medio de las variables con respecto a la población original (tabla 21).

Tabla 20. Genotipos Selectos en cada condición de cultivo y grupo de selección.

Condición 1		Condición 2		Condición 3	
Grupo A	Grupo B	Grupo A	Grupo B	Grupo A	Grupo B
116	259	182	72	245	61
121	198	218	137	256	178
186	113	147	170	201	255
210	182	141	240	182	227
162	38	170	182	230	122
22	99	111	141	98	159
80	258	107	187	199	208
66	266	187	220	240	131
86	97	188	123	175	205
88	183	220	145	242	158
75	187	199	180	188	20
120	111	40	183	57	80
12	91	88	139	101	55
23	199	113	114	187	84
28	189	134	198	186	203
45	101	123	138	113	77
51	49	121	116	38	74
76	256	240	217	59	105
224	76	104	188	253	93
5	211	145	113	170	220

Referencias: El color rojo indica que el genotipo fue elegido en al menos dos grupos.

Los valores medios de la población original y de los genotipos selectos se muestran en la tabla 21 para cada variable a mejorar en cada condición de cultivo.

Tabla 21. Valores medios en la población original y los genotipos selectos

Condición de Cultivo	Grupo	Variable	Media de la población	Media de los genotipos selectos	Diferencia
<b>Condición 1</b>	A	S-EC	134,6	120,5	14,1
		SF	2,3	1,5	0,8
	B	MF	1742,7	1636,5	106,2
		ASI	22,8	14,6	8,2
<b>Condición 2</b>	A	EC-A	949,0	885,6	63,5
		ASI	19,8	-2,0	21,8
	B	MF	1706,4	1653,2	53,2
		ASI	19,8	9,6	10,2
<b>Condición 3</b>	A	EC-A	1024,1	929,0	95,0
		ASI	21,4	-5,3	26,7
	B	R1-MF	606,3	523,4	82,9
		ASI	21,4	22,3	-0,9

Referencias: S-EC: Siembra – emergencia del coleoptilo; SF: ScoreFrio; EC-A: Emergencia del coleoptilo - Antesis; R1-MF: Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; MF: Siembra – madures fisiológica. ASI: Asincronía floral.

## VII.- DISCUSIÓN

### VII.1.- Variabilidad en el ciclo fenológico

Dentro de los genotipos evaluados se encontró gran variabilidad para la mayoría de los caracteres registrados. Se observó un amplio rango entre los valores mínimos y máximos. Al ser líneas endocriadas, la varianza genética total está compuesta en su totalidad por la varianza genética entre genotipos, la varianza genética dentro de los genotipos es despreciable (Falconer, 1989).

Los efectos de bloque y bloque incompleto medidos a través de los desvíos estándar fueron muy bajos comparados con los desvíos estándar del error en las variables S-EC, V1-V6, EC-A, R1-MF y MF del ensayo Pergamino 1, Pergamino 2 y Marcos Juárez. En estas variables, la media de los genotipos corregida por los efectos de bloque y bloque incompleto que se usó para realizar los análisis multivariados resultó igual a una media aritmética de las 2 repeticiones.

Las variables EC-A y R1-MF tuvieron mayores efectos de bloque y bloque incompleto en el ensayo Pergamino 3. La variable ASI solo presentó efectos despreciables de bloque y bloque incompleto en el ensayo Pergamino 2, mientras que en el resto de los ensayos los efectos fueron mayores. Los efectos de bloque y bloque incompleto, si bien fueron menores a los desvíos del error, produjeron un cambio en los valores de la media aritmética. Los valores medios corregidos por los efectos de bloque y bloque incompleto en dichas variables se utilizaron en todos los análisis posteriores.

#### VII.1.1.- Emergencia del coleoptilo (S-EC)

La emergencia del coleoptilo presentó diferencias significativas entre genotipos en los dos ensayos en la cual se midió (Pergamino 1 y Pergamino 2). Se registraron valores más elevados en el ensayo Pergamino 1, fecha de siembra temprana, comparado con el ensayo Pergamino 2, fecha de siembra normal, pasando de valores medios de 134,63 °C día a 88,01 °C día, respectivamente. En el ensayo Pergamino 1 las temperaturas registradas durante el período posterior a la siembra fueron sub óptimas para la emergencia del cultivo, lo cual afectó la duración de la etapa, no solo en días sino también el tiempo térmico acumulado hasta llegar a la emergencia. Valores similares a los encontrados en Pergamino 1, fueron obtenidos por Lorea *et al.* (2014) en familias S1 y Suarez *et al.* (2015) en poblaciones locales originarias del sur de Argentina, en condiciones de siembra temprana en la región maicera núcleo.

Las diferencias de tiempo térmico entre ambos ensayos podría deberse a que durante la emergencia de cultivo en Pergamino 1 se registraron varios días con temperaturas mínimas inferiores a 8 °C que pudieron afectar la duración de esta etapa. En maíz, la temperatura base se ubica en el rango de 6 a 12 °C según el genotipo (Cárcova *et al.*, 2003b), sin embargo, es de aproximadamente 8 °C en los genotipos templados que se estudiaron en Argentina (Cirilo, 1994). Si bien la temperatura media casi siempre estuvo por encima de los 8 °C (en dos días fue inferior), hubo varios días con temperaturas mínimas por debajo de los 8 °C que pudieron afectar la duración de esta etapa.

La variabilidad encontrada entre los genotipos podría ser atribuida a dos factores, en primer lugar podríamos suponer que aquellos genotipos que emergieron antes presentan una temperatura base para el desarrollo sustancialmente menor que los genotipos que emergieron más tarde (Tollenaar *et al.*, 1979). Por otro lado, las diferencias observadas podrían ser atribuidas también a un menor requerimiento en tiempo térmico en aquellos genotipos que presentan un período de emergencia del coleoptilo más precoz (Eagles y Brooking, 1981). Ya sea por uno o ambos factores se pudo observar que existe un grado de variabilidad dentro de los genotipos evaluados, y que es posible seleccionar aquellos que presentan una rápida emergencia en condiciones de temperatura de suelo sub-óptimas para mejorar el comportamiento en siembras tempranas.

#### VII.1.2.- Emergencia del coleoptilo – Estado fenológico V1 (EC-V1)

La variable EC-V1 medida en el ensayo Pergamino 1 fue analizada mediante un test no paramétrico de Friedman por no presentar una distribución normal de sus residuos. Se encontraron diferencias significativas entre los genotipos evaluados, con valores mínimos de 22,55 °C día y máximos de 43,45 °C día. Estos valores representan aproximadamente entre 4 y 10 días teniendo en cuenta las bajas temperaturas registradas en Pergamino hacia fines de Septiembre y principios de Octubre en la campaña 2015/16 (Anexo – Cuadro 1). Estas diferencias entre los genotipos evaluados se podrían deber a un menor requerimiento en tiempo térmico en los genotipos con un período de EC-V1 más precoz. Valores similares de tiempo térmico fueron encontrados por Vinocur *et al.* (2001) al evaluar el híbrido Pioneer 3572 para el período EC-V1 en diversas fechas de siembra en el estado de Michigan (USA).

### VII.1.3.- Estado fenológico V1 – Estados fenológico V6

La variable V1-V6 presentó diferencias significativas entre los genotipos evaluados. El valor medio fue de 565,62 °C día. Teniendo en cuenta las temperaturas registradas en Pergamino durante la campaña 2015/16, el estado fenológico V6 fue aproximadamente 3 meses después de la siembra. Este valor es mucho mayor al registrado por Lorea *et al.* (2014) en familias S1 y Padilla *et al.* (2005) en híbridos de maíz de diversos orígenes evaluados a campo, o Zur *et al.* (1989) en condiciones de laboratorio.

Las bajas temperaturas registradas en Pergamino durante los meses de septiembre y octubre provocaron un desarrollo muy lento en los períodos vegetativos. En los genotipos más afectados se observó daño foliar, clorosis y menor producción de biomasa (Anexo – Foto 1). El aumento de la temperatura en el mes de noviembre provocó una aceleración en el desarrollo y las líneas tendieron a emparejarse fenológicamente hacia el estado de V6.

Se ha encontrado que el progreso en el desarrollo del maíz es lineal por encima de los 8 °C, inhibiéndose el crecimiento por debajo de esa temperatura (Ritchie y NeSmith, 1991). El estrés térmico causado por bajas temperaturas registradas en etapas posteriores a la emergencia del cultivo, podría haber provocado un retraso en el desarrollo de las líneas. Se ha demostrado que estrés térmico por golpe de calor puede provocar un cambio en la duración de etapas fenológicas del maíz (Cicchino *et al.*, 2010).

### VII.1.4.- Ciclo a floración (EC-A)

Para el análisis de las variables EC-A se utilizó un análisis de modelos mixtos donde se consideraron varianzas homogéneas para cada genotipo en los ensayos Pergamino 1, Pergamino 3 y Marcos Juárez; mientras que en el ensayo Pergamino 2 el modelo que mejor ajuste presentó teniendo en cuenta los valores de  $R^2$ , AIC y BIC fue un modelo heterocedástico.

Se utilizó la floración masculina ya que es una variable más estable ante condiciones ambientales desfavorables, como sequía, baja radiación solar (días nublados), estrés hídrico o térmico, deficiencias de nutrientes y densidades de plantas por encima de la óptima (Hall *et al.*, 1981; D'Andrea *et al.*, 2006). La variable EC-A mostró diferencias altamente significativas entre los genotipos evaluados en todos los ensayos. Analizando la localidad de Pergamino, la EC-A presentó valores de tiempo térmico menores en los ensayos realizados en siembras temprana y normal (Pergamino 1 y Pergamino 2) en comparación con el ensayo de fecha de siembra tardía

(Pergamino 3), donde el tiempo térmico para el período EC-A fue en promedio 180 °C día mayor. Valores similares de tiempo térmico a Antesis en fechas de siembra de fines de agosto fueron encontrados por Defacio *et al.* (2014) y Solmi (2014) en poblaciones locales y líneas S1 de maíz templado, respectivamente. Las diferencias de tiempo térmico a floración entre los distintos ensayos se pueden explicar por la influencia del fotoperiodo. El maíz, responde al fotoperiodo como una especie cuantitativa de día corto, fotoperiodos cortos resultan en una inducción floral más rápida (Kiniry *et al.*, 1983). Esta respuesta, generalmente es contrarrestada por el efecto de la temperatura, pero se manifiesta cuando la fenología se expresa en tiempo térmico. Este tipo de respuesta evitaría que el ciclo se acorte excesivamente en razón del aumento de temperatura asociado con el atraso de la fecha de siembra (Cárcova *et al.*, 2003a). En las fechas de siembra tardía el cultivo experimentó fotoperiodos más largos que prolongaron el tiempo térmico hasta la inducción floral del ápice. Vega y Satorre (2010) encontraron diferencias de tiempo térmico entre fechas de siembra de Octubre y Diciembre en el período emergencia – floración en híbridos de maíz evaluados en el norte de la provincia de Buenos Aires.

Si analizamos el ciclo a antesis en días calendario se observa que en los ensayos de fechas de siembra tardía los genotipos llegaron a floración en menor cantidad de días en comparación con los ensayos Pergamino 1 y Pergamino 2. En el ensayo Pergamino 1, los genotipos presentaron un promedio de 115 días para alcanzar la floración, mientras que este período se acortó a 92 días en Pergamino 2 y 71 días en Pergamino 3. Esto podría explicarse por las mayores temperaturas registradas en las fechas de siembra tardía.

Otegui *et al.* (1995) citan valores de 96 y 104 días desde siembra a antesis en 2 híbridos de maíz de diferente madurez relativa sembrados agosto en el norte de la provincia de Buenos Aires. Estos mismos híbridos requirieron solo 58 y 76 días cuando fueron sembrados en noviembre en la misma localidad.

La localidad de Marcos Juárez presentó valores medios de tiempo térmico a floración similares a los encontrados en Pergamino 1 y Pergamino 2, sin embargo, cuando se analiza la duración del período en días calendario se observa que fue menor al encontrado en los tres ensayos de Pergamino. Las líneas requirieron aproximadamente 60 días para alcanzar la antesis. Esto puede explicarse por las mayores temperaturas registradas en la localidad de Marcos Juárez en los meses de enero y febrero principalmente (Anexo – Cuadro 2).

Andrade *et al.* (1996) encontraron una relación lineal entre la velocidad de desarrollo de maíz desde la emergencia del cultivo hasta la iniciación floral en el ápice y la temperatura, entre una temperatura base a la cual la tasa de desarrollo es nula y una temperatura óptima a la cual se alcanza la máxima tasa de desarrollo.

#### VII.1.5.- Período de llenado de granos (R1-MF)

La variable R1-MF mostró diferencias altamente significativas entre los genotipos evaluados en todos los ensayos. La mayor variabilidad en el período de llenado se observó en los ensayos Pergamino 1, Pergamino 2 y Marcos Juárez. El rango entre los valores mínimos y máximos observados en estos ensayos fue de aproximadamente 400 °C día. Mientras que en el ensayo Pergamino 3, el rango entre los valores mínimos y máximos fue de solo 266 °C día.

El período de llenado más corto se registró en el ensayo Pergamino 3, con una media de 538,65 °C día. La duración del período entre la floración y la madurez fisiológica depende principalmente de la temperatura a través de su efecto sobre la tasa de llenado del grano (Cirilo y Andrade, 1996; Kiniry y Bonhomme, 1991).

En el ensayo Pergamino 3, el período de llenado fue de aproximadamente 135 °C día menor que los otros ensayos. Este acortamiento se podría atribuir a las altas temperaturas registradas durante fines de marzo y principios de abril. En siembras muy tardías, como las experimentadas en el ensayo Pergamino 3, el período de llenado de granos se puede interrumpir provocando una disminución del tiempo térmico entre floración y madurez fisiológica (Cirilo y Andrade, 1996; Maddonni *et al.*, 1998). En el ensayo Pergamino 1 y 2 esta variable mostró valores similares de tiempo térmico, 686,54 y 669,54 °C día, respectivamente. Estos valores representan aproximadamente un 40 % del ciclo total, mientras que los 538,65 °C día representan solamente el 28 % del ciclo total registrado en Pergamino 3.

En el ensayo de Marcos Juárez, el período de llenado de granos promedio tuvo los valores similares a los encontrados en Pergamino 1 y 2. La media fue de 671,11°C día con valores extremos de 380,55 y 880,7 °C día. Estos valores representan aproximadamente un 40 % del ciclo total, sin embargo hay genotipos en los cuales el período de llenado representó un 56 % del ciclo y otros en los cuales constituyó solo un 30 % del ciclo completo a madurez fisiológica. Cirilo y Andrade (1994a) citan valores de porcentaje de llenado de granos en

relación al ciclo total de 45 a 54 % en híbridos de maíz sembrados en Balcarce en diferentes fechas de siembra.

#### VII.1.6.- Ciclo completo a madurez fisiológica (MF)

La variable MF mostró diferencias altamente significativas entre los genotipos evaluados en todos los ensayos. La mayor variabilidad en el ciclo completo de siembra a madurez se observó en los ensayos Pergamino 1 y Marcos Juárez. El rango entre los valores mínimos y máximos registrados en estos ensayos fue de aproximadamente 400 °C día. Mientras que en los ensayos Pergamino 2 y Pergamino 3, el rango entre los valores mínimos y máximos fue de aproximadamente 150 °C día.

Los ensayos Pergamino 1 y Pergamino 2 tuvieron un ciclo completo a madurez fisiológica similar, tanto en el tiempo térmico a floración como en el período de llenado de granos. En el ensayo Pergamino 3 hubo genotipos que mostraron un ciclo a madurez mayor, con valores de aproximadamente 100 °C día más a los medidos en los otros ensayos. El incremento en los grados días a madurez se debió a un aumento del período emergencia del coleoptilo – antesis de aproximadamente 180 °C día y a un acortamiento del período siembra – emergencia y del llenado de granos.

Analizando los días calendario, el ciclo más largo se registró en Pergamino 1, con un ciclo completo de 162 días en el promedio de los genotipos. El ensayo Pergamino 2 presentó el ciclo más corto con una media de 122 días. El ensayo Pergamino 3 tuvo un ciclo intermedio, 130 días desde la siembra a madurez fisiológica. Esta variación se debió principalmente al efecto de la temperatura sobre la tasa de desarrollo del maíz. El tiempo en el que el cultivo alcanza un estadio de desarrollo no es constante y, en general, ocurre más rápidamente a medida que aumenta la temperatura (Carcova *et al.*, 2003a). Otegui *et al.* (1995), citan valores de madurez fisiológica de 156 y 167 días en dos híbridos de maíz sembrados en agosto en el norte de la provincia de Buenos Aires. Mientras que los mismos híbridos tuvieron una duración de 119 y 133 días cuando se sembraron en noviembre. En la primera fecha de siembra de Pergamino, las temperaturas fueron muy bajas al inicio del ciclo, mientras que en el ensayo Pergamino 3 sembrado en enero, las bajas temperaturas se registraron hacia el final del ciclo. En el ensayo Pergamino 2, los genotipos experimentaron durante su desarrollo temperaturas medias mayores, lo cual provocó el acortamiento del ciclo medido en días calendario.

El ensayo de Marcos Juárez presentó valores de tiempo térmico a madurez similares a Pergamino 1 y Pergamino 2, tanto en el período desde la emergencia a floración como en el llenado de granos. Cuando analizamos la duración del ciclo en días calendario, este tuvo la menor de los cuatro ensayos, con una media de solo 105 días. Las altas temperaturas medias registradas en esta localidad aceleraron el desarrollo de cultivo acortando el tiempo requerido para alcanzar la madurez.

#### VII.1.7.- Asincronía floral

La variable ASI mostró diferencias altamente significativas entre los genotipos evaluados en todos los ensayos. Los valores más bajos se registraron en el ensayo Pergamino 3 con una media de 11,61 °C día. El período de floración se produjo durante el mes de Marzo con temperaturas medias de 12, 9 °C, estos valores indican que el período de Antesis a R1 medio fue inferior a un día. Por otra parte, en el ensayo de Marcos Juárez, la asincronía floral media fue de 27,71 °C día. Teniendo en cuenta las temperaturas medias durante el período de floración (24,5 °C) este valor representa aproximadamente un día calendario.

Analizando el intervalo Antesis – R1, se observa que el 10 % de los genotipos evaluados tuvo un ASI de -25,6 °C día o menor, mientras que el mismo porcentaje de genotipos tuvieron un ASI de 93,3 °C día o mayor. En algunos casos se observaron valores extremos de asincronía floral del orden de los 300 °C día en genotipos con pobre performance agronómica que fueron desarrollados con fines específicos. Estos se observaron principalmente en el ensayo de Marcos Juárez, donde las altas temperaturas registradas durante la floración podrían haber producido un cambio en el tiempo térmico a floración femenina que alargó el intervalo Antesis – R1. Tollenaar (1977), encontró que ante situaciones de estrés, el maíz puede postergar ligeramente la liberación del polen, pero el mayor retraso ocurre en la floración femenina.

A diferencia del resto de las variables, ASI tuvo valores muy elevados en el coeficiente de variación del error. Esto podría deberse a que involucra dos variables para su cálculo y un pequeño desvío de alguna de ellas o en ambas provoca un cambio relativamente grande en el desvío estándar del error que afecta directamente el coeficiente de variación. Para obtener valores más confiables de ASI sería necesario medir la floración diariamente, o incluso si las temperaturas son muy elevadas tendrían que realizarse dos mediciones diarias.

Valores de ASI de entre 2,67 a 10,67 días calendario fueron documentados por Kahiu *et al.* (2013) en líneas endocriadas de maíz. Mientras que Bolaños *et al.* (1996) reporta valores de ASI de 2,3 a 8,3 días calendario con desvíos estándar de 1,2 y 4,7 en poblaciones S3 de maíz tomando mediciones diarias sobre parcelas y registrando la fecha cuando el 50% de las plantas alcanzan el estado fenológico de antesis y floración femenina.

## VII.2.- Análisis de los componentes genéticos

Los caracteres fenológicos como el tiempo térmico entre la emergencia del cultivo y la antesis o el período de llenado de granos, al igual que la mayoría de los caracteres de importancia agronómica, son caracteres de herencia compleja. Estos caracteres están controlados por un número grande de genes de efecto pequeño, y su expresión sobre el fenotipo está influenciada significativamente por la variación ambiental (Acquaah, 2007). Los mismos muestran una variación fenotípica continua atribuible a la influencia de la varianza genotípica, a la varianza ambiental y a la varianza de la interacción del genotipo con el ambiente (Fehr, 1987).

Cuando se trabaja con una población que es uniforme genéticamente, como son las líneas homocigotas, las mediciones que se realizan sobre el carácter estudiado dentro de cada genotipo, presentan cierto grado de variación. Esta variabilidad solo puede atribuirse a causas aleatorias o de tipo “ambiental”. En este efecto ambiental se incluyen errores en la medición del carácter y los efectos de la variabilidad micro ambiental (Mariotti, 1986). Para determinar la variabilidad que se debe a efectos genéticos se resta a la variabilidad fenotípica medida la variabilidad ambiental estimada (Falconer, 1952). La variabilidad ambiental que incide sobre la varianza fenotípica de la población en estudio se estima mediante un análisis de la varianza en un diseño experimental replicado.

El efecto de la interacción genotipo ambiente está presente siempre, si no se estima, la varianza de la interacción estará inserta dentro de la varianza genotípica modificándola, por lo que se sobredimensionaría la varianza genotípica y por lo tanto la heredabilidad del carácter. Para estimar la varianza de la interacción genotipo ambiente, es necesario hacer evaluaciones de los genotipos en diferentes ambientes (Suarez, 2011).

La estimación de la varianza genotípica y la heredabilidad de los caracteres estudiados en la población es de interés y utilidad para los fitomejoradores en cualquier programa de

mejoramiento al momento de seleccionar aquellos genotipos con características favorables (Mariotti, 1986).

Los componentes de la varianza fueron altamente significativos en todas las variables evaluadas. En las variables EC-A, R1, R1-MF y MF la varianza atribuible a los efectos genotípicos fue alta, lo cual resultó en valores de heredabilidad en sentido amplio relativamente elevados ( $H^2$  EC-A = 89,5 %,  $H^2$  R1 = 90,7 %,  $H^2$  R1-MF = 69,3 %,  $H^2$  MF = 73,3 %). Valores de heredabilidad similares a los encontrados aquí fueron hallados por Castañón y Moreno (2004) y Hallauer y Miranda (1988) en familias S1 de maíz y líneas endocriadas para la variable días a floración masculina.

La variable ASI presentó valores elevados de varianza ambiental y varianza de la interacción genotipo ambiente en relación con varianza genotípica, lo cual resultó en un menor valor de heredabilidad (49,3 %). Lorea *et al.* (2014), citan valores de heredabilidad en sentido amplio similares a los obtenidos aquí, de 47% en líneas S1 de maíz evaluadas en la localidad de Pergamino. Los menores valores de heredabilidad obtenidos en esta variable pueden deberse en parte a que se emplean dos variables que para su cálculo (anthesis y floración femenina).

La variable S-EC presentó el valor más bajo de heredabilidad (33,3 %). La alta proporción de la varianza ambiental dentro de los componentes de la varianza podría explicar el bajo valor obtenido en esta variable. Dentro de la varianza ambiental se encuentran los errores en la medición y los efectos de la variabilidad micro ambiental propia de los experimentos a campo.

En el ambiente Pergamino 1 (fecha de siembra temprana), los genotipos que se destacaron por presentar un menor período de emergencia del coleoptilo relativamente corto, no fueron los mismos que lograron emerger primero en el ambiente Pergamino 2, donde la temperatura del suelo fue óptima para la germinación del maíz.

### VII.3.- Análisis multivariado en los 4 ensayos

#### VII.3.1.- Correlaciones de Pearson

Las variables EC-A y R1 presentaron alta correlación negativa y altamente significativa con la variable R1-MF en todos los ensayos, indicando que los genotipos que fueron más precoces a Antesis tuvieron un período de llenado de granos más largo.

El ciclo completo a madurez fisiológica presentó correlación positiva con el tiempo térmico a floración femenina y antesis en todos los ambientes. En los ensayos Pergamino 1 y Marcos Juárez presentó además correlación positiva con el período de llenado de granos.

En el ensayo Pergamino 1, la variable S-EC se correlacionó negativamente con las variables EC-V1 y V1-V6, indicando que los genotipos que primero emergieron tuvieron un mayor requerimiento en grados días entre la emergencia y la expansión de la primera hoja. Estos genotipos también tuvieron un desarrollo más lento en el período V1-V6.

La variable SF evaluada en Pergamino 1 mostró una leve correlación positiva con el tiempo térmico a floración femenina. Indicando que los genotipos más afectados por las bajas temperaturas tuvieron un ciclo a floración más largo. Posiblemente las bajas temperaturas causaron un mayor impacto sobre la tasa de desarrollo en los genotipos de mayor ciclo.

En el ensayo Marcos Juárez y Pergamino 2 se observaron las mayores correlaciones entre la variable ASI y R1. Los genotipos más asincrónicos tuvieron un período de siembra a floración femenina más largo. Probablemente, el atraso en la floración femenina fue mayor en los genotipos de ciclo más largo provocando un mayor desfase entre la antesis y R1.

Esta correlación, se pudo haber detectado en Pergamino 2 y Marcos Juárez debido a que en ambos ambientes se produjeron las mayores temperaturas durante la floración, y los valores de ASI fueron mayores a los medidos en otros ambientes.

#### VII.3.2.- Análisis de Componentes Principales

El Análisis de Componentes Principales (ACP) se realizó con el objetivo de explicar la variabilidad de los genotipos en estudio con respecto a todas las variables utilizadas. Esta metodología permite hacer una síntesis de la información y reducir el conjunto de variables correlacionadas en un conjunto de variables no correlacionadas llamadas Componentes

Principales (CP). Los CP son una combinación lineal de las variables originales independientes entre sí.

Si bien las medidas sobre las diferentes variables están en la misma escala, las variancias son de magnitudes diferentes. En este caso Khattree y Naik (2000) sugieren el uso de una matriz de correlación como punto de partida del ACP.

Los Biplot conformados por la Componente Principal uno (CP1) y dos (CP2) explican un porcentaje razonable de la variabilidad total en todos los ambientes, entre 55 y 78,2%. El valor más bajo obtenido en el ambiente Pergamino 1 podría deberse a que hay más variables incluidas en el ACP. Estos porcentajes indican que el ACP es suficiente para representar confiablemente las relaciones entre los genotipos evaluados y las variables medidas (Arroyo *et al.*, 2005). Porcentajes de variabilidad explicada por el ACP de 67% y 74% fue reportada por Delucchi *et al.* (2010) en variedades de maíz y Rimieri *et al.* (2010) en líneas de maíz, respectivamente.

Debido a que las varianzas de los diferentes parámetros tenidos en cuenta para el análisis tuvieron diferentes magnitudes, se utilizaron datos estandarizados. En estos casos, la longitud de los vectores correspondientes a las variables no es de interés (Balzarini *et al.*, 2005).

En el ambiente Pergamino 1, la CP1 explica el 29,4 % de la variabilidad total y está compuesta principalmente por las variables EC-A, SF, MF y R1-MF. La CP2 explica el 25,6 % de la variabilidad total y está compuesta principalmente por las variable R1-MF y MF.

Entre los genotipos de ciclo más largo a floración y con un período de llenado más corto se destacan le117, le100, le229, le169, le77, le127 y le93, con valores medios de 1093,6 °C día en el período EC-A y 558,7 °C día en el período de llenado de granos. Comparando estos valores con la media de la población podemos mencionar que el tiempo térmico a floración es aproximadamente 169 °C día más alto y el tiempo térmico en el período de llenado de granos es 127 °C día más bajo en los genotipos nombrados.

Entre los genotipos que mostraron un ciclo más corto a floración y con mayor período de llenado se encuentran le57, le175, le197 y le98 con valores de tiempo térmico a floración de

aproximadamente 104 °C día más bajos y un período de llenado de 159 °C día más largo comparándolos con el promedio de todos los genotipos.

Los genotipos que tuvieron un menor valor de SF también se destacaron por presentar un período de siembra a emergencia más rápido en condiciones sub-óptimas que el promedio de la población. Entre estos genotipos se destacan le268, le198, le267, le232, le88, le234, le267 y le76 con valores de SF de 0,78 puntos y S-EC de 12 °C día más bajos que la media de los genotipos evaluados. Teniendo en cuenta las temperaturas registradas en Pergamino a fines de agosto y principios de septiembre, 12 °C día representan aproximadamente tres días de diferencia con los valores medios de emergencia encontrados.

Los genotipos más susceptibles a las bajas temperaturas tendieron a alargar el ciclo fenológico a floración, posiblemente debido al daño causado por las mismas durante el período vegetativo transcurrido entre la emergencia del cultivo y el estado fenológico V6.

En el ambiente Pergamino 2, la CP1 explica el 53,1% de la variabilidad total y está compuesta principalmente por las variables EC-A y R1-MF. La CP2 explica el 25,1 % de la variabilidad total y compuesta principalmente por las variables MF, R1-MF y ASI.

Se destacan los genotipos le243, le167, le203, le255, le122, le105, le106, le89, 157, 169 y 244 con un período a floración de 113 °C día mayor y un período de llenado de granos de 90 °C día menor con respecto al promedio de los genotipos. Entre los genotipos que mostraron un ciclo más corto a floración y con mayor período de llenado se encuentran le268, le101, le111, le257, le57 y le182 con un período de floración de 108 °C día menor y un período de llenado de granos de 113 °C día mayor con respecto al promedio de los genotipos.

Los genotipos que presentan mayor grados día a madurez fisiológica y valores de ASI más altos se encuentran en el extremo superior derecho del gráfico, ya que estas dos variables tienen importancia en la CP1 y en la CP2. Entre los genotipos con un ciclo completo más corto se destacan le72, le123, le145, le137 y le240 con una diferencia de 70 °C con respecto al promedio de los genotipos. Los mismos también se destacan por presentar valores bajos de ASI.

En el ambiente Pergamino 3, la CP1 explica el 51,9 % de la variabilidad total y está compuesta principalmente por las variables EC-A, R1-MF y MF. Mientras que la CP2 explica el 24,7 % de la variabilidad total y compuesta totalmente por la variable ASI.

Se destacan los genotipos le158, le264, le20, le54, le208, le196, le29 y le125 con un período a floración de 108 °C día mayor y un período de llenado de granos de 72,5 °C día menor con respecto al promedio de los genotipos. Los genotipos que mostraron un ciclo más corto a floración y con mayor período de llenado se encuentran a la izquierda del gráfico. Se destacan le182, le251, le240, le249, le252, le247, le242, le209, le248, le237 y le250 con un período de floración de 149 °C día menor y un período de llenado de granos de 104 °C día mayor con respecto al promedio de los genotipos.

Los genotipos con menor tiempo térmico entre Antesis y R1 los podemos ver en la parte inferior del gráfico. En los genotipos le124, le126, le224, le171 y le234 la floración femenina ocurrió antes que la masculina, presentando valores negativos de ASI.

En el ambiente Marcos Juárez, la CP1 explica el 39,2 % de la variabilidad total y está compuesta principalmente por las variables EC-A y R1-MF. La CP2 explica el 36,1 % de la variabilidad total y está compuesta principalmente por la variable MF.

Los genotipos con un ciclo más largo a floración y con un período de llenado más corto se encuentran en el sector izquierdo del gráfico. Se destacan los genotipos le244, le122, le159, le178, le118, le193 y le194 con un período a floración de 121 °C día mayor y un período de llenado de granos de 119 °C día menor con respecto al promedio de los genotipos. Los genotipos que mostraron un ciclo más corto a floración y con mayor período de llenado se encuentran a la derecha del gráfico. Se destacan los genotipos le253, le98, le186, le187, le188, le59, y le141 con un período a floración de 70,4 °C día menor y un período de llenado de granos de 127 °C día mayor con respecto al promedio de los genotipos.

Los genotipos le61, le74, le129, le84, le220, le85 y le182 se destacan por presentar un ciclo completo a madurez de 164 °C día menos que el promedio de los genotipos. Esta reducción del ciclo estuvo influenciada en gran parte por un acortamiento en el período de llenado de granos, el cual fue de 96 °C día más bajo que el promedio.

#### VII.4.- Análisis de la interacción genotipo ambiente

El análisis de interacción genotipo ambiente se realizó para las variables EC-A, R1-MF, MF y ASI. La variable S-EC no se analizó ya que presentó diferencias significativas en dos ambientes. La variable R1 tampoco se analizó por ser muy similar a EC-A. Se determinó que tanto el efecto del genotipo como la interacción genotipo ambiente fueron significativos. Se encontró interacción de cruce, es decir, no hubo un genotipo que presente un ciclo más corto o un valor de ASI más bajo en todos los ambientes evaluados. Si este hubiera sido el caso, un solo ambiente sería suficiente para encontrar el genotipo más precoz (Crossa y Cornelius, 1997).

Las variables se analizaron mediante el método GGE Biplots. El mismo permite eliminar el efecto del ambiente y focalizar en los efectos de genotipos e interacción. Es aconsejable cuando los ambientes constituyen la fuente de variación más importante, hecho muy común en la práctica (Cravero, 2016).

Los GGE biplot se construye a partir de las primeras dos componentes principales del modelo de regresión por sitio. Generalmente, la CP1 representa una respuesta de los cultivares que son proporcionales a través de los ambientes las cuales se asocian con la IGA sin cambio de rango, mientras que la CP2 representa respuesta de los cultivares no proporcionales a través de los ambientes, es decir aquellas responsables de la IGA con cambio de rango (Yan *et al.*, 2000).

La existencia de alta correlación entre las medias de los genotipos y la CP1 indicaría que los cultivares con valores altos en esta componente tienden a tener, en este caso, un ciclo más largo de madurez fisiológica, antesis, periodo de llenado o mayores valores de ASI. Los ambientes con CP1 altos y CP2 cercanos a cero facilitan la identificación de dichos cultivares.

En las variables EC-A, R1-MF y MF se encontró una alta correlación entre los valores de la CP1 y la media de los genotipos. Los genotipos con bajos valores de CP1 presentan en todos los ambientes un tiempo térmico menor en estas etapas fenológicas que los genotipos con valores altos de CP1. El intervalo entre la antesis y la floración femenina también tuvo una alta correlación con los valores de la CP1. Los genotipos con valores bajos en esta componente presentan los menores valores de ASI en los cuatro ambientes evaluados.

En el Biplot, la longitud del vector desde el origen hasta el marcador de un ambiente, es una medida de la capacidad del ambiente para discriminar entre los genotipos. En todas las variables, los ambientes más discriminantes fueron Pergamino 1 y Marcos Juárez, en los cuales la fecha de siembra fue precoz y tardía, respectivamente.

La longitud de una determina etapa fenológica de un genotipo en un ambiente es mayor que la media si el ángulo entre el vector genotipo y vector ambiente es menor de  $90^\circ$ . Trazando una perpendicular entre los genotipos y el vector de cada ambiente se puede diferenciar a los genotipos de mayor ciclo para el ambiente en cuestión. Los genotipos en los cuales la perpendicular se acerca más al vector de un ambiente son lo de mayor ciclo para ese ambiente.

Para investigar mega ambientes se traza un polígono entre los genotipos extremos que se encuentran más alejados del origen de Biplot. Luego los diferentes mega ambientes quedan diferenciados por las perpendiculares que se trazan desde el origen hasta la recta del polígono. Los genotipos que se encuentran en los vértices tienen vectores más largos en sus respectivas direcciones y presentan los valores más altos en la variable evaluada para todos los ambientes que pertenecen al sector.

En la variable EC-A, se pudieron identificar tres mega ambientes. En uno de ellos tenemos el ambiente Pergamino 1 (mega ambiente A), en otro el ambiente Pergamino 2 (mega ambiente B), y un tercer mega ambiente donde se encuentran los ambientes con fechas de siembra tardía, Pergamino 3 y Marcos Juárez (mega ambiente C).

Los genotipos más precoces a floración fueron le182, le176, le188, le98 y le230 en el mega ambiente A. En el mega ambiente B, los genotipos más precoces fueron le182, le176, le188, le98 y le230. Mientras que en el mega ambiente C, los más precoces fueron le182, le98, le188, le175, le176 y le199. Hay genotipos que se destacan por presentar un ciclo corto a floración en los tres mega ambientes. Estos genotipos (le182, le176, le188, le98 y le230) presentan valores bajos en la CP1 y se comportan como más precoces en todos los ambientes.

Los genotipos que se encuentran en el extremo derecho del gráfico forman un ángulo agudo en todos los ambientes, lo cual indica que se comportaron como menos precoces que la media. Mientras que los genotipos ubicados en el extremo izquierdo del gráfico forman un ángulo obtuso con todos los ambientes, indicando que estos genotipos tuvieron un ciclo a floración más corto que la media de los genotipos en todos los ambientes.

En la variable R1-MF, se pudieron identificar dos mega ambientes, uno formado por los ambientes Pergamino 1 y Pergamino 2 (mega ambiente A), y un segundo formado por los ambientes con fechas de siembra tardía, Pergamino 3 y Marcos Juárez (mega ambiente B).

Los genotipos con un período de llenado más corto fueron le117, le100, le177, le93 y le19 en el mega ambiente A. En el mega ambiente B, los genotipos con menor período de llenado fueron le131, le61, le244 y le208.

Al analizar el ciclo mediante la variable MF, se pudieron identificar tres mega ambientes, uno formado por el ambiente Pergamino 1 (mega ambiente A), otro formado por los ambientes Pergamino 2 y Pergamino 3 (mega ambiente B) y un tercer mega ambiente donde se encuentra el ambiente Marcos Juárez.

Los genotipos que presentaron un ciclo completo más corto fueron le198 y le259 en el mega ambiente A. En el mega ambiente B, los genotipos más precoces fueron le182, le61 y le113. Mientras que en el mega ambiente C, los más precoces fueron le61, le182, le113 y le129.

En la variable ASI, se pudieron identificar dos mega ambientes, uno formado por los ambientes Pergamino 1 y Pergamino 2 (mega ambiente A), y un segundo formado por los ambientes con fechas de siembra tardía, Pergamino 3 y Marcos Juárez (mega ambiente B).

Los genotipos con valores más bajos en el mega ambiente A fueron le28, le146, y le257, donde la floración femenina ocurrió antes que la antesis. En el mega ambiente B, los genotipos con menor asincronía floral fueron le253, le109, le153, le264 y le260.

La importancia de tener genotipos con bajos valores de ASI radica en un hallazgo del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), donde se encontró que las plantas con mayor sincronía floral resultaban también más resistentes a diversos tipos de estrés, como la sequía (Castleberry y Lerette, 1979) o la alta densidad poblacional (Dow *et al.*, 1984) y a otros tipos de estrés.

#### VII.5.- Selección de líneas

En cada condición de cultivo se eligieron las variables teniendo en cuenta el objetivo de selección y la variabilidad en el germoplasma estudiado en dichas variables. Cuantos más caracteres se consideran para la selección simultáneamente, menor es el diferencial de

selección para cada uno de ellos. Por esta razón, es importante incluir solamente aquellas variables que contribuyan sustancialmente al valor económico (Urioste, 2010).

Se armaron dos grupos de genotipos dentro de cada condición de cultivo. En cada grupo se eligieron dos variables a mejorar que no mostraron correlación. La elección de realizarla selección en dos grupos brindaría la posibilidad de mejorar cada uno por separado y luego derivar líneas endocriadas con características favorables para cada condición de cultivo.

La selección se hizo utilizando el índice de selección modificado (Smith *et al.*, 1981), y los pesos económicos se asignaron a cada variable de acuerdo a la importancia relativa de cada una en la selección. En cada caso, se realizaron varias pruebas variando los pesos económicos y se llegó a la conclusión que la mayor ganancia de selección se obtenía con los pesos económicos utilizados.

En la condición de cultivo 1, siembras tempranas y doble cultivo, se tuvo en cuenta la emergencia del coleoptilo (S-EC) y el comportamiento bajo condiciones de temperaturas sub-óptimas (Score Frio) en el grupo A, mientras que en el grupo B se consideró el ciclo completo a madurez fisiológica (MF) y la asincronía floral (ASI) del ambiente Pergamino 1.

Las bajas temperaturas registradas durante el período posterior a la siembra y durante las primeras etapas de desarrollo del cultivo en el ensayo Pergamino 1, permitieron identificar genotipos con menores requerimientos de tiempo térmico a emergencia y con mayor grado de tolerancia a temperaturas sub óptimas en etapas vegetativas tempranas. Esto permitió seleccionar las líneas con características favorables en condiciones de siembras tempranas en el norte de la Provincia de Buenos Aires.

El tiempo térmico a madurez fisiológica (MF) se eligió para seleccionar los genotipos más precoces. Para la implantación de un doble cultivo es necesario contar con genotipos de ciclo corto que puedan ser cosechados a fines de diciembre y permitan la implantación de un cultivo de soja o maíz en el mes de enero (Miranda y Cirilo, 2008).

La variable S-EC no se correlacionó con la variable vinculada al ciclo de cultivo (MF). Es decir, no se encontró una correlación entre los genotipos que emergieron antes y los que presentaron un ciclo relativamente corto. Por lo tanto, fue imprescindible evaluar los genotipos en un ambiente que nos permita caracterizar a los mismos frente a ambas situaciones.

La media de los genotipos selectos presentó una disminución con respecto a la población original en las variables incluidas en el índice. En el grupo A, la variable emergencia del coleoptilo pasó de los 134,6 °C día a una media de 122,44 °C día en la población selecta. Esta diferencia de 12 °C día representa un adelanto de tres días teniendo en cuenta las temperaturas registradas en Pergamino durante fines de agosto y principios de septiembre y una temperatura base de 8° C. El Score frio pasó de un valor de 2,29 a 1,42 en una escala de 1 a 5.

En el grupo B, la variable MF pasó de una media de 1742,68 °C día en la población original a 1636,52 °C día en la población selecta. Esta diferencia de 106 °C día representa un acortamiento del ciclo a madurez fisiológica de aproximadamente 9 días. La variable ASI se redujo en 8,2 °C día, la media de los individuos selectos fue de 14,58 °C día. Teniendo en cuenta las temperaturas registradas en Pergamino en el mes de diciembre, el desfase entre la floración masculina y la femenina sería de aproximadamente un día en los individuos selectos.

En la condición de cultivo 2, fecha de siembra óptima, se consideró el tiempo térmico a antesis (EC-A) y la asincronía floral (ASI) para el grupo A, para el grupo B se tuvo en cuenta el ciclo completo a madurez (MF) y la asincronía floral (ASI) del ambiente Pergamino 2.

Bajo este panorama, es necesario contar con genotipos de longitud de ciclo que permitan aprovechar al máximo los recursos durante el período crítico. Las siembras de septiembre permiten el aprovechamiento de altos niveles de radiación incidente de diciembre y principios del verano, con elevadas amplitudes térmicas, condiciones favorables para el crecimiento del cultivo y la fijación de un alto número de granos (Cirilo y Andrade, 1994b). En líneas endocriadas es esperable que la longitud del ciclo fenológico sea mayor a la de un híbrido debido a la heterosis que presenta este último (Noriega González, 2011). Por esta razón, se seleccionaron líneas de ciclo intermedio, donde la antesis se centró en la segunda quincena de diciembre. Teniendo en cuenta las temperaturas medias históricas de Pergamino, el requerimiento de tiempo térmico de emergencia a floración es de aproximadamente 902,5C°día para fechas de siembra de fines de septiembre / principios de octubre y fechas de floración de fines de diciembre.

El tiempo térmico a madurez fisiológica (MF) se eligió para seleccionar los genotipos de mayor ciclo. Si bien el rendimiento *per se* de las líneas no es tenido en cuenta para seleccionar, los híbridos de ciclo completo presentan mayor potencial de rendimiento cuando se los compara

con los híbridos más precoces en fechas de siembra de Septiembre / Octubre en el norte de la Provincia de Buenos Aires (Miranda y Cirilo, 2008).

La variable ASI fue incluida en el índice para seleccionar genotipos con menor tiempo térmico entre la floración masculina y la femenina. Además, genotipos con bajos valores en esta variable presentan tolerancia a diversos tipos de estrés como la sequía (Castleberry y Lerette, 1979) o la alta densidad poblacional (Dow *et al.*, 1984).

En el grupo A, los genotipos selectos presentan un valor medio de emergencia a floración de 885,6 °C día y una mejora del ASI de 19,8 a -1,9 °C día. Los valores negativos de asincronía floral se deben a que dentro de los genotipos selectos hay algunos que presentaron la floración femenina antes que la masculina.

En el grupo B, el ciclo completo a madurez fue de 1653,2 °C día y la asincronía floral media de los individuos selectos fue de 9,6 °C día. Teniendo en cuenta las temperaturas registradas en Pergamino hacia fines de diciembre y principios de enero, el desfase entre la floración masculina y la femenina sería menor a un día en los individuos selectos.

En la condición de cultivo 3, fecha de siembra tardía, se armaron dos grupos de líneas. En el grupo A, se tuvo en cuenta el tiempo térmico a antesis (EC-A) y la asincronía floral (ASI), mientras que en el grupo B se consideró el período de llenado de granos (R1-MF) y la asincronía floral (ASI) media de los ambientes Pergamino 3 y Marcos Juárez.

En fechas de siembra tardía, es necesario contar con genotipos de ciclo corto a madurez fisiológica a los fines de disminuir el riesgo de heladas tempranas. Los efectos negativos del desplazamiento de la floración y el llenado de los granos con el retraso de la siembra hacia momentos menos favorables serán mayores cuanto más largo sea el ciclo del híbrido empleado (Cirilo, 2001).

En el grupo A se logró disminuir el tiempo térmico a antesis en 95 °C día y una reducción en el valor medio del ASI de 21,45 a -5,33 °C día en los genotipos selectos.

En el grupo B, los genotipos selectos presentaron una disminución en el período de llenado de granos de 83 °C día con respecto a la población original. La variable ASI se mantuvo en valores similares a los de la población original, ya que se le dio una mayor importancia a las variables de ciclo.

La reducción de 95 °C día del tiempo térmico a antesis y de 83 °C día del período de llenado de granos representa una disminución del ciclo completo a madurez de aproximadamente 20 días en siembras de enero en la localidad de Pergamino y de 12 días en siembras de diciembre en la localidad de Marcos Juárez.

## VIII.- CONCLUSIONES

Dentro del germoplasma evaluado se encontró que existe gran variabilidad para la mayoría de las etapas fenológicas medidas en los cuatro ambientes. Solamente la variable emergencia del coleoptilo evaluada en los ensayos Pergamino 3 y Marcos Juárez no mostró diferencias significativas debido a las altas temperaturas medidas durante las etapas de implantación y emergencia del cultivo.

Las variables emergencia del coleoptilo – antesis y período de llenado de grano se caracterizaron por presentar un alto grado de variabilidad. Tanto la amplitud de sus valores mínimos y máximos como el desvío estándar resultaron mayores que en el resto de las variables.

El ensayo Pergamino 3 mostró el período de emergencia del coleoptilo – antesis más largo y el período de llenado de granos más corto, teniendo en cuenta el promedio de los genotipos. La influencia del fotoperiodo en la etapa inducible sería la causa principal del cambio en la longitud de la etapa EC-A, mientras que las condiciones desfavorables para la producción de asimilados (fuente) durante la segunda mitad del llenado habrían acortado la duración de esta etapa.

Hay 10 genotipos que se destacan por su comportamiento ante situaciones de temperatura sub-óptimas como las transcurridas en las etapas de emergencia del coleoptilo y crecimiento vegetativo temprano del ensayo Pergamino 1. Este ambiente permitió diferenciar genotipos muy sensibles a las bajas temperaturas mostrando síntomas muy acentuados como clorosis, daño foliar y retazo del desarrollo.

Los componentes genéticos de la varianza fueron altamente significativos para las variables S-EC, EC-A, R1, R1-MF, MF y ASI, tanto la varianza fenotípica, como la genotípica, la ambiental y la varianza de la interacción genotipo ambiente. En las variables EC-A, R1, R1-MF y MF, la varianza atribuible a los efectos genotípicos fue alta, lo cual resultó en valores de heredabilidad en sentido amplio relativamente elevados. La variable ASI presentó valores elevados de varianza ambiental y varianza de la interacción genotipo ambiente en relación con varianza genotípica, lo cual resultó en un menor valor de heredabilidad. La variable S-EC presentó el valor más bajo de heredabilidad debido a la alta proporción de la varianza ambiental dentro de los componentes de la varianza.

En el análisis de interacción genotipos ambiente se determinó que los efectos de genotipo y de interacción fueron significativos en las variables evaluadas. Se encontró interacción de cruce es decir, no hubo un genotipo que presente un ciclo más corto o un valor de ASI más bajo en todos los ambientes evaluados.

La existencia de alta correlación entre las medias de los genotipos y la CP1 indica que los cultivares con valores altos en esta componente presentan un período más largo de madurez fisiológica, emergencia - antesis, periodo de llenado o mayores valores de ASI. Los ambientes con CP1 altos y CP2 cercanos a cero facilitan la identificación de dichos cultivares.

Se identificaron grupos de líneas que presentaron características favorables en cada condición de cultivo. El índice de selección utilizado resultó en una herramienta útil para la identificación de genotipos con mejores cualidades según los objetivos buscados en cada condición de cultivo.

En la condición de siembras tempranas y doble cultivo, se identificaron 20 líneas que mostraron un período de emergencia precoz y buen comportamiento en condiciones de temperatura sub-óptimas. También se identificaron 20 líneas de ciclo corto a madurez fisiológica y valores bajos de asincronía floral. La línea le76 presentó características favorables en los dos grupos de selección.

En la condición de fecha de siembra óptima, se identificaron 10 líneas con un tiempo térmico a antesis intermedio, valores bajos de asincronía floral y un ciclo completo a madurez fisiológica relativamente largo. De esta forma se lograría aprovechar al máximo los recursos ambientales durante el período crítico.

En la condición de fecha de siembra tardía, se identificaron 20 líneas con menor tiempo térmico a antesis y valores bajos de asincronía floral. También se identificaron 20 líneas que mostraron un período de llenado de granos corto para disminuir el riesgo de heladas tempranas.

## IX.- BIBLIOGRAFIA

- Acquaaah G., 2007. Principles of plant genetics and breeding. Blackwell Publishing Ltd. Chapter 5. Variation: types, origin and scale: 75-86.
- Andrade F.H., 1995. Analysis of growth and yield of maize, sunflower and soybean grown at Balcarce, Argentina. *Field Crops Res.* 41:1-12.
- Andrade F.H., Cirilo A.G., Uhart S.A. y Otegui M.E., 1996. *Ecofisiología del cultivo de Maíz*. Editorial La Barrosa-EEA Balcarce, CERBAS, INTA-FCA, UNMP (Eds.) Dekalb Press. Buenos Aires. 292 pp.
- Arroyo A., Balzarini M., Bruno C. y Di Rienzo J., 2005. Árboles de expansión mínimos: ayudas para una mejor interpretación de ordenaciones en bancos de germoplasma. *Interciencia*, ISSN 0378-1844 Vol 30 N° 9: 550-554.
- Balzarini M., Bruno C. y Arroyo A., 2005. Análisis de ensayo agrícolas multiambientales:- Ejemplos-con-Info-Gen.-ResearchGate.  
<https://www.researchgate.net/publication/286931437>
- Balzarini M.G., Gonzalez L., Tablada M., Casanoves F., Di Rienzo J.A. y Robledo C.W., 2008. *Infostat. Manual del Usuario*, Editorial Brujas, Córdoba, Argentina.
- Blacklow W.M., 1972. Influence of temperature on germination and elongation of the radicle and shoot of corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, 12:647-650.
- Bolaños J. y Edmeades G.O., 1996. The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. *Field Crops Research* 48, 65–80.
- Cárcova J., Abeledo L.G. y López Pereira M., 2003a. Análisis de la generación del rendimiento: crecimiento, partición y componentes. En: Satorre E.H., Benech Arnold R.L., Slafer G.A., De La Fuente E.B., Miralles D.J., Otegui M.E., Savin, R. 2003. *Producción de granos: bases funcionales para su manejo*. Ed. Facultad de Agronomía. Capítulo 6 73-98.
- Cárcova J., Borrás L. y Otegui M.E., 2003b. Ciclo ontogénico, dinámica del desarrollo y generación del rendimiento y la calidad de maíz. En: Satorre, E.H.; Benech Arnold, R.L.;

Slafer, G.A.; de la Fuente, E.B.; Miralles, D.J.; Otegui, M.E. y Savin, R. 2003. Producción de granos: bases funcionales para su manejo. Ed. Facultad de Agronomía. Capítulo 8 135-163.

- Castañon G.N. y Moreno L.L., 2004. Comportamiento de familias S1 de maíz en distintos ph del suelo. *Bragantia*, Campinas. Vol 63, n.1. Páginas 63-72.
- Castleberry R.M. y Lerette R.J., 1979. Latente, a now type of drought tolerance Proc. 34 th Ann. Ind. Res. Corn and Sorghum Conf. Páginas 46-56.
- Cicchino M., Rattalino Edreira J.I. y Otegui M.E., 2010. Heat Stress during Late Vegetative Growth of Maize: Effects on Phenology and Assessment of Optimum Temperature. *Crop Sci.* 50:1431–1437.
- Cirilo A. G., 1994. Tesis de Magister Scientiae. Universidad Nacional de Mar del Plata. Argentina. 86 pp.
- Cirilo A.G., 2001. Maíces tardíos y maíz de segunda. *Revista de Tecnología Agropecuaria*. INTA Pergamino. Vol.VI Nro. 18, Segundo Cuatrimestre: Setiembre/Diciembre 2001. Pág. 44-48.
- Cirilo A.G. y Andrade F.H., 1994a. Sowing date and maize productivity: I. Crop growth and dry matter partitioning. *Crop Sci.* 34:1039-1043.
- Cirilo A.G. y Andrade F.H., 1994b. Sowing date and maize productivity. II. Kernel number determination. *Crop Science* 34:1044-1046.
- Cirilo A.G. y Andrade F.H., 1996. Sowing date and kernel weight in maize. *Crop Sci.*, 36:325-331.
- Cornelius P.L., Crossa J. y Seyedsadr M.S., 1996. Statistical test and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In M.S. Kang y H.G. Gauch, eds. *Genotypr-by-environment interaction*, p 199-234. Boca Raton, FL, CRC Press.
- Cravero V., 2016 *Mejoramiento Genético Vegetal II*. Maestría en genética vegetal. Facultad de Ciencias Agrarias. UNR.

- Crossa J. y Cornelius P.L., 1997. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. *Crop Sci.*, 37: 405-415.
- D'Andrea K.E., Otegui M.E., Cirilo A.G. y Eyhérbide G., 2006. Genotypic Variability in Morphological and Physiological Traits among Maize Inbred Lines – Nitrogen Responses. *Crop Science*, 46:1266-1276.
- Defacio R.A., Hourquescos M.J., Bramardi S.J. y Ferrer M.E., 2005. Estudio de la variabilidad en poblaciones nativas de maíz. VIII Congreso Nacional de Maíz 2005, 383 - 386.
- Defacio R., Suarez F., Lorea R. y Ferrer M., 2014. Caracterización de poblaciones nativas de maíz adaptadas a sistemas de producción de cultivos múltiples en el norte de la provincia de Buenos Aires. X Congreso Nacional de Maíz 2014, 43-44.
- Delucchi C., López C.G., Lorea R.D., Presello D.A. y Eyhérbide G.H., 2010. Evaluación de variedades locales de maíz (*Zea mays* L.) en relación con distintos grupos heteróticos. IX Congreso Nacional de Maíz 2010, 319-321.
- Di Rienzo J.A., 2005. Estadística para las Ciencias Agropecuarias. Sexta Edición. Editorial Brujas. Páginas 180 – 189.
- Dijak, M., Modarres, A.M., Hamilton, R.I., Dwyer, L.M., Stewart, D.W., Mather, D.E., Smith, D.L., 1999. Leafy reduced-stature maize hybrids for short-season environments. *Crop Sci.* 39, 1106–1110.
- Dow E.W., Daynard T.B., Muldoon J.F., Mayor D.J. y Thurtell G.W., 1984. Resistance to drought and density stress in Canadian and European maize (*Zea mays* L.) hybrids. *Can. J. Plant Sci.* 64:575-585.
- Eagles H.A. y Brooking I.R., 1981. Populations of maize with more rapid and reliable seedling emergence than Cornbelt Dents at low temperatures. *Euphytica* 30.

- Ellis R.H., Summerfield R.J., Edmeades G.O. y Roberts E.H., 1992. Photoperiod, temperature, and the interval from sowing to tassel initiation in diverse cultivars of maize. *Crop. Sci.* 32:1225-1232.
- Eyhérabide G.H., 2011. Selección para caracteres múltiples en mejoramiento vegetal. Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales. UNNOBA.
- Eyhérabide G.H., 2012. Mejoramiento genético de Maíz. En: Bases para el manejo del cultivo de maíz, páginas 57-78. Editor: Eyhérabide, Guillermo H. Ediciones INTA, 2012
- Falconer D.S., 1952. The problem of environment and selection, *Am.Nat.*, 86, 293-298.
- Falconer D.S., 1989. Introducción a la genética cuantitativa. 3° Ed. Editorial Acribia, S.A.15:268 - 275.
- FAO. 2010. Los mercados del maíz. <http://www.yara.com.ar/croptnutrition/crops/maize/informacionescencial/mercadosdelmaiz/>
- Fehr W.R, 1987. Principles of Cultivar Development. Theory and Technique. Iowa State University. Cap 7, 95:105.
- Frutos Bernal E., 2011. Interacción genotipo ambiente. GGE Biplot y modelo AMMI. Trabajo final de master. Máster en análisis avanzado de datos multivariantes. Dpto. de estadística. Universidad de Salamanca. 76 p.
- FYO. 2016. El maíz en la Argentina y el mundo. <http://news.agrofy.com.ar/especiales/maiz15-16/ventas-maiz>.
- Gabriel K.R., 1971. Biplot display of multivariate matrices with application to principal components analysis. *Biometrika*, 58: 453-467.
- Gauch H. G. y Zobel R. W., 1996. AMMI analysis of yield trials. In M.S. Kang & H.G. Gauch, eds. Genotype-by-environments interaction. p. 85-122. Boca Raton, FL, CRC Press.
- Gear J.R.E. 2006. El cultivo de maíz en la Argentina. Maíz y Nutrición. Páginas 4 – 8. ISLI Argentina.

- Hall A.J., Lemcoff J.H. y Trapani N., 1981. Water stress before and during flowering in maize and its effects on yield, its components, and their determinants. *Maydica* 26:19-38.
- Hallauer A.R. y Miranda J.B., 1988. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. 2° Ed. Iowa State University. Páginas 89 – 204.
- Hazel L.N., 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28(3). Páginas 476-490.
- Kahiu N., Cheserek J., Muchira C. y Chemining'wa G., 2013. Anthesis to Silking Interval Usefulness in Developing Drought Tolerant Maize. *JRA* 2013, 1(5): 84-90.
- Khattree R. y Naik D.N. 2000. *Multivariate Data Reduction and Discrimination with SAS® Software*. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Kiniry J.R. y Bonhomme R., 1991. Predicting maize phenology. In: *Predicting crop phenology*. Ed. T. Hodges. CRC Press. Boca Raton, Ann. Arbor. Boston. P. 115-131.
- Kiniry J.R., Ritchie J.T. y Musser R.L., 1983. Dynamic nature of the photoperiod response in maize. *Agron. J.*, 75:700-703.
- Lorea R., Solmi A. y Gonzalez C., 2014. Selección de familias s1 para caracteres asociados a sistemas de cultivos múltiples. X Congreso Nacional de Maíz 2014, 54.
- Maddonni, G. A., Otegui M.E. y Bonhomme R., 1998. Grain yield components in maize: II. Postsilking crop growth and kernel weight. *Field Crops Res.* 56:257-264.
- MAGYP. 2017. Ministerio de Agroindustria. Mercados Agroindustriales. Subsecretaría de Información y Estadística Pública. [http://www.agroindustria.gob.ar/sitio/areas/ss\\_estadistica\\_publica/](http://www.agroindustria.gob.ar/sitio/areas/ss_estadistica_publica/)
- Mariotti J.A., 1986. *Fundamentos de Genética Biométrica. Aplicaciones al Mejoramiento Genético Vegetal*. The General Secretariat of the Organization of American States. Monografía no. 32.

- Miralles D.J., Windauer L.B. y Gómez N.V., 2003. Factores que regulan el desarrollo de los cultivos de granos. En Producción de Granos. Bases funcionales para su manejo. Satorre E.H. Facultad de Agronomía. UBA. Cap 5.
- Miranda W. y Cirilo A., 2008. Posibilidades del doble cultivo Maíz-Soja de segunda en el norte de Buenos Aires. 3° Jornada de actualización técnica de Maíz, páginas 35-40.
- Mroginski E., Eyhérbide G. y Toledo M., 2010. Germinación de diferentes genotipos de maíz a bajas temperaturas. IX Congreso de Maíz 2010, páginas 347-349.
- Nielsen, R.L., Thomison, P.R., Brown, G.A., Halter, A.L., Wells, J. y Wuethrich, K.L., 2002. Delayed planting effects on flowering and grain maturation of dent corn. Agron. J. 94, 549–558.
- Noriega González L.A., Preciado Ortiz R.E., Andrio E., Terrón Ibarra A.D. y Covarrubias Prieto J., 2011. Fenología, crecimiento y sincronía floral de los progenitores del híbrido de maíz qpm h-374c\*. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas Vol.2 Núm.4. p 489-500.
- Otegui M.E., Nicolini M.G., Ruiz R.A. y Podds P.E., 1995. Sowing date effects on grain yield components for different maize genotypes. Agron J. 87:29-33.
- Otegui M.E., Ruiz R.A. y Petruzzi D., 1996. Modeling hybrid and sowing date effects on potential grain yield of maize in a humid temperate region. Field Crops Res., 47:167-174.
- Padilla J.M. y Otegui M.E., 2005. Co-ordination between leaf initiation and leaf appearance in field-grown maize (*Zea mays*): Genotypic differences in response of rates to temperature. Annals of Botany 96(6): 997-1007.
- Paliwal L. R. 2001. Introducción al maíz y su importancia. El maíz en los trópicos: mejoramiento y producción. Producido por el departamento de Agricultura de la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación. Roma, 2001. ISBN 92-5-304457-8. <http://www.fao.org/docrep/003/x7650s/x7650s02.htm>
- Rimieri P., Velazco J.G., Presello D., Cattoni I., Martinez E., Maza M.C. y Defacio C. Caracterización de líneas de maíz sileras, graníferas y sus híbridos para silaje de planta entera. IX Congreso Nacional de Maíz 2010, 366-368.

- Ritchie J.T. y NeSmith D.S., 1991. Temperature and crop development. In: Hanks R.J., Ritchie J.T., eds. Modeling plant and soil systems. Madison, Wisconsin, USA: American Society of Agronomy, 5–29.
- Ritchie S.W. y Hanway J.J., 1982. How a Corn Plant Develops. Iowa State University, Spec Rep N 48. p 21.
- Shaw R.H., 1988. Climatic requirement. In Corn and corn improvement. Ed. by G.F. Sprague and J.W. Dudley. 3. ed. Madison, ASA. Agronomy no. 18. p. 609-638.
- Smith H.F. 1936. A discriminant function for plant selection. Biometrics. Ann. Eugen. 7(2). Páginas 240-250.
- Smith O. S., Hallauer A. R. y Russell W. A., 1981. Use of index selection in recurrent selection programs in maize. Euphytica 30: 611-618.
- Solmi A., 2014. Selección de germoplasma de maíz templado adaptado a siembras tempranas en la región maicera núcleo de la República Argentina. Tesina final de grado. Universidad del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.
- Suarez F., Defacio R., Lorea R., Solmi A. y Ferrer M., 2015. Selección de poblaciones del sur de Argentina para el desarrollo de variedades de maíz que permitan la secuencia de maíz/soja. Simposio de Recursos genéticos de Latinoamérica y Caribe 2015.
- Suarez J.C., 2011. Mejoramiento Genético Vegetal. UNNOBA. Cap 3
- Tollenaar M., 1977. Sink-source relationships during reproductive development in maize. A review. Maydica 22, 49-75.
- Tollenaar M., Daynard T.B. y Hunter R.B., 1979. Effect of temperature on rate of leaf appearance and flowering in maize. Crop Sci. 19:363–366.
- Urioste J.I., 2010. Selección para más de una característica. Cardellino & Rovira. Cap 11.
- USDA. Maíz Producción Mundial 2016 / 2017. 2017. <https://www.produccionmundialmaiz.com/>

- Vega M.R. y Satorre E.H., 2010. Efectos de la Fecha de Siembra sobre el Rendimiento y Calidad Comercial del Maíz Dulce. Trabajo de Coronamiento. Especialización en Cultivos de Granos. FAUBA.
- Vinocur M.G. y Ritchie J.T., 2001. Maize leaf development biases caused by air-apex temperature differences. *Agronomy Journal* 93:767–772.
- Williams J. S., 1962. The evaluation of a selection index. *Biometrics* 18: 375-393
- Yan W., Hunt L. A., Sheng Q. y Szlavnic Z., 2000. Cultivar evaluation and megaenvironmentn investigation based on GGE Biplot. *Crop Sci.* 40: 597-605.
- Zur B., Reid J.F. y Hesketh J.D., 1989. Modeling the dynamics of a maize canopy. p. 21. In Proc. Workshop Crop Simulation, Urbana, IL. 28–29 Mar. 1989. Univ. of Illinois, Champaign-Urbana, IL.

## X.- ANEXO

### X.1.- Análisis univariados ensayo Pergamino 1

#### X.1.1.- Normalidad de las variables

La tabla 1 muestra el análisis de normalidad de las variables medidas en cada uno de los ambientes de evaluación.

Variable	Pergamino 1				Pergamino 2				Pergamino 3				Marcos Juárez			
	n	D.E.	W*	p	n	D.E.	W*	p	n	D.E.	W*	p	n	D.E.	W*	p
RDUO S-EC	512	9,17	0,99	0,0515	508	4,35	0,98	0,015	-	-	-	-	-	-	-	-
RDUO EC-V1	512	3,95	0,97	0,01	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
RDUO V1-V6	512	10,25	0,99	0,123	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
RDUO EC-A	512	22,68	0,99	0,7647	504	10,61	0,99	0,565	436	18,76	0,98	0,423	528	18,19	0,99	0,541
RDUO R1-MF	506	24,35	0,99	0,6662	504	13,56	0,99	0,487	421	25,36	0,97	0,579	492	20,96	0,99	0,62
RDUO MF	506	6,88	0,96	0,8422	504	6,79	0,98	0,18	421	4,86	0,94	0,098	492	10,27	0,94	0,057
RDUO ASI	512	14,73	0,99	0,2047	504	7,07	0,98	0,155	436	7,71	0,98	0,105	528	20,49	0,98	0,212
RDUO SF	506	3,91	0,64	0,001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Referencias: n: número de muestras evaluadas; D.E.: Desvío estándar; W: estadístico Shapiro-Wilks; RDUO S-EC: Residuos de la variable Siembra – emergencia del coleoptilo; RDUO EC-V1: Residuos de la variable Emergencia del coleoptilo – estado fenológico V1; RDUO V1-V6: Residuos de la variable Estado fenológico V1 – estado fenológico V6; RDUO EC-A: Residuos de la variable Emergencia del coleoptilo - Antesis; RDUO R1: Residuos de la variable Siembra – estado fenológico R1; RDUO R1-MF: Residuos de la variable Estado fenológico R1 – madurez fisiológica; RDUO MF: Residuos de la variable Siembra – madures fisiológica; RDUO ASI: Residuos de la variable Asincronía floral; RDUO SF: Residuos de la variable Score FRIO.

#### X.1.2.- Siembra - Emergencia del Coleoptilo (S - EC)

La tabla 2-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable S-EC.

a- Efectos Fijos:

Tabla 2-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable emergencia del coleoptilo.

N	AIC	BIC	logLik	Sigma	R2	Media	CV
505	2702,67	3613,69	-1092,34	13,56	0,59	134,63	10,09

	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	218	33006,07	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	255	218	1,44	0,0028			

La tabla 2-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b- Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 2-b. Desvíos estándar para la variable siembra - emergencia del coleoptilo.*

	Bloque	Bloque incompleto	Error
<b>Desvío Estándar</b>	< 0,001	2,40	13,56

#### X.1.3.- Estado fenológico EC-V1

La tabla 3 muestra las medidas de resumen y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable EC-V1.

*Tabla 3. Medidas de resumen y prueba de hipótesis para la variable EC-V1.*

<b>N</b>	<b>Media</b>	<b>D.E.</b>	<b>CV</b>	<b>Mín</b>	<b>Máx</b>	<b>T<sup>2</sup></b>	<b>p</b>
<b>505</b>	34,02	6,02	17,69	22,55	43,45	1,26	0,0346

#### X.1.4.- Estado fenológico V1-V6

La tabla 4-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable V1-V6.

*a- Efectos Fijos:*

*Tabla 4-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable V1-V6.*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>505</b>	2850,51	3761,53	1166,25	18,51	0,58	565,62	3,27

	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	218	471611,49	< 0,001			
<b>Genotipos</b>	255	218	1,33	0,02			

La tabla 4-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b- Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 4-b. Desvíos estándar para la variable V1-V6.*

	Bloque	Bloque incompleto	Error
<b>Desvío Estándar</b>	< 0,001	< 0,001	18,51

#### X.1.5.- Emergencia del coleoptilo – Antesis (EC – A)

La tabla 5-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable EC-A Antesis.

*a - Efectos Fijos:*

*Tabla 5-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable EC-A.*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>512</b>	3216,95	4135,15	-1349,48	33,31	0,9	920,85	3,62
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	225	391269,78	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	255	225	8,85	<0,0001			

La tabla 5-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 5-b. Desvíos estándar para la variable EC-A:*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	< 0,001	< 0,001	33,31

#### X.1.6.- Llenado de granos (R1 – MF)

La tabla 6-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable R1-MF.

*a – Efectos Fijos*

*Tabla 6-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable R1-MF*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>506</b>	3209,1	4113,64	-1348,55	35,18	0,89	686,57	5,12
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	222	582,38	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	252	222	8,08	<0,0001			

La tabla 6-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 6-b. Desvíos estándar para la variable R1-MF.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	< 0,001	3,28	35,18

#### X.1.7.- Madurez Fisiológica (MF)

La tabla 7-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable MF.

*a – Efectos Fijos*

*Tabla 7-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la*

variable MF

	<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
	<b>506</b>	2577,31	3481,86	-1032,66	9,90	0,99	1741,76	0,57
		numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>		1	222	8134012,94	<0,0001			
<b>Genotipos</b>		252	222	82,71	<0,0001			

La tabla 7-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

Tabla 7-b. Desvíos estándar para la variable MF.

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	< 0,001	2,40	9,90

#### X.1.8.- Asincronía floral (ASI)

La tabla 8-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable ASI.

*a - Efectos Fijos:*

Tabla 8-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable ASI.

	<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
	<b>511</b>	2985,92	3903,1	-1233,96	7,23	0,72	22,67	31,89
		numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>		1	224	350,89	<0,0001			
<b>Genotipos</b>		255	224	2,62	<0,0001			

La tabla 8-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 8-b. Desvíos estándar para la variable ASI.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	< 0,001	4,34	7,23

X.1.9.- Score FRIO (SF)

La tabla 9 muestra las medidas de resumen y la significancia de la prueba de hipótesis para la variable SF.

*Tabla 9. Medidas de resumen y prueba de hipótesis para la variable SF.*

<b>N</b>	<b>Media</b>	<b>D.E.</b>	<b>CV</b>	<b>Mín</b>	<b>Máx</b>	<b>T<sup>2</sup></b>	<b>p</b>
<b>508</b>	2,28	0,59	25,94	1,00	4,00	5,32	0,012

X.2.- Análisis univariados ensayo Pergamino 2

X.2.1.- Siembra - Emergencia del Coleoptilo (S - EC)

La tabla 10 muestra las medidas de resumen y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable S-EC.

*Tabla 10. Medidas de resumen y prueba de hipótesis para la variable S-EC.*

<b>N</b>	<b>Media</b>	<b>D.E.</b>	<b>CV</b>	<b>Mín</b>	<b>Máx</b>	<b>T<sup>2</sup></b>	<b>p</b>
508	87,85	14,55	16,56	55,8	130,05	9,88	<0,0001

X.2.2.- Emergencia del coleoptilo – Antesis (EC – A)

La tabla 11-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable EC-A.

*a - Efectos Fijos:*

*Tabla 11-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la*

variable EC-A.

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>504</b>	2662,43	3617,82	-1060,21	20,11	0,95	947,68	2,12
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	220	5993439	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	252	220	49,64	<0,0001			

La tabla 11-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o "Sigma

b - *Parámetros de los efectos aleatorios:*

Tabla 11-b. Desvíos estándar para la variable EC-A.

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	0,59	< 0,001	20,11

### X.2.3.- Llenado de granos (R1 – MF)

La tabla 12-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable R1-MF.

a - *Efectos Fijos*

Tabla 12-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable R1 – MF.

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>504</b>	2794,1	3696,61	-1141,05	15,98	0,94	670,87	2,38
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	220	2905,68	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	252	220	15,71	<0,0001			

La tabla 12-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 12-b. Desvíos estándar para la variable R1 – MF.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	1,44	2,02	15,98

#### X.2.4.- Madurez Fisiológica (MF)

La tabla 13-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable MF.

*a – Efectos Fijos*

*Tabla 13-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable MF*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>506</b>	2254,36	3158,90	-871,18	5,34	0,98	1706,24	0,31
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	236	43695835,89	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	252	236	45,84	<0,0001			

La tabla 13-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 13-b. Desvíos estándar para la variable MF.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	<0,0001	0,42	5,34

### X.2.5.- Asincronía Floral (ASI)

La tabla 14-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable ASI.

#### *a - Efectos Fijos*

*Tabla 14-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable ASI.*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>504</b>	2554,44	3456,96	-1021,22	5,01	0,87	19,59	25,6
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	220	0	>0,9999			
<b>Genotipos</b>	252	220	6,79	<0,0001			

La tabla 14-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

#### *b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 14-b. Desvíos estándar para la variable ASI.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	< 0,001	< 0,001	5,01

### X.3.- Análisis univariados ensayo Pergamino 3

#### X.3.1.- Emergencia del coleoptilo – Antesis (EC – A)

La tabla 15-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable EC-A.

#### *a - Efectos Fijos:*

*Tabla 15-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable EC-A.*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>436</b>	2418,69	3250,84	-947,35	31,41	0,74	1310,33	2,40
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	134	3164,54	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	258	134	4,04	<0,0001			

La tabla 15-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 15-b. Desvíos estándar para la variable EC-A.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	11,19	23,16	31,41

### X.3.2.- Llenado de granos (R1 – MF)

La tabla 16-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable R1-MF.

*a - Efectos Fijos*

*Tabla 16-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable R1 – MF.*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>421</b>	2374,68	3162,71	-938,34	31,67	0,65	542,55	5,84
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	133	415,01	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	245	133	2,77	<0,0001			

La tabla 16-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 16-b. Desvíos estándar para la variable R1 – MF.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	9,81	23,69	31,67

### X.3.3.- Madurez Fisiológica (MF)

La tabla 17-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable MF.

*a – Efectos Fijos*

*Tabla 17-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable MF*

	<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
	428	1866,05	2667,48	-682,03	7,41	0,97	1943,61	0,38
		numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>		1	138	1401342,28	<0,0001			
<b>Genotipos</b>		247	138	23,60	<0,0001			

La tabla 17-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 17-b. Desvíos estándar para la variable MF.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	2,25	1,24	7,41

#### X.3.4.- Asincronía Floral (ASI)

La tabla 18-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable ASI.

##### *a - Efectos Fijos*

*Tabla 18-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable ASI.*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>436</b>	2031,58	2863,73	-753,79	4,79	0,74	11,61	41,2
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	134	2,44	0,1205			
<b>Genotipos</b>	258	134	2	<0,0001			

La tabla 18-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

##### *b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 18-b. Desvíos estándar para la variable ASI.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	0,27	2,58	4,79

#### X.4.- Análisis univariados ensayo Marcos Juárez

##### X.4.1.- Emergencia del coleoptilo – Antesis (EC – A)

La tabla 19-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable EC-A.

##### *a - Efectos Fijos*

*Tabla 19-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable EC-A.*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>528</b>	3180,77	4135,55	-1323,39	25,59	0,93	930,88	2,75
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	221	1264262	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	263	221	21,8	<0,0001			

La tabla 19-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 19-b. Desvíos estándar para la variable EC-A.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	< 0,001	< 0,001	25,59

#### X.4.2.- Llenado de granos (R1 – MF)

La tabla 20-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable R1-MF.

*a - Efectos Fijos*

*Tabla 20-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable R1 – MF.*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>492</b>	3036,24	3909,06	-1269,12	28,84	0,90	671,14	4,29
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	203	1818,31	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	245	203	17,83	<0,0001			

La tabla 20-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 20-b. Desvíos estándar para la variable R1 – MF.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	3,98	8,95	28,84

#### X.4.3.- Madurez Fisiológica (MF)

La tabla 21-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable MF.

*a – Efectos Fijos*

*Tabla 21-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable MF*

	<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
	<b>506</b>	2157,31	2851,76	-1042,66	11,90	0,90	1719,53	0,69
		numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>		1	222	8134012,94	<0,0001			
<b>Genotipos</b>		252	222	82,71	<0,0001			

La tabla 21-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o “Sigma”.

*b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 21-b. Desvíos estándar para la variable MF.*

	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	1,85	1,19	11,90

#### X.4.4.- Asincronía Floral (ASI)

La tabla 22-a muestra las medidas de ajuste del modelo y la significancia de la prueba de hipótesis de variabilidad para la variable ASI.

##### *a - Efectos Fijos*

*Tabla 22-a. Medidas de ajuste y pruebas de hipótesis para la variable ASI.*

<b>N</b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>logLik</b>	<b>Sigma</b>	<b>R2</b>	<b>Media</b>	<b>CV</b>
<b>528</b>	3293,57	4148,35	-1379,79	11,1	0,8	27,71	40,05
	numDF	denDF	F-value	p-value			
<b>(Constante)</b>	1	221	99,48	<0,0001			
<b>Genotipos</b>	263	221	4,22	<0,0001			

La tabla 22-b muestra los desvíos estándar del bloque, bloque incompleto y el error experimental o "Sigma".

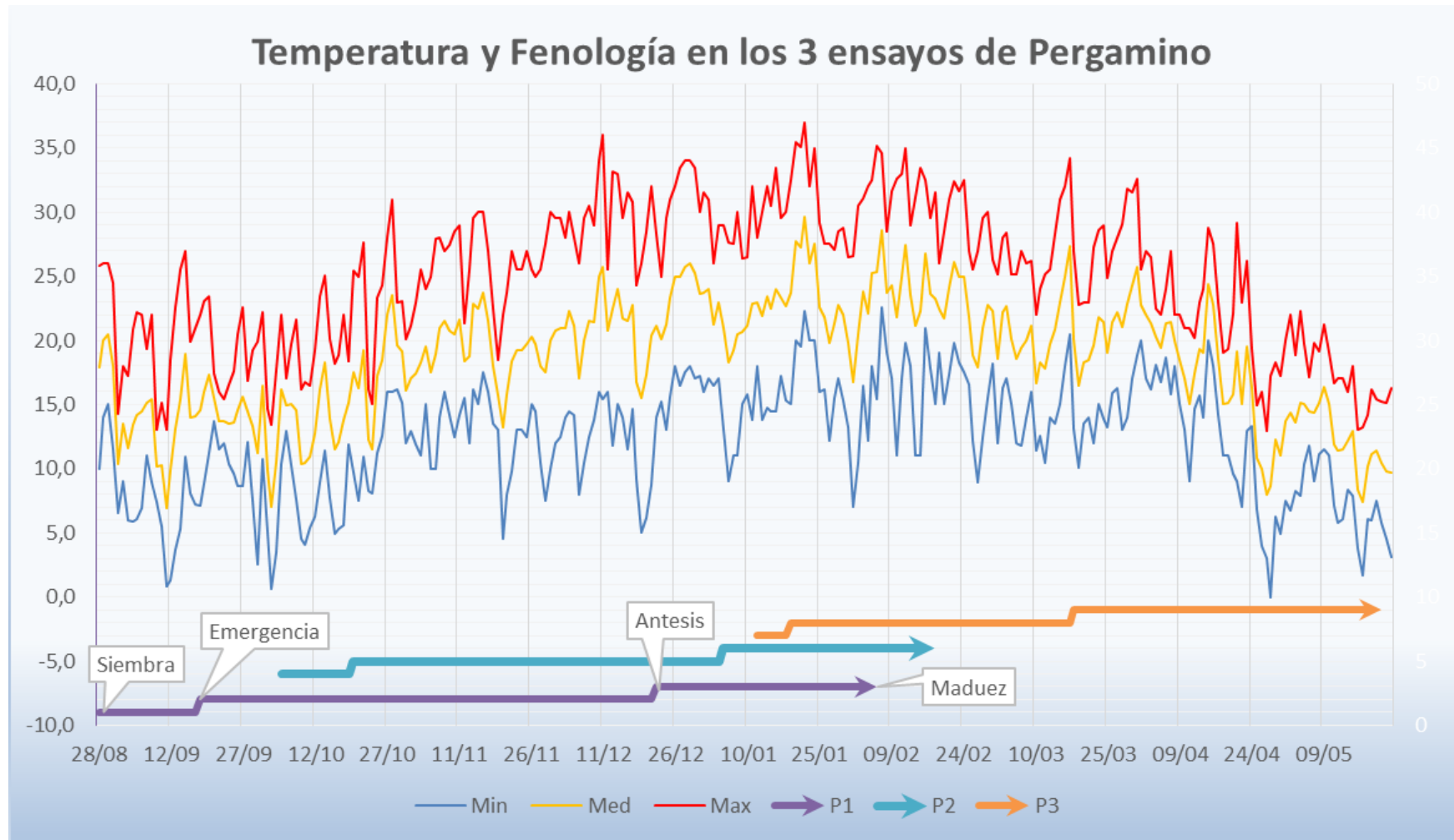
##### *b - Parámetros de los efectos aleatorios:*

*Tabla 22-b. Desvíos estándar para la variable ASI.*

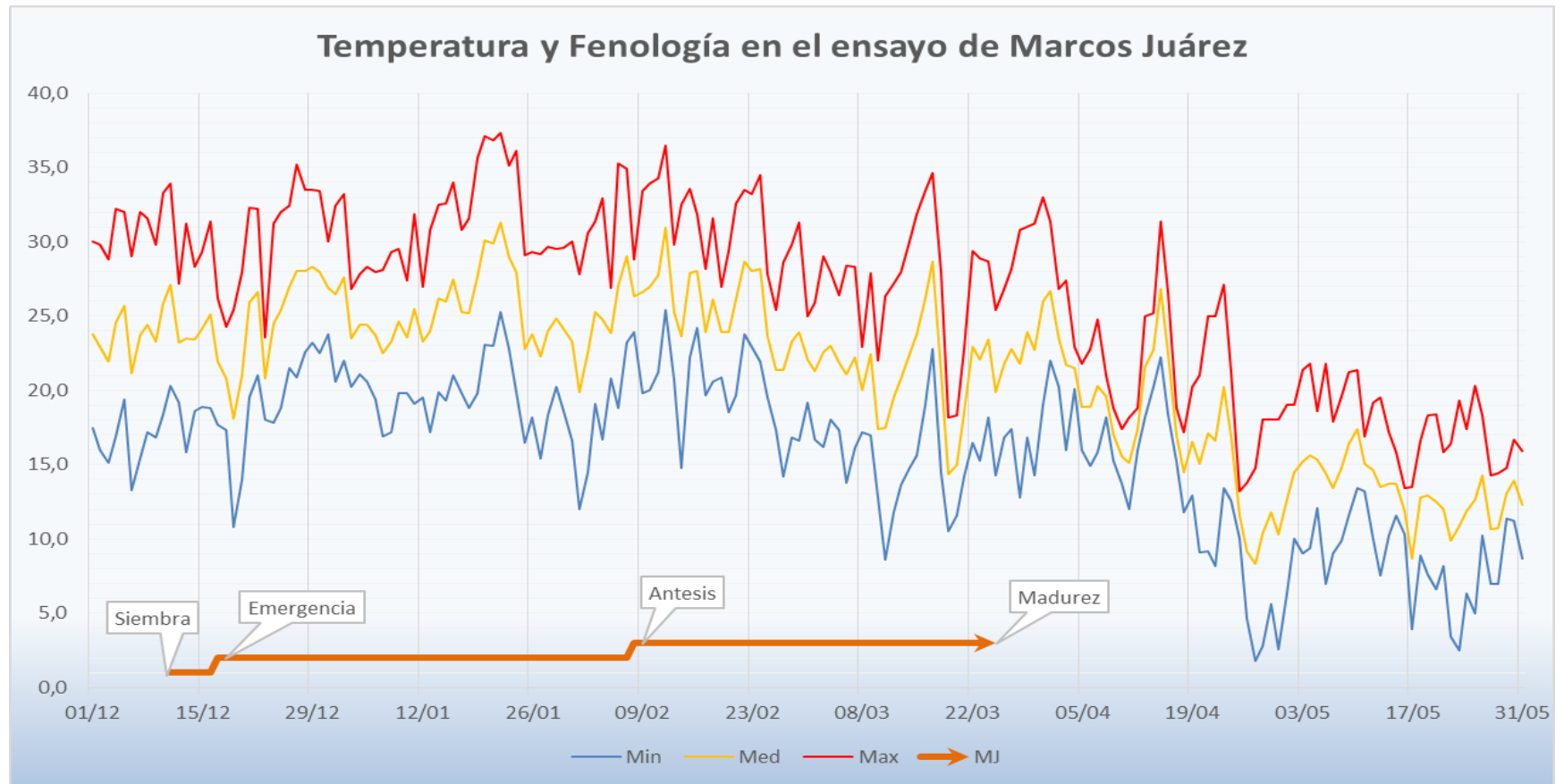
	<b>Bloque</b>	<b>Bloque incompleto</b>	<b>Error</b>
<b>Desvío Estándar</b>	3,09	7,03	11,1

#### X.5.- Condiciones ambientales en los ambientes Pergamino y Marcos Juárez para la campaña 2015/16

Cuadro 1. Temperaturas y etapas fenológicas en los tres ensayos de Pergamino.



Cuadro 2. Temperaturas y etapas fenológicas en el ensayo de Marcos Juárez.



#### X.6.- Denominación de las líneas evaluadas en los cuatro ensayos

Tabla 22. Denominación de las líneas evaluadas.

<b>Entrada</b>	<b>Línea</b>	<b>Pedigree</b>
1	le1	(7310x7266)-1-1
2	le2	(7310x7266)-1-10
3	le3	(7310x7266)-1-101
4	le4	(7310x7266)-1-102
5	le5	(7310x7266)-1-103
6	le6	(7310x7266)-1-105
7	le7	(7310x7266)-1-108
8	le8	(7310x7266)-1-109
9	le9	(7310x7266)-1-11
10	le10	(7310x7266)-1-110
11	le11	(7310x7266)-1-112
12	le12	(7310x7266)-1-115
13	le13	(7310x7266)-1-12
15	le15	(7310x7266)-1-122
16	le16	(7310x7266)-1-123
18	le18	(7310x7266)-1-125
19	le19	(7310x7266)-1-126
20	le20	(7310x7266)-1-127
21	le21	(7310x7266)-1-128
22	le22	(7310x7266)-1-129
23	le23	(7310x7266)-1-13
24	le24	(7310x7266)-1-131
25	le25	(7310x7266)-1-132
26	le26	(7310x7266)-1-134
27	le27	(7310x7266)-1-135
28	le28	(7310x7266)-1-136
29	le29	(7310x7266)-1-137
30	le30	(7310x7266)-1-15
31	le31	(7310x7266)-1-18
32	le32	(7310x7266)-1-2
33	le33	(7310x7266)-1-20
34	le34	(7310x7266)-1-22
35	le35	(7310x7266)-1-23
36	le36	(7310x7266)-1-26
37	le37	(7310x7266)-1-27
38	le38	(7310x7266)-1-28

39	le39	(7310x7266)-1-29
40	le40	(7310x7266)-1-33
41	le41	(7310x7266)-1-34
42	le42	(7310x7266)-1-38
43	le43	(7310x7266)-1-39
44	le44	(7310x7266)-1-40
45	le45	(7310x7266)-1-41
46	le46	(7310x7266)-1-44
47	le47	(7310x7266)-1-46
48	le48	(7310x7266)-1-47
49	le49	(7310x7266)-1-48
50	le50	(7310x7266)-1-49
51	le51	(7310x7266)-1-5
52	le52	(7310x7266)-1-50
53	le53	(7310x7266)-1-52
54	le54	(7310x7266)-1-53
55	le55	(7310x7266)-1-54
56	le56	(7310x7266)-1-55
57	le57	(7310x7266)-1-59
59	le59	(7310x7266)-1-60
60	le60	(7310x7266)-1-61
61	le61	(7310x7266)-1-62
62	le62	(7310x7266)-1-63
63	le63	(7310x7266)-1-65
64	le64	(7310x7266)-1-66
65	le65	(7310x7266)-1-68
66	le66	(7310x7266)-1-69
67	le67	(7310x7266)-1-70
68	le68	(7310x7266)-1-73
69	le69	(7310x7266)-1-74
70	le70	(7310x7266)-1-75
71	le71	(7310x7266)-1-76
72	le72	(7310x7266)-1-77
73	le73	(7310x7266)-1-96
74	le74	(7310x7266)-1-99
75	le75	(95.6277/6278)F2-bk25eS1-9-1-1-1-1-1##1#1-1
76	le76	[BS29 ] 04.696-1.1.1.1.1.#
77	le77	[BS29 ] 04.701-1.1.1.1.1.#
78	le78	[BSGA] 04.4060-1.1.1.1.1.##
79	le79	[BSGA] 04.4062-1.1.1.1.1.##
80	le80	[BSGA] 04.4071-1.1.1.1.1.##

81	le81	[BSGA] 04.4091-1.1.1.1.1.##
82	le82	[BSGA] 04.4092-1.1.1.1.1.##
83	le83	[BSGA] 04.4114-1.1.1.1.1.##
84	le84	[BSGA] 04.4119-1.1.1.1.1.##
85	le85	[BSGA] 04.4149-1.1.1.1.1.##
86	le86	[BSGA] 04.4165-1.1.1.1.1.##
87	le87	[CDP] 04.649-1.1.1.1.1.#
88	le88	[CG260] 04.660-1.1.1.1.1.#
89	le89	[DK638] 04.631-1.1.1.1.1.#
90	le90	[DK638] 04.662-1.1.1.1.1.#
91	le91	[DK688] 04.799-1.1.1.1.1.#
92	le92	[DK688] 04.803-1.1.1.1.1.#
93	le93	[FESTIVAL] 04.785-1.1.1.1.1.#
94	le94	[M 11] 04.665-1.1.1.1.1.#
95	le95	[SynSDSP] 04.3990-1.1.1.1.1.1.#
96	le96	[SynSDSP] 04.3996-1.1.1.1.1.1.#
97	le97	[SynSDSP] 04.4002-1.1.1.1.1.1.#
98	le98	[SynSDSP] 04.4041-1.1.1.1.1.#
99	le99	[SynSDSP] 04.4044-1.1.1.1.1.#
100	le100	[SynSDSP] 04.4045-1.1.1.1.1.#
101	le101	[SynSDSP] 04.4054-1.1.1.1.1.#
102	le102	[SynSDSP] 05.3201-1.1.1.1.1.1.#
103	le103	00.2643-1-1-1-3#1-1#1#1#1-1
104	le104	00.5539-1-1-1#1@-1#1#1#1-1
105	le105	00.6332-3#1#1#1#1#1#1#1#1-1
106	le106	00.6334-1#1#1#1#1#1#1#1#1-1
107	le107	00.6340-4#1#1#1#1#1#1#1#1-2-1
108	le108	04.2867-1#1-1
109	le109	05.3607-1#1-1
110	le110	160 (Sint. Líneas Arg. X Líneas Canadá)
111	le111	161 (Sint. Líneas Arg. X Líneas Canadá)
112	le112	171 (Sint. Líneas Arg. X Líneas Canadá)
113	le113	2188 (Sint. Semi Dentada)
114	le114	2189 (Sint. Semi Dentada)
115	le115	2191 (Sint. Semi Dentada)
116	le116	2202 (Sint. Semi Dentada)
117	le117	4068 (Sint. Cuarentin x L 1571)
118	le118	-4-1#1#1#1-1#1#1#1-1
119	le119	93.1804-2-2-1#1#1-1#1#1#1-1#1#1#1-1
120	le120	93.1849-3-1-1-1#2#1-1##1#1#1#1#1#1-1
121	le121	94.1234-1-1#-1#1-2#1#3#1#1#1#1#1-1

122	le122	94.1283-1-1#-1#1#1-3#1#1#1#1#1#1#1-1
123	le123	94.1283-1-1#-1#2#1-1#1#1#1#1#1#1#4-1
124	le124	94.1332-2#1-1#1-1#1#1#1#1#1#1#1-1
125	le125	96.3462#1#1-3#1-1#1#1#1#1#1#1#1-1
126	le126	98.5568#1#1#1#1#1#1#1-1
127	le127	99.4793-1-1-1-1-1#1#1
128	le128	99.4796-1-1-1-1-1#1#1
129	le129	99.4796-1-1-1-1-1-1#1
130	le130	99.5736-4 LP611V X LP613-2-1-1-1#1#1#1-1
131	le131	99.5905-1-1-1-1-1#1-1#1#1#1-1
132	le132	99.6113x99.6112#1-36-1-1-1-1#1#1#1
134	le134	BKBS13idprov901947-1-100 -1-1-1-1#1
135	le135	BKBS13idprov901947-1-113 -1-1-1-1#1
136	le136	BKBS13idprov901947-1-117 -1-1-1-1#1
137	le137	BKBS13idprov901947-1-119 -1-1@-1#1
138	le138	BKBS13idprov901947-1-132 -1-1-1-1#1
139	le139	BKBS13idprov901947-1-153 -1-1-1-1#1
140	le140	BKBS13idprov901947-1-174 -1-1-1-1#1
141	le141	BKBS13idprov901947-1-192 -1-1-1-1#1
142	le142	BKBS13idprov901947-1-216 -1-1-1-1#1
143	le143	BKBS13idprov901947-1-238-1-1-1-1#1
144	le144	BKBS13idprov901947-1-240-2-1-1-1#1
145	le145	BKBS13idprov901947-1-27 -1-1-1-1#1
146	le146	BKBS13idprov901947-1-30 -1-1@-1#1
147	le147	BKBS13idprov901947-1-42 -1-1-1-1#1
148	le148	BKBS13idprov901947-1-49 -1-1-1-1#1
149	le149	BKBS13idprov901947-1-75 -1-1@-1#1
150	le150	BKBS13idprov901947-1-78 -1-1@-1#1
151	le151	BS13 BULCK-235-1-1-1-1-1#1-1
152	le152	bulk 04.1973-112-1-1-1#1#1
153	le153	bulk 04.1973-119-1-1-1#1#1
154	le154	bulk 04.1973-123-2-1-1#1#1
155	le155	bulk 04.1973-143-1-1-1#1#1
156	le156	bulk 04.1973-46-1@-1#1
157	le157	bulk 04.1973-54-1-1-1#1
158	le158	bulk 04.1973-79-1-1-1#1#1
159	le159	bulk 04.1973-80-1-1-1#1#1
160	le160	bulk 04.1973-86-1-1-1#1#1
161	le161	bulk 04.1973-88-1-1-1#1#1
162	le162	Bulk941001x4002-180-1-1-1#1-1
164	le164	L 882

165	le165	Línea CFR#1#1#1#1
166	le166	LP 1032
167	le167	LP 1044
168	le168	LP 116
169	le169	LP 122-2
170	le170	LP 124
171	le171	LP 125-R
172	le172	LP 126
173	le173	LP 128
174	le174	LP 153
175	le175	LP 168
176	le176	LP 197
177	le177	LP 199
178	le178	LP 1996
179	le179	LP 2
180	le180	LP 214
181	le181	LP 221
182	le182	LP 223
183	le183	LP 236
184	le184	LP 2542
185	le185	LP 256-R
186	le186	LP 29
187	le187	LP 299-2
188	le188	LP 311
189	le189	LP 32
190	le190	LP 3830
191	le191	LP 4703
192	le192	LP 521
193	le193	LP 562
194	le194	LP 579
195	le195	LP 580
196	le196	LP 613
197	le197	LP 661
198	le198	LP 662
199	le199	LP 818
200	le200	LP 915
201	le201	LP 916
202	le202	LP 917
203	le203	LP 918
204	le204	LP LPB2
205	le205	LP581xLP562-1-128-2-1

206	le206	LP581xLP562-1-195-1-1
207	le207	LP581xLP562-1-42-1-1
208	le208	LP581xLP562-1-50-1-1
210	le210	LP581xLP562-1-78-2-1
211	le211	P1338
212	le212	P21
213	le213	P465
214	le214	ZN6
215	le215	4048
216	le216	LP 179
217	le217	LP 212
218	le218	LP 220
219	le219	LP 438
220	le220	LP 59
221	le221	LP 612
222	le222	LP2542-1
223	le223	[AX828] 04.782-1.1.1.1.1.#
224	le224	[AX882] 04.746-1.1.1.1.1.#
225	le225	[AX882] 04.755-1.1.1.1.1.#
226	le226	[AX884] 04.762-1.1.1.1.1.#
227	le227	[AX884] 04.767-1.1.1.1.1.#
228	le228	[AX889] 04.715-1.1.1.1.1.#
229	le229	[AX889] 04.719-1.1.1.1.1.#
230	le230	[AX889] 04.725-1.1.1.1.1.#
231	le231	[AX889] 04.731-1.1.1.1.1.#
232	le232	[CG271] 04.819-1.1.1.1.1.#
233	le233	[DK638] 04.651-1.1.1.1.1.#
234	le234	[DK664] 04.644-1.1.1.1.1.#
235	le235	[QUICHUA] 04.809-1.1.1.1.1.#
237	le237	LP 122
238	le238	LP 1512
239	le239	LP 178
240	le240	LP 509
241	le241	LP 561
242	le242	LP 5708
243	le243	LP 605
244	le244	LP 869
245	le245	LP 304
253	le253	LP 317
254	le254	LP 611
255	le255	LP 598

256	le256	[SynSDSP] 04.4023-1.1.1.1.1.1.#
257	le257	[M 11] 04.681-1.1.1.1.1.#
258	le258	[M 11] 04.840-1.1.1.1.1.#
259	le259	[M 11] 04.848-1.1.1.1.1.#
260	le260	[M 11] 04.853-1.1.1.1.1.#
261	le261	[M 11] 04.866-1.1.1.1.1.#
262	le262	[M 11] 04.872-1.1.1.1.1.#
263	le263	[DK638] 04.650-1.1.1.1.1.#
264	le264	[PIO3162] 04.629-1.1.1.1.1.#
265	le265	LP 1411



*Foto 1. Síntomas de daño por bajas temperaturas observados en el ensayo de fecha de siembra temprana (Pergamino 1).*