

Evaluación del número de días y tiempo térmico a floración femenina de líneas endogámicas de maíz (*Zea mays* L.) con valor mejorado (VEC) desarrolladas en Argentina

Víctor Raúl Corcuera¹⁻²

¹ Com. Inv. Científ. Pcia. Bs. As.; ² Prof. Adj. Ordinario a cargo de la Cátedra de Industrias de la Cadena de Cereales y Oleaginosas, FCA-UNLZ.

e-mail= vrcorcuera@gmail.com

Resumen

El objetivo de este trabajo fue identificar líneas endogámicas de uso especial que sean estables por su requerimiento o tiempo térmico a floración femenina. Se sembraron nueve líneas de endocria prolongada denominadas genéricamente CIG en tres localidades entre el año 2000/01 hasta 2016/17. La estabilidad del carácter fisiológico evaluado fue medido utilizando métodos univariados= a. Paramétricos [coeficiente de variación CV% (Francis y Kannenberg, 1978); coeficiente de regresión b_i (Finlay y Wilkinson, 1963); parámetro de desvíos desde la regresión S^2_{di} (Eberhart y Russell, 1966); ecovalencia (Wricke, 1962) y coeficiente de determinación r^2 (Pinthus, 1973)]; b. No paramétricos [$S_i^{(3)}$ y $S_i^{(6)}$ (Huehn, 1990a y b)]. La interacción genotipo-ambiente, los patrones de respuesta, la clasificación de los ambientes y la estabilidad genotípica también fueron estudiadas a través del análisis de componentes principales utilizando los modelos AMMI1 y SREG-GGE. Las líneas endogámicas CIG4, CIG6 y CIG29 junto al testigo ZN6 fueron reconocidos por casi todos los métodos paramétricos como materiales estables en relación a su requerimiento térmico hasta la fase de floración femenina y considerando diferentes tipos de estabilidad. El análisis de componentes principales identificó a la línea CIG29 y al testigo ZN6 como los genotipos más estables y este resultado coincide parcialmente con aquellos obtenidos mediante el enfoque paramétrico. El biplot AMMI1 reveló que los ambientes C1, C3, L3, L6 y V1 así como las líneas CIG1, CIG6, CIG13 y CIG30 aportaron la máxima contribución a la interacción genotipo-ambiente ya que se mostraron extremos en el rango de variación del IPCA1.

Palabras clave (Keywords)= Maíz; análisis de regresión; AMMI; análisis multivariado; no paramétricos

Introducción

El maíz constituye la dieta principal en numerosas regiones del mundo. Sus granos proveen macro y micro nutrientes primordiales para las necesidades metabólicas del ser humano pero el contenido de algunos de ellos resulta insuficiente o desequilibrado para quienes utilizan este cereal como alimento base. La mejora genética contribuyó a incrementar el contenido de los elementos nutricionales del grano, a mejorar su producción por unidad de superficie y su adaptabilidad a diversas condiciones ambientales y de cultivo. Sin embargo, sólo en los últimos años se han redoblado los

esfuerzos para mejorar los parámetros químicos de calidad del grano de tal forma que satisfagan los requerimientos nutricionales y tecnológicos de un mercado cada vez más exigente (Corcuera *et al.*, 2005; Corcuera, 2013). Esto último impulsa el desarrollo de maíces productores de granos con calidad diferenciada o valor mejorado (VEC= *value enhanced corn*) los que deben ser incluidos dentro del conjunto de los maíces de uso especial. En el mundo, el mercado de maíces VEC crece de forma sostenida y su importancia en las economías regionales es cada vez mayor por su beneficioso aporte a las industrias de la transformación primaria y secundaria de los alimentos en el contexto de la cadena de agregado de valor.

Aquellos híbridos de maíz cuyos granos sobresalen por el alto contenido y/o calidad del almidón, proteína o aceite facilitan una mejor transformación en ingredientes y productos útiles aportando mayor valor agregado al cultivo. Con esta finalidad es necesario desarrollar en una primera etapa nuevas líneas endogámicas con atributos diferenciados de calidad de sus granos.

Cualquier programa de mejora genética tiene como objetivo principal desarrollar cultivares mejorados con características agronómicas, fisiológicas y morfológicas superiores a aquéllas de los materiales originales. Ello no sólo asegura el éxito de los planes de mejora sino que también contribuye a la conservación de los recursos genéticos y favorece la productividad agrícola porque permite diversificar los riesgos relacionados con factores bióticos y abióticos (Smith & Smith, 1989a). Con el objeto de completar el proceso de desarrollo, prueba y selección de nuevo germoplasma con fines comerciales es imprescindible disponer de herramientas que permitan evaluar y documentar con precisión a los materiales bajo estudio. En este sentido, tiene enorme valor el esfuerzo realizado por el Instituto Internacional de Recursos Genéticos Vegetales (IPGRI) junto a otros centros de investigación agrícola para suministrar una serie uniforme de descriptores de cultivo que proveen una guía precisa para la documentación de los genotipos durante el proceso de mejora genética o de las colecciones mantenidas en bancos de germoplasma.

Las descripciones precisas de los cultivares y la necesidad de que las líneas endogámicas y los híbridos sean distintivos obliga a determinar que caracteres deben considerarse útiles en la práctica (Smith & Smith, 1989a y 1989b). Existen varios criterios o juegos de descriptores que pueden emplearse con el objetivo de caracterizar genotipos de maíz. Entre estos se incluyen descriptores morfo-fisiológicos (*cuantitativos y cualitativos*), descriptores bioquímicos (*ej.: isoenzimas o tipos de zeína*), perfiles electroforéticos bi-dimensionales de las proteínas del embrión, perfiles cromatográficos de proteínas y aceites, nivel de heterosis y evaluaciones del ADN (RFLP, AFLP's, microsateles) (Smith & Smith, 1989b).

Aunque no existe un modelo único y sencillo de cómo desarrollar una descripción varietal satisfactoria y apropiada, los estándares elegidos no deben ser demasiado rigurosos, pero sí realistas y apropiados a las condiciones del país por lo cual es indispensable disponer de metodologías que apunten al desarrollo y evaluación de "genotipos regionales" y que asimismo permitan una mejor recomendación de los materiales seleccionados. Los datos morfo-fisiológicos están afectados por su interacción con el ambiente y por ello algunos autores sostienen que son de dudosa confiabilidad taxonómica (Comstock y Moll, 1963; Camussi *et al.*, 1983,1985). Sin embargo, son aceptados universalmente en la protección de las variedades vegetales y también en el registro e inscripción de nuevos materiales debido a su capacidad de mostrar tanto identidad como diferenciación si se tiene la precaución de realizar las descripciones con la suficiente cantidad de repeticiones para validar las mismas (Smith

& Smith, 1989a). Entre este tipo de caracteres se incluyen aquellos fisiológicos o fenológicos relativos a ciclo y medidos como tiempo térmico desde la emergencia de plantas hasta la emergencia de estigmas en el 50% de las mismas y que está incluido en los formularios para descripción de cultivares (Anexo II) cuando se solicita inscribir uno en el Registro Nacional de Cultivares (RNC) o Registro Nacional de la Propiedad de Cultivares (RPNC) del Instituto Nacional de Semillas (INASE) de la República Argentina.

La duración en días de las fases fenológicas de un cultivo varía entre ambientes en razón de cambios en la humedad relativa, temperatura del aire y del suelo, radiación solar y fotoperiodo (Costa, 1994). Debido a la pobre correlación entre el número de días y el crecimiento-desarrollo de las plantas no se obtienen resultados adecuados cuando los genotipos son clasificados por su ciclo en días hasta floración aunque son válidos como dato orientativo. Para una mayor precisión, las clasificaciones deben basarse en la cuantificación de los componentes del ambiente físico responsables de la variación en el número de días para alcanzar una fase determinada ya que la marcha de ciertos procesos fisiológicos depende de cómo son satisfechos sus requerimientos por el complejo particular de condiciones externas (Aspiazu, 1971).

La temperatura es el principal factor entre los mencionados que afecta la tasa de desarrollo del maíz (Baron *et al.*, 1975; Brown y Bootsma, 1993; Cross y Zuber, 1972; Gilmore y Rogers, 1958; Hodges, 1991; Hou *et al.*, 2014). En Francia durante el año 1735 Réaumur inició observaciones empíricas que sentaron la base de los posteriores modelos de suma térmica (Bonhomme, 2000). La influencia de la temperatura sobre la duración de los distintos sub-periodos de desarrollo del maíz fue mencionada por primera vez en el año 1914 por Lehenhauer (Andrade *et al.*, 1996). El efecto de la temperatura sobre la tasa de desarrollo puede describirse utilizando el concepto de tiempo térmico como por ejemplo las unidades de grados de crecimiento-día (GDD) (Wang y Kanemasu, 1960). El tiempo real que transcurre hasta alcanzar una determinada fase no es función lineal de la temperatura pero la respuesta de la velocidad de desarrollo a la misma es aproximadamente lineal en el rango térmico comprendido entre una temperatura base y una temperatura óptima (Warrington y Kanemasu, 1983). En consecuencia, la duración del ciclo vegetativo puede definirse también mediante la expresión de la suma de temperaturas o tiempo térmico (TT) requerido para alcanzar la fase de aparición de estigmas.

Los índices térmicos brindan una estimación confiable del requerimiento térmico necesario para alcanzar una determinada fase del desarrollo ya que para ello es necesario superar cierto valor de unidades térmicas o GDD (Daughtry *et al.*, 1984; Derieux y Bonhomme, 1990; Cutforth y Shaykewich, 1990). No sólo predicen y describen las tasas de desarrollo con mayor precisión que el tiempo estimado en días sino que son empleados para comparar eventos fenológicos y evaluar la madurez siendo ello relevante en diversos aspectos prácticos de la agronomía (Confalone y Navarro Dujmovich, 1999; Dwyer *et al.*, 1999a y 1999b). La utilización de índices térmicos permite identificar con mayor precisión las mejores épocas de siembra (Nielsen *et al.*, 2002), planear eficazmente las actividades agrícolas (Gadioli *et al.*, 2000) y también facilita la evaluación y selección de los materiales en programas de mejora genética (Warrington y Kanemasu, 1983). Es conveniente considerar que los índices existentes proveen estimaciones confiables del tiempo térmico requerido para el desarrollo vegetativo (*nacimiento* R_1), aunque arrojan resultados variables para el sub-periodo R1-R5 (*floración femenina-madurez completa del grano*) según localidad y años (Plett, 1992; Bartholomew y Williams, 2005). A pesar de la amplia cantidad de modelos existentes y de las limitaciones que el concepto de sumas térmicas tiene para explicar todas las variables determinantes de la fenología de los cultivos, aún se trata de un índice bioclimático de gran utilización en la caracterización de los materiales vegetales

Revista de Divulgación Técnica Agropecuaria, Agroindustrial y Ambiental. Facultad de Ciencias Agrarias. UNLZ. Vol. 4 (4) 2017: 3-34

en cuanto a la duración de los sub-períodos y del ciclo completo (Confalone y Navarro Dujmovich, 1999).

Objetivos

Los objetivos de este trabajo fueron: **1.** Calcular el tiempo térmico a floración femenina y **2.** Identificar a los genotipos de comportamiento más estable para el carácter fisiológico evaluado.

Materiales y métodos

Material vegetal

Se emplearon granos de maíz (*Zea mays ssp. mayz*) de 9 líneas endogámicas o de endocría prolongada que producen granos con almidón modificado (AM), alta lisina-proteínas de alta calidad (CP) o almidón modificado y proteína de alta calidad (DR) debido a la expresión de alelos nulos de los genes mutantes sencillos *Waxy* y *Opaco-2* a nivel del endosperma. Estas líneas parentales fueron obtenidas mediante técnicas convencionales de mejora genética y por lo tanto son no-OGM. Se utilizó como testigo de los ensayos a la línea de maíz colorado duro o vítreo ZN6.

Diseño de los ensayos

Los datos recopilados en esta investigación corresponden al conjunto de líneas mencionadas y evaluadas en quince ambientes (Localidad x Año) durante el período comprendido entre 2000/01 hasta 2016/17. Las tres localidades de evaluación se ubican en un sector de la Provincia de Buenos Aires que corresponde a la Región Maicera VI o Zona Pampeana Norte= Llavallol (L), Castelar (C) y Virrey del Pino (V) (ver Figuras 1 y 2). Los ambientes de evaluación se abreviaron empleando la primera letra del nombre de la localidad seguida por el número de orden correspondiente al año de evaluación (L1, V1, C1.... C8). Los ensayos fueron sembrados durante los meses de Octubre y Noviembre. En cada ambiente se utilizó un diseño de bloques completamente aleatorizados con 2 repeticiones. La unidad experimental fue una micro-parcela de 2,5 m de longitud debido a la naturaleza uniforme de los materiales genéticos analizados. La densidad de plantas a la cosecha fue de 71.000 plantas/hectárea. El ensayo multiambiental (MET) analizado en este estudio fue balanceado en cuanto al número de genotipos x ambiente pero desbalanceado para el número de localidades x año.

Descriptores utilizados para evaluar la longitud del ciclo vegetativo

Se evaluó la longitud del sub-periodo comprendido entre el nacimiento de las plantas (V0) hasta la emergencia de estigmas (R1) en el 50% de las mismas según=

1. **Método de los días calendario** (Número de días del sub-periodo considerado)

2. **Tiempo térmico (TT)**, calculado mediante dos modelos diferentes:

a. Modelo lineal o Método de los grados de crecimiento-día (GDD)

a1. **Método residual original o del USWB Weather Bureau**, propuesto por Gilmore y Rogers en 1958. El tiempo térmico se calcula a través de la ecuación general:

$$TT = \sum_{i=1}^n S; S = (T_{\text{media diaria}} - T_b)$$

TT= Tiempo térmico o suma térmica expresada en unidades de grados de crecimiento-día (GDD) acumulados en los *n* días; *T_b*= Temperatura base de desarrollo.

Existen opiniones controversiales sobre el valor de la Temperatura base de crecimiento del maíz pero en este trabajo se eligió *T_b*=10°C que corresponde a la publicada en trabajos clásicos sobre fenología del cultivo (Cross y Zuber, 1972; Tollenaar *et al.*, 1979) y también es utilizada en uno de los métodos de mayor difusión para el cálculo del tiempo térmico y elegido por la mayoría de los criaderos.

a2. **Método residual modificado**, es una modificación del anterior. Asume una temperatura base de 10°C y una temperatura máxima de 30°C. Si se producen temperaturas máximas superiores a 30°C se asumen como iguales a 30°C. Si las temperaturas mínimas resultan inferiores a 10°C se consideran iguales a esa cifra. Por este motivo los resultados se expresan como GDD_{10/30}. Esta metodología se fundamenta en la premisa de que una planta necesita una cierta cantidad de energía representada por la sumatoria de los grados centígrados necesarios para completar determinada fase fenológica y asimismo su ciclo total. Por lo tanto, admite una relación lineal entre temperatura y desarrollo vegetal (Gadioli *et al.*, 2000) al asumir que el desarrollo fenológico es constante por cada grado de temperatura entre una temperatura base (*T_b*) y un umbral superior de temperatura (*T_{máx}*), por encima y debajo de los cuales la tasa de desarrollo es cero (Stewart *et al.*, 1998). Es un método ampliamente utilizado para determinar el tiempo térmico a floración y sus resultados son útiles para clasificar a los materiales según los ciclos FAO.

b. Modelo no lineal o Método Ontario (Brown, 1978; Brown y Bootsma, 1993)

El mismo considera al tiempo térmico como una función cuadrática de la temperatura máxima y una función lineal de la temperatura mínima. Este modelo asume una relación parabólica entre 10 y 30°C pero lineal entre 4,4 y 10°C, para describir la tasa de desarrollo de la planta de maíz en relación a la temperatura del aire. La temperatura base se asume como 10,0 °C para la temperatura máxima y 4,4 °C para la temperatura mínima. El tiempo térmico calculado mediante esta metodología se expresa como unidades térmicas de cultivo (**CHU**) se calculan mediante la ecuación 1, que resulta de promediar las ecuaciones 2 y 3.

$$CHU = 0.5 (YM + Ym) \quad (\text{ecuación 1})$$

$$YM = 3.33 (T_{\text{máx}} - 10) - 0.084 (T_{\text{máx}} - 10)^2 \quad (\text{ecuación 2})$$

$$Ym = 1.8 (T_{\text{mín}} - 4.4) \quad (\text{ecuación 3})$$

Para los cálculos se utilizaron los datos agro-meteorológicos proporcionados por la Cátedra de Climatología de la Fac. de Cs. Agrarias de la Universidad Nacional de

INVESTIGACIÓN

Corcuera

Evaluación del número de días [...]

Lomas de Zamora, el Sistema de Información Clima y Agua del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) a través de las estaciones ubicadas en la localidad de Castelar y la base de datos Infoclima.com.ar.

Para comparar los modelos de tiempo térmico se aplicó el método de cálculo de las desviaciones estándar en días (S_d) que según Aspiazu y Shaw (1972) constituye la mejor forma de evaluar la eficiencia de las metodologías de suma térmica porque permite expresar la variabilidad en días y su cómputo es sencillo mediante la fórmula propuesta por Arnold en 1959 :

$$S_d = \frac{CV\% * xd}{100}$$

S_d = desviación típica expresada en días

CV%= coeficiente de variación

xd = promedio del número de días del sub-periodo fenológico considerado.



Figura1. Implantación y desarrollo vegetativo de los ensayos de campo en diferentes localidades de la provincia de Buenos Aires.

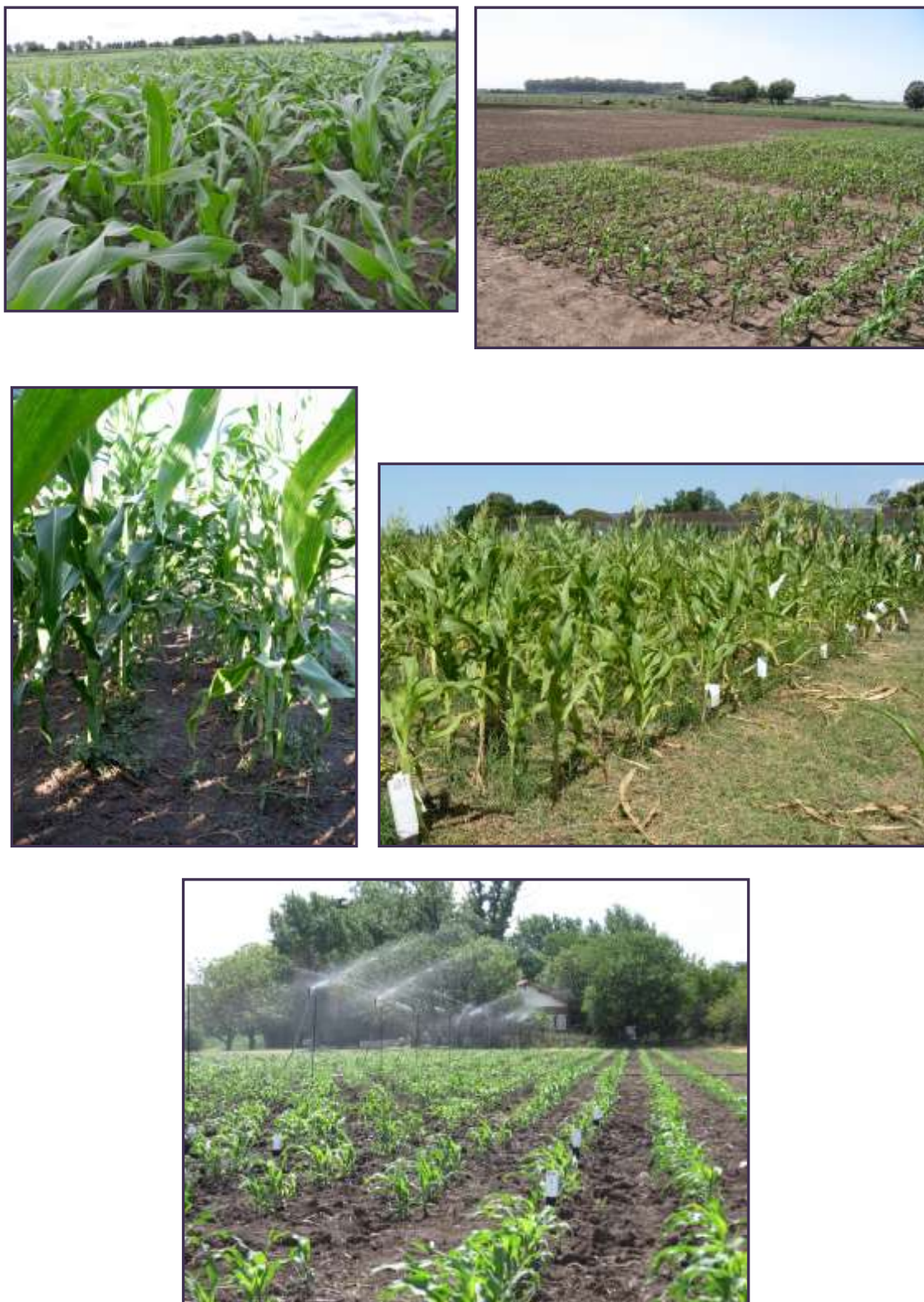


Figura 2. Desarrollo vegetativo y floración femenina en los ensayos de campo realizados en Castelar, Llavallol y Virrey del Pino

Estudio de la interacción línea x ambiente (IGA)

El ambiente es el conjunto de circunstancias que modulan el desarrollo de un individuo o grupo de ellos. Las medias genotípicas resultantes de un ensayo multi-ambiental son útiles con fines de clasificación y comparación de genotipos pero no representan indicadores adecuados del comportamiento en presencia de interacción genotipo-ambiente (IGA). Ello, debido a que tal como señalan Voltas *et al.* (2002) no contemplan las diferencias relativas de comportamiento de los genotipos a través de los ambientes. Bajo esta circunstancia, las medias sólo pueden ser aplicadas para la comparación de genotipos dentro de cada ambiente que compone el ensayo (Balzarini *et al.*, 2007). Según Freeman *et al.* (1971) uno de los motivos principales para evaluar genotipos en un amplio rango de ambientes es estimar su estabilidad.

Análisis convencional de la varianza

Al considerar un ensayo de evaluación de G genotipos medidos en E ambientes y cada uno con R repeticiones, el modelo clásico para analizar la variación total es el análisis de la varianza (Fisher, 1925).

Con el objeto de estimar los componentes de la varianza genética e identificar la existencia de la IGA, la información correspondiente al tiempo térmico a floración fue analizada a través del modelo propuesto por Márquez-Sánchez y Sahagún-Castellanos (1994):

$$TT_{ijk} = \mu + A_i + (Rep/A)_{ji} + L_k + (LA)_{ik} + E_{ijk}$$

donde: μ = media; A_i = efecto del i -ésimo ambiente; $(Rep/A)_{ji}$ = efecto de la j -ésima repetición dentro del i -ésimo ambiente; L_k = efecto de la k -ésima línea; $(LA)_{ik}$ = efecto de la interacción entre el i -ésimo ambiente con la k -ésima línea; E_{ijk} = error correspondiente a la observación de la línea k en la repetición j del ambiente i .

Análisis de Estabilidad

La estabilidad de los materiales ensayados se calculó mediante estadígrafos univariados: **a. Paramétricos** [coeficiente de variabilidad CV_i (Francis y Kannenberg, 1978); varianza ambiental S^2_{xi} (Roemer, 1917; Mulder *et al.*, 2007); índice de regresión b_i (Finlay y Wilkinson, 1963); desvíos a partir de la regresión S^2_{di} (Eberhart y Russell, 1966); coeficiente de determinación r^2 (Pinthus, 1973); ecovalencia W_i (1962)], **b. No-paramétricos** [$S_i^{(3)}$ y $S_i^{(6)}$ propuestos por Huehn (1990a, 1990b)].

Asimismo se estudió la interacción genotipo-ambiente utilizando análisis multivariado [modelo AMMI (Gauch y Zobel, 1996; Zobel *et al.*, 1988) y el modelo de regresión por sitio SREG-GGE (Crossa y Cornelius, 1997, 2002; Yan *et al.*, 2000; Yan y Tinker, 2006)].

Resultados y Discusión

a. Longitud del ciclo vegetativo y tiempo térmico requerido

Las siembras tardías aceleran el desarrollo de la planta de maíz al exponerla a mayores temperaturas durante las primeras etapas del crecimiento. La longitud promedio del sub-periodo V0-R1 utilizando el método de los días calendarios fue de 61 días a través del ensayo multi-ambiental. Los resultados presentados en la Tabla 1 y Figura 3 revelan que aquellos ambientes en los cuales se realizaron siembras durante la segunda quincena de Noviembre (L1, L2, C4, C6 y C7) el ciclo vegetativo se acortó entre tres a seis días respecto de la media general del MET. Por el contrario, en los ambientes en que se realizaron siembras en el mes de Octubre la fase vegetativa fue más prolongada. Así, en L4 el número de días a R₁ fue significativamente mayor debido a la ocurrencia de bajas temperaturas del aire durante el sub-periodo V0-R1. El cumplimiento de una determinada suma térmica no siempre coincide con una fase fenológica precisa del cultivo ya que un eventual estrés hídrico, ataque de parásitos u hongos pueden adelantar o atrasar el desarrollo de la planta (Cicogna *et al.*, 1997). Esto se hizo evidente en el ambiente C3, en el cual el estrés térmico y las condiciones de sequía alrededor del momento de la floración e inicio del llenado de grano provocaron un alargamiento notorio del ciclo vegetativo con el consecuente incremento del número de días y tiempo térmico. Este hecho se explica porque las condiciones extremas de temperatura y estrés hídrico tienen un mayor efecto sobre el tiempo necesario para alcanzar la fase R1.

Tabla 1. Medias ambientales para longitud en días y tiempo térmico del ciclo evolutivo de líneas endogámicas de maíz.

AMBIENTE	Días R1	TT a R1 ($\bar{x} \pm d.s.$)		
		Residual orig.	Residual mod.	Ontario
L1	55,3 ± 2,9	656,8 ± 38,7	646,3 ± 36,7	1426,0 ± 80,1
L2	54,8 ± 3,7	675,4 ± 44,8	659,0 ± 43,6	1422,6 ± 95,0
L3	61,1 ± 3,8	662,6 ± 47,3	657,2 ± 46,2	1540,6 ± 103,9
L4	66,6 ± 2,4	703,6 ± 37,3	690,5 ± 35,6	1687,1 ± 60,2
L5	62,1 ± 2,8	700,5 ± 53,9	690,5 ± 46,4	1585,2 ± 89,5
L6	60,2 ± 6,1	791,2 ± 78,6	761,2 ± 77,5	1644,5 ± 167,3
V1	61,4 ± 5,5	831,7 ± 68,5	771,1 ± 70,3	1626,4 ± 120,6
C1	60,5 ± 4,5	688,9 ± 64,0	690,7 ± 63,0	1598,3 ± 131,7
C2	66,9 ± 2,7	768,7 ± 37,6	747,2 ± 36,9	1672,2 ± 77,3
C3	70,3 ± 2,4	880,1 ± 70,6	834,0 ± 63,2	1811,1 ± 124,3
C4	55,2 ± 1,6	732,6 ± 24,8	705,7 ± 34,1	1536,3 ± 72,4
C5	62,5 ± 1,9	801,0 ± 28,2	739,9 ± 25,2	1627,3 ± 51,5
C6	57,8 ± 2,1	737,7 ± 27,9	717,8 ± 28,4	1577,6 ± 61,0
C7	54,8 ± 2,0	754,4 ± 33,8	716,6 ± 29,2	1516,2 ± 58,1
C8	60,0 ± 4,3	734,9 ± 59,4	715,5 ± 58,6	1536,2 ± 123,2

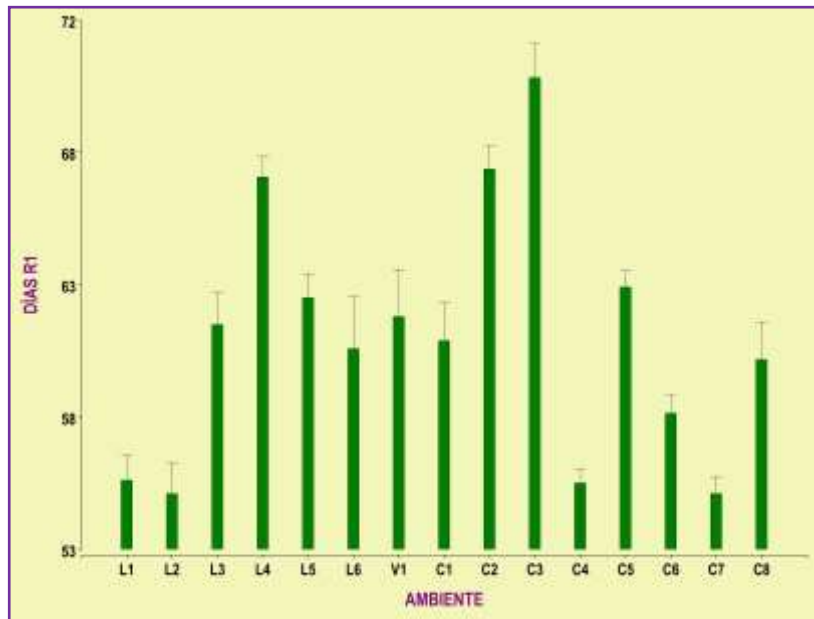


Figura 3. Medias y error estándar para el número de días entre V₀-R1 medido para diez líneas endogámicas a través de quince ambientes

Los valores del índice ambiental (Tabla 2), definido como la diferencia entre la media marginal de un ambiente y la media general del ensayo reafirman lo expresado en el primer párrafo respecto del acortamiento o alargamiento del ciclo a floración y la modificación del tiempo térmico a igual fase. Aquellos ambientes cuyo IA tiene signo negativo presentaron condiciones que favorecieron un acortamiento del ciclo a R1.

Tabla 2. Índice ambiental (IA) calculado en base al número de días y tiempo térmico necesarios para cumplimentar la fase vegetativa V0-R1.

AMBIENTE	Días R1	Residual orig.	Residual Mod.	Ontario
L1	-5,7	-84,6	-69,9	-161,2
L2	-6,2	-65,9	-57,2	-164,6
L3	0,1	-78,7	-59,0	-46,6
L4	5,6	-37,7	-25,7	99,9
L5	1,1	-40,8	-26,0	-2,0
L6	-0,8	49,9	45,0	57,3
V1	0,4	90,4	54,9	39,2
C1	-0,5	-52,4	-25,5	11,1
C2	5,9	27,4	31,0	85,0
C3	9,3	138,8	117,8	223,9
C4	-5,8	-8,7	-10,5	-50,9
C5	1,5	59,7	23,7	40,1
C6	-3,2	-3,6	1,6	-9,6
C7	-6,2	13,1	0,4	-71,0
C8	-1,0	-6,4	-0,7	-51,0

En la Tabla 3 se resume el comportamiento de las líneas CIG por su número de días y tiempo térmico necesario para alcanzar la fase R₁. Los promedios y desviaciones estándar fueron calculados a partir de datos recogidos en un ensayo multi-ambiental. Las líneas productoras de granos con almidón modificado (AM) salvo CIG4 presentan un ciclo evolutivo inferior a 60 días y su tiempo térmico entre V₀ y R₁ resultó inferior a 708,0 grados-día medido por el método residual modificado (GDD_{10/30}). Por el contrario, las líneas CIG16 y CIG29 requirieron el mayor número medio de días y tiempo térmico para alcanzar igual fase (alrededor de 62-63 días y 735,0-745,0 grados-día (Figura 4). Siguiendo un concepto utilitario, aquellas líneas cuyo tiempo térmico a R₁, *-medido por el método residual modificado-*, está comprendido entre 680,0 a 720,0 grados-día corresponden al ciclo FAO 300-400 y son consideradas precoces. En cambio, los genotipos cuyo tiempo térmico a R₁ varía entre 731,0 a 780,0 grados-día pertenecen al ciclo FAO 500 y se dice que son de ciclo medio a floración. La información recopilada a través del MET permite clasificar a 6/9 de las líneas CIG evaluadas (*excluyendo al testigo*) como precoces a floración.

Tabla 3. Medias genotípicas para longitud de ciclo evolutivo y tiempo térmico a floración calculado por diferentes metodologías.

LÍNEA	TIPO	Días R1	TT			
			Residual orig.	Residual mod.	Ontario	Clase FAO ¹
CIG1	AM	59,7 ± 5,1	729,1 ± 64,2	705,4 ± 50,2	1559,9 ± 105,0	300-400
CIG4	AM	61,8 ± 3,9	755,6 ± 74,8	733,5 ± 60,0	1626,6 ± 102,9	500
CIG6	AM	59,9 ± 4,5	728,8 ± 73,5	706,6 ± 62,6	1561,3 ± 118,4	300-400
CIG8	AM	59,7 ± 7,0	725,3 ± 82,1	702,3 ± 72,9	1563,2 ± 166,4	300-400
CIG13	AM	58,6 ± 6,9	718,4 ± 59,3	690,1 ± 55,6	1542,0 ± 137,5	300-400
CIG16	CP	61,9 ± 6,3	762,4 ± 87,9	735,6 ± 72,0	1631,2 ± 153,7	500
CIG18	CP	60,7 ± 6,2	741,9 ± 96,6	710,3 ± 83,2	1552,1 ± 140,8	500
CIG29	DR	62,9 ± 5,8	773,6 ± 81,7	746,6 ± 67,4	1652,3 ± 140,6	500
CIG30	DR	61,2 ± 5,9	745,4 ± 88,6	723,4 ± 75,0	1609,0 ± 147,5	500
ZN6-T	Vítreo-T	60,0 ± 4,9	732,9 ± 77,7	708,2 ± 61,3	1574,0 ± 117,3	500

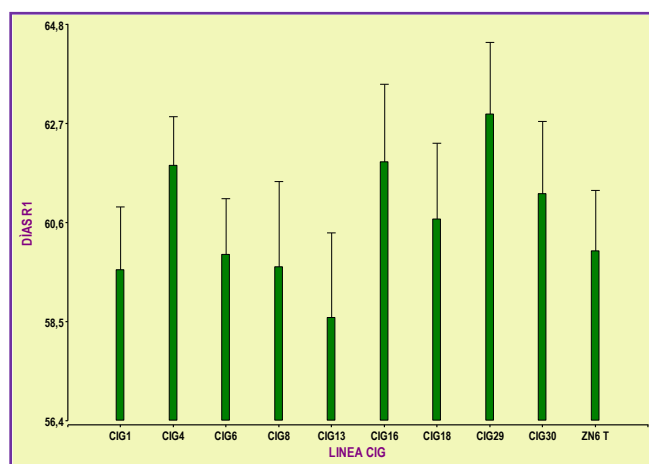


Figura 4. Medias y error estándar para el número de días entre V₀-R₁ correspondientes a las líneas endogámicas evaluadas en quince ambientes.

b. Comparación de las metodologías utilizadas para calcular el tiempo térmico

Es conveniente determinar el grado de precisión de los modelos de tiempo térmico empleados como herramienta predictiva de la ocurrencia de procesos fenológicos. El modo más sencillo y rápido de comparación es a través de los coeficientes de variación de cada método. La información recogida a campo permitió determinar que el coeficiente de variación del método de los días calendario (Tabla 4) resultó significativamente mayor que el correspondiente a los métodos de suma térmica, por lo cual puede afirmarse que no es el más adecuado para predecir la floración femenina en concordancia con lo expresado en párrafos anteriores. En cambio, los resultados señalan al método Ontario (modelo no lineal) como el de mayor precisión por presentar la menor variación media expresada a través de su CV%. La utilización del CV% con fines comparativos tiene valor relativo porque la magnitud del mismo depende del valor de la media. Por lo tanto, conviene recurrir a un análisis efectuado a través de las desviaciones estándar en días (S_d) propuesta por Arnold (1959), y que según Aspiazú y Shaw (1972) constituye un mejor método de evaluación de los modelos de sumas térmicas porque expresa la variabilidad en días. Los resultados incluidos en la Tabla 4 también demuestran que la S_d correspondiente al número de días es superior a la de cualquiera de los métodos de cálculo de tiempo térmico y por ende permiten predecir con mayor precisión la ocurrencia de la fase R_1 . No se observaron diferencias significativas entre el coeficiente de variación correspondiente al método residual modificado y el método Ontario tal como fue indicado en publicaciones anteriores (Corcuera, 2013). Sin embargo, el menor valor de S_d calculado para este último permite sugerir que tiene el mayor nivel de confiabilidad predictiva tal como indicaron Confalone y Navarro Dujmovich (1999).

Tabla 4. Comparación de los métodos de cálculo del tiempo térmico a R_1 utilizando el coeficiente de variación (C.V.) y la desviación estándar en días (S_d).

Estadística	MODELOS EVALUADOS		
	GDD _{Gilmore&Rogers}	GDD _{modificado10/30}	Método Ontario
Media	741,3	716,2	1587,2
C.V.%*	10,6 a	9,2 b	8,4 b
S_d	6,5	5,6	5,1

Letras diferentes en el renglón indican diferencias significativas ($p \leq 0,05$)

Se procedió a realizar el análisis de agrupamiento de las líneas CIG utilizando dos caracteres no relacionados entre sí (tipo de grano= AM, CP o DR y ciclo FAO= 300-400, 500). El análisis se ejecutó seleccionando el algoritmo de conglomeración jerárquica UPGMA o método de ligamiento promedio desarrollado en 1958 por Sokal y Michener. El algoritmo UPGMA produjo conglomerados más afines a la estructura subyacente, ya que la correlación cofenética usando este método (0,908) fue mayor que la encontrada utilizando otras técnicas. El grado de disimilitud entre materiales se midió a través de las distancias Euclídeas.

El dendrograma que muestra el parecido entre las líneas CIG se presenta en la Figura 5. En el gráfico puede observarse que los genotipos tendieron a agruparse por la similitud entre los promedios de las variables cuantificadas en el estudio. En primer lugar, la mayor importancia para la asociación la mostró el tipo de grano ya que se

observan tres grupos conformados por las líneas a 0,0 unidades de la distancia de ligamiento promedio así como dos líneas CIG4 y CIG32 en forma separada. Luego se observa un conglomerado a 1,74 unidades de distancia en el cual están incluidas aquellas líneas cuyo tiempo térmico a floración femenina (R1) corresponde a la clase FAO 500. Un segundo conglomerado incluye a las líneas productoras de granos con almidón modificado CIG1, CIG6, CIG8 y CIG13 y ciclo FAO 300-400.

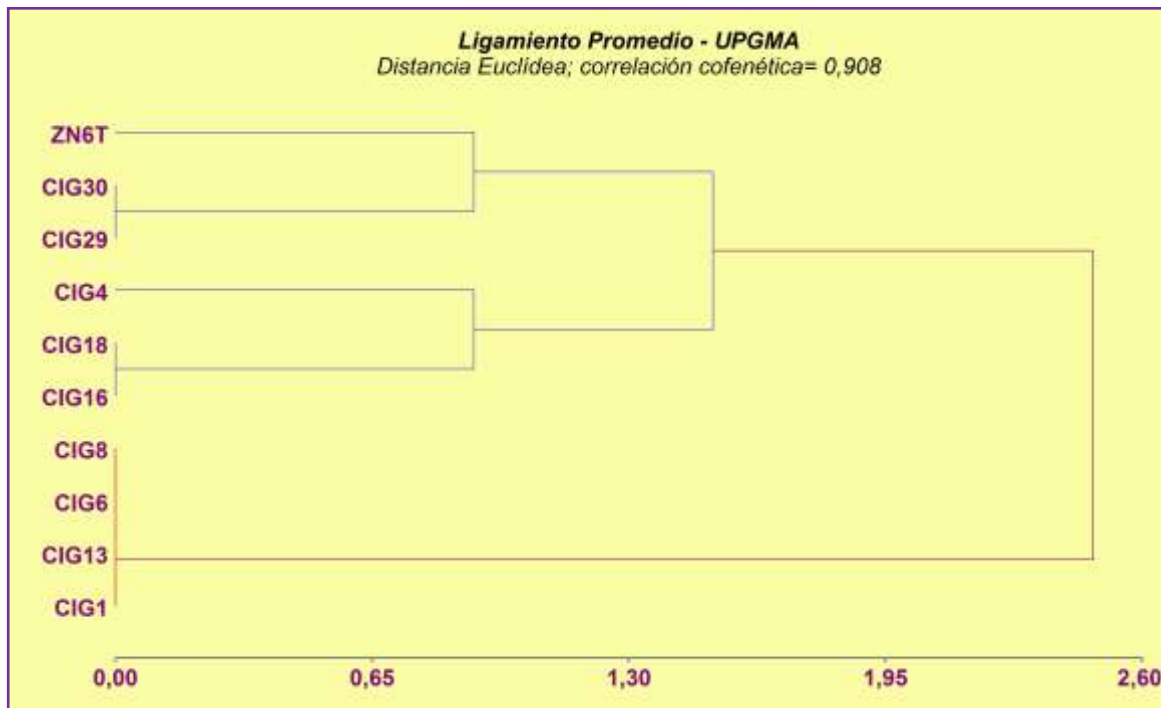


Figura 5. Dendrograma resultante del análisis de agrupamiento para las líneas CIG aplicando el algoritmo UPGMA sobre la matriz de distancia Euclídeas.

c. Análisis de la interacción genotipo-ambiente (IGA)

Existe una gran cantidad de métodos para el análisis de la IGA que pueden reunirse en cuatro grupos: el análisis de los componentes de la varianza, análisis de la estabilidad o acercamiento paramétrico, análisis multivariado y métodos cualitativos. El ambiente puede ser definido como el conjunto de circunstancias que modulan, enmarcan o condicionan el comportamiento de un individuo o de un grupo de individuos. La existencia de interacción genotipo-ambiente implica exploración y validación de genotipos en un amplio conjunto de ambientes.

c1. Análisis de la varianza

El ANAVA permite evaluar la magnitud y significancia de los efectos genotípicos, ambientales y de interacción genotipo x ambiente (González y De La Vega, 2005). Este método es el método más utilizado para identificar la existencia de interacción genotipo-ambiente (IGA) a partir de ensayos multi-ambientales. Los resultados del ANAVA en primer lugar indican que las líneas CIG se diferencian entre sí de modo muy significativo

Revista de Divulgación Técnica Agropecuaria, Agroindustrial y Ambiental. Facultad de Ciencias Agrarias. UNLZ. Vol. 4 (4) 2017: 3-34

INVESTIGACIÓN

Corcuera

Evaluación del número de días [...]

por el número de unidades térmicas de cultivo (CHU) necesarias para alcanzar la fase R1 calculado mediante el método Ontario (F_{9-135} : 308,4; $p \leq 0,01$). Asimismo, se hallaron diferencias altamente significativas entre ambientes (F_{14-135} : 53,1; $p \leq 0,01$) y para la interacción línea x ambiente (IGA) ($F_{126-135}$: 122,6; $p \leq 0,01$) (Tabla 5). La descomposición de la suma de cuadrados (% SC) incluida en la misma tabla evidencia que el componente ambiente constituye la principal fuente de variación total del tiempo térmico hasta floración femenina seguido de la interacción línea-ambiente.

Tabla 5. Cuadrado medio y partición de la suma de cuadrados para el tiempo térmico a floración calculado según el método Ontario

<i>F.V.</i>	<i>gl</i>	<i>CM</i>	<i>SC%</i>
AMBIENTE	14	199224,1 **	50,2
LINEA CIG	9	45484,3 **	7,4
AMBIENTE>REP	15	3755,4 **	1,0
LINEA CIG*AMBIENTE	126	18076,3 **	41,0
Error	135	147,5	0,4

**= diferencias altamente significativas ().

El ANAVA se completó con el cálculo de las diferencias mínimas significativas (DMS) para comparar las medias correspondientes a las líneas CIG y los ambientes en que se desarrollaron. Para ello, se aplicó la prueba de Fisher al nivel $\alpha = 0,05$ y los resultados se presentan en las Tablas 6 y 7.

Tabla 6. Comparación de medias de tiempo térmico a floración (Método Ontario) de las líneas CIG. DMS= 6,20119; Error= 147,4768; g.l.= 135.

LINEA	Medias
CIG13	1542,0 a
CIG18	1552,1 b
CIG1	1559,9 c
CIG6	1561,2 c
CIG8	1563,2 c
CIG32	1574,0 d
CIG30	1609,0 e
CIG4	1626,6 f
CIG16	1631,2 f
CIG29	1652,3 g

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0,05$)

Tabla 7. Comparación de medias de tiempo térmico a floración (Método Ontario) de los ambientes de evaluación. DMS= 41,30476; Error= 3755,3494; g.l.= 15.

AMBIENTE	Medias
L2	1422,6 a
L1	1426,0 a
C7	1516,2 b
C8	1536,2 b
C4	1536,3 bc
L3	1540,6 bc
C6	1577,6 cd
L5	1585,2 de
C1	1598,3 def
V1	1626,4 efg
C5	1627,3 fg
L6	1644,5 gh
C2	1672,2 hi
L4	1687,1 i
C3	1811, j

Medias con una letra común no son significativamente diferentes (p > 0,05)

La existencia de una IGA significativa implica que las diferencias halladas entre las líneas CIG no se mantuvieron constantes a través de los ambientes. La información de la Figura 6 que representa la regresión del efecto genotípico ($P_{ij} - \mu_{...}; P_{ij} = \text{media del genotipo } i \text{ en el ambiente } j$ y $\mu = \text{media general del ensayo}$) sobre el índice ambiental ($E_j - \mu_{...}; E_j = \text{media del ambiente } j$ y $\mu = \text{media general del ensayo}$), revela con toda claridad ese comportamiento disímil de líneas CIG a través de los ambientes, observándose cambios de rango (*interacción cross-over o cualitativa*) (Gail y Simon, 1985). La magnitud de la pendiente que caracteriza la respuesta específica de los genotipos en función de los quince ambientes de evaluación señala el nivel de dependencia de cada línea respecto de las condiciones ambientales. Asimismo, las disparidades observadas en la respuesta genotípica reflejan la capacidad de adaptación o plasticidad de los materiales (Duque, 2007).

Los genes no determinan en forma absoluta el fenotipo, sino que permiten un rango de expresiones en función del perfil genético, de las condiciones de desarrollo del organismo, del estado específico de los tejidos y del ambiente (Duque, 2007). En lo referente al ambiente, Voltas *et al.* (2002) señalan que el régimen térmico, entre otros, juega un papel primario en la ocurrencia de la IGA, ya que la temperatura gobierna el desarrollo de la planta al disparar o iniciar las fases de crecimiento y modular su duración. La estructura genética del material vegetal también tiene relación con la magnitud de la IGA. Annichiarico (2002) puntualiza que aquellos genotipos caracterizados por pocos niveles de heterogeneidad (p. ej= líneas puras y endogámicas, híbridos simples, clones) o heterocigosis (líneas puras y endogámicas) tienden a interactuar con el ambiente más que los tipos de variedades con comportamiento opuesto (variedades de polinización abierta, mezclas de líneas puras) porque son

menos ricos en genes de adaptabilidad y por lo tanto su estructura genética los hace más susceptibles frente a variaciones de las condiciones ambientales.



Figura 6. Respuesta específica de las líneas CIG a los diferentes ambientes de evaluación

En sistemas genotipo-ambiente complejos, la interacción genotipo x ambiente (IGA), definida como cambios en el comportamiento relativo de los genotipos cuando son evaluados en ambientes diferentes, suele explicar una proporción de variación superior a aquella explicada por el efecto genotípico (Chapman *et al.*, 1997), lo que genera incertidumbre en la medida de la superioridad general de un cultivar (González y De La Vega, 2005). En el ensayo multi-ambiental analizado en este trabajo se observa que la varianza del componente de la interacción (IGA) resultó significativa se puede aplicar uno o más de los métodos de evaluación de la estabilidad para identificar a los genotipos de comportamiento consistente.

c2. Análisis de la estabilidad de los genotipos mediante enfoque paramétrico

Durante décadas los

hecho, según el objetivo y la naturaleza del carácter considerado existen dos conceptos diferentes: estabilidad estática y estabilidad dinámica (Becker y León, 1988). Para algunos autores, estabilidad es consistencia en el tiempo y adaptabilidad es consistencia en el ambiente, por lo cual la interacción genotipo x ambiente (σ^2_{ga}) estaría relacionada con la adaptabilidad (Duque, 2007). La interacción genotipo-ambiente ofrece no sólo la posibilidad de seleccionar y adoptar genotipos que muestran interacción positiva con una localidad y sus condiciones ambientales prevaecientes sino también interpretar con claridad la adaptación en sentido amplio y estricto (Kang, 1990; Kang *et al.*, 2004).

c2.1 Estabilidad en sentido biológico o estático

La estabilidad fenotípica en sentido estático o biológico (*estabilidad tipo I*) fue estimada por primera vez por Roemer en 1917, y más tarde por numerosos autores, utilizando la varianza genotípica a través de los ambientes incluidos en un MET como una medida de la varianza ambiental del genotipo (S^2_{xi}). Francis y Kannenberg (1978) emplearon el coeficiente de variabilidad (CV%) para describir la estabilidad de los genotipos en sentido estático basándose en las desviaciones desde el efecto genotípico medio. Ambos estadígrafos (S^2_{xi} , CV%) son útiles para evaluar la estabilidad genotípica en un rango completo de ambientes. El uso del concepto de estabilidad tipo I o biológica es particularmente interesante para los caracteres que deben ser mantenidos a cualquier costo como por ejemplo calidad, resistencia, tolerancia al estrés y, por supuesto, también resulta apto para caracteres de ciclo.

En la Tabla 8 se incluyen los valores de S^2_{xi} , CV% y su respectiva clasificación por rangos para el tiempo térmico necesario para alcanzar la fase R₁ medido por el método Ontario para aquéllos genotipos incluidos en el MET analizado. El reducido valor de S^2_{xi} y CV% hallado para los genotipos CIG1, CIG4, CIG6 y el testigo ZN6 indica que se comportan de modo casi constante en los distintos ambientes resultando los más estables según esta perspectiva de análisis. En cambio, CIG8, CIG16 y CIG30 manifestaron desvíos a partir del nivel esperado para el carácter o sea que no se comportaron establemente.

Tabla 8. Estadígrafos paramétricos univariados para determinar estabilidad en sentido estático.

LÍNEA	Concepto estático			
	CV%	Rango	S^2_{xi}	Rango
CIG1	6,7	2	11018,9	2
CIG4	6,3	1	10579,8	1
CIG6	7,6	4	14028,0	4
CIG8	10,6	10	27692,0	10
CIG13	8,9	6	18915,7	5
CIG16	9,4	9	23622,5	9
CIG18	9,1	7	19820,3	7
CIG29	8,5	5	19761,4	6
CIG30	9,2	8	21754,5	8
ZN6-T	7,5	3	13760,6	3

En la Figura 7, según la aproximación gráfica propuesta por Francis y Kannenberg (1978), se contrasta el valor promedio de tiempo térmico a R₁ contra el coeficiente de variación medio calculado para cada genotipo. Esto permite evaluar conjuntamente el comportamiento y estabilidad biológica de grupos de materiales más que el de genotipos aislados. Debido a que el valor medio de tiempo térmico de las líneas endogámicas CIG6, CIG1 y del testigo ZN6 resultó inferior a la media del ensayo y que su CV es $\geq 6,7\%$ y $\leq 7,6\%$ se ubican en el cuadrante IV de la Figura 7 y junto a CIG1 ubicada en el cuadrante I resultan ser las más estables de la serie estudiada. En cambio, las líneas CIG16, CIG29 y CIG30 ubicadas en el segundo cuadrante y las líneas más precoces CIG8, CIG13 y CIG18 posicionadas en el tercer cuadrante de la Figura expresan una mayor variación para el carácter de interés de lo cual se deduce que su estabilidad en sentido estático resulta menor.

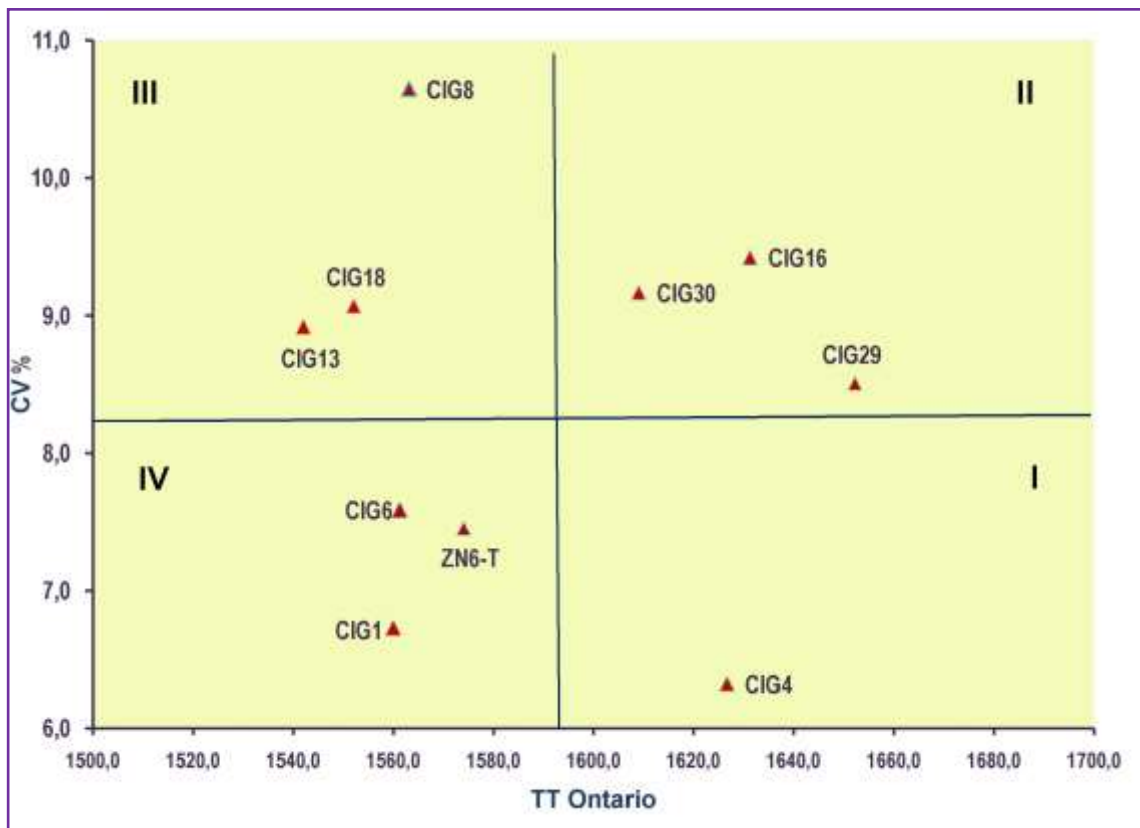


Figura 7. Tiempo térmico del sub período nacimiento-R1 versus CV% de las líneas CIG evaluadas en quince ambientes.

c2.2 Estabilidad en sentido dinámico

El análisis de varianza combinado mostró diferencias altamente significativas para ambientes, genotipos y también para la IGA demostrando que existe una respuesta diferencial de los genotipos a través de los ambientes. De ahí se justifica realizar el análisis de regresión conjunta que relaciona los efectos de genotipos, en forma independiente dentro de cada ambiente, con los efectos ambientales (Rodríguez Pérez *et al.*, 2002).

La respuesta genotípica para el tiempo térmico a floración femenina fue estimada mediante el índice de regresión (b_i) de Finlay y Wilkinson (1963) mientras que la estabilidad se evaluó calculando los desvíos a partir de la regresión (S^2_{di}) según el modelo de Eberhart y Russell (1966) y también aplicando el coeficiente de determinación (r^2) propuesto por Pinthus (1973). Debido a que el análisis de regresión conjunta según el modelo de Eberhart y Russell presenta algunas imprecisiones, se corroboró el nivel de estabilidad de los híbridos HC aplicando el estadígrafo propuesto por Wricke (1962) tal como recomiendan Lin *et al.* (1986) (ver Tabla 9).

Tabla 9. Estadígrafos paramétricos univariados para determinar la estabilidad en sentido dinámico o agronómico (tipo II)

LÍNEA	Concepto dinámico							
	Wi	Rango	b_i	Rango	S^2_{di}	Rango	r^2	Rango
CIG1	130389,2	7	0,59	6	8107,8	6	0,26	9
CIG4	81968,8	3	0,74	4	5487,7	2	0,48	7
CIG6	168490,3	10	0,60	5	11110	9	0,21	10
CIG8	109593,9	5	1,50	8	5679,5	3	0,79	2
CIG13	152117,7	9	0,90	2	11454	10	0,39	8
CIG16	63084,8	1	1,46	7	2551,8	1	0,89	1
CIG18	114149,0	6	1,09	1	8590,5	7	0,57	4
CIG29	109593,9	5	1,50	8	5679,5	3	0,79	2
CIG30	132453,9	2	0,72	5	7000	8	0,60	3

Cuando se analiza la estabilidad de un genotipo a través del análisis de regresión conjunta (JLR= *Joint Linear Regression*), Finlay y Wilkinson definen a un genotipo cuyo $b_i \sim 1$ como de estabilidad promedio. Esos materiales genéticos expresan estabilidad en sentido agronómico o dinámico (*estabilidad tipo 2*) la cual tiene valor relativo porque depende de los genotipos incluidos en el ensayo. Los genotipos agronómicamente estables mantienen un nivel constante de comportamiento y según Becker y León (1988) es posible predecir su respuesta ambiental. Según esta interpretación del enfoque de regresión, las líneas CIG13, CIG18, CIG29, CIG30 y el testigo ZN6 son estables porque muestran una respuesta promedio paralela a la media de los demás materiales genéticos que formaron parte del ensayo (ver Tabla 9 y Figura 8). Las líneas CIG1 y CIG6 presentan una estabilidad mayor al promedio pero más adaptadas a ambientes que favorecen ciclos más cortos a floración femenina. En cambio, las líneas CIG8 y CIG16 presentan altos valores de b_i revelando una extrema sensibilidad o menor nivel de estabilidad frente a cambios en el ambiente. Es prudente destacar que estos resultados sólo permiten aseverar que las líneas identificadas como estables lo son en relación a los demás genotipos comprendidos en el MET sin seguridad de que aparezcan como estables si se los prueba dentro de otro juego de genotipos.

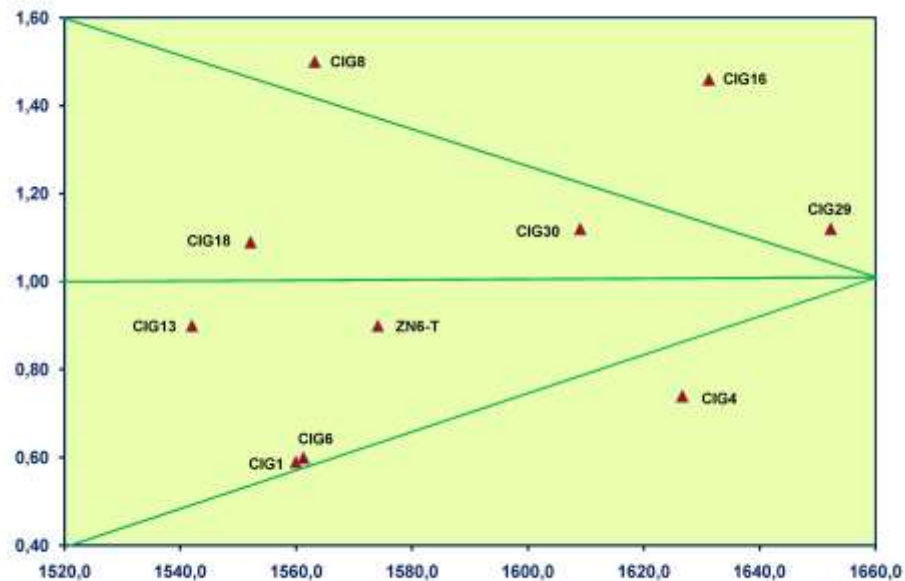


Figura 8. Coeficiente de regresión b_i versus tiempo térmico a floración femenina R1 calculado mediante el método no lineal Ontario

En cualquier caso, las diferentes interpretaciones que pueden hacerse del coeficiente de regresión de Finlay y Wilkinson indican que aquellos genotipos cuyo b_i es significativamente diferente de la unidad son los mejor adaptados a los ambientes más extremos incluidos en el MET.

Además de la interpretación de los resultados presentada en los párrafos anteriores, Eberhart y Russell (1966) propusieron realizar el análisis de regresión utilizando los cuadrados medios residuales a través de los ambientes como una medida de la estabilidad y definieron como cultivar estable cualquiera cuyo parámetro S^2_{di} sea cercano o igual a cero (*estabilidad tipo 3*). En la Tabla 9 también se incluyeron los resultados de este análisis. La línea con menor valor de S^2_{di} para el carácter tiempo térmico a floración femenina es CIG16 seguida por CIG4, CIG8, el testigo ZN6 y CIG29. Los valores más altos de S^2_{di} (*mayor inestabilidad tipo 3*) corresponden a las líneas CIG30, CIG6 y CIG13. Los resultados alcanzados indican que las varianzas de las desviaciones de regresión (S^2_{di}) difieren de cero y esto puede interpretarse como señaló Westcott (1985) que el modelo no es satisfactorio para evaluar la estabilidad de estos genotipos. Sin embargo, como también señala este autor, al aplicar este modelo se debe ser cauto en calificar como inestables a los genotipos con altos valores de S^2_{di} porque la magnitud de esta medida no resulta necesariamente de irregularidades en el comportamiento del material sino que puede deberse a un patrón de respuesta diferente al de la mayoría de los genotipos incluidos en el ensayo.

Las líneas endogámicas CIG4, CIG29 y el testigo ZN6 fueron identificadas por los dos métodos de regresión conjunta como las de comportamiento más estable en relación al carácter fisiológico estudiado.

El coeficiente de determinación (r^2) propuesto por Pinthus (1973) según Nguyen *et al.* (1980) constituye la medida de la estabilidad más deseable porque, al estar estandarizado, los resultados entre experimentos son directamente comparables independientemente de la escala de medición empleada. Los valores de r^2 pueden variar entre 0 y 1 y denotan la fuerza de la asociación lineal entre el índice ambiental y cada uno de los caracteres de ciclo. Cualquier genotipo con un r^2 igual o cercano a 1,0 se considera estable. Los valores de r^2 para tiempo térmico a floración femenina que aparecen incluidos en la Tabla 9 fluctuaron entre 0,21 (CIG6) y 0,89 (CIG16). Según este análisis, las líneas de endocría prolongada CIG4, CIG8, CIG16 y el testigo ZN6 resultaron ser las más estables para el carácter tiempo térmico a floración femenina. Estos resultados sugieren que la regresión lineal sobre el índice ambiental explica la mayor proporción de la variación registrada para el carácter fisiológico considerado. Los parámetros b_i y S^2_{di} pueden interpretarse de manera conjunta según propusieron Haufe y Heidel (1978). Esto permite determinar si un genotipo es estable o no frente a condiciones ambientales variables. En la Figura 9 se presenta esta interpretación del enfoque de regresión. Los genotipos con valor elevado de S^2_{di} ; $b_i < 1,0$ no son estables y se adaptan mejor a los ambientes que favorecen un acortamiento del ciclo a floración femenina que se traduce en menor tiempo térmico. En cambio, aquellos materiales genéticos con alto S^2_{di} pero $b_i > 1,0$ tampoco son estables y se adaptan mejor a los ambientes que promueven un ciclo más largo hasta la fase de floración R1. Por el contrario, la línea CIG4 y el testigo ZN6 con reducido valor de S^2_{di} y $b_i < 1,0$ pueden ser considerados estables y adaptados a los ambientes que favorecen un acortamiento del ciclo a floración. En cambio, las líneas CIG8 y CIG16 que también tienen bajo S^2_{di} pero $b_i > 1,0$ son estables y se adaptan mejor a los ambientes que promueven un alargamiento del ciclo.

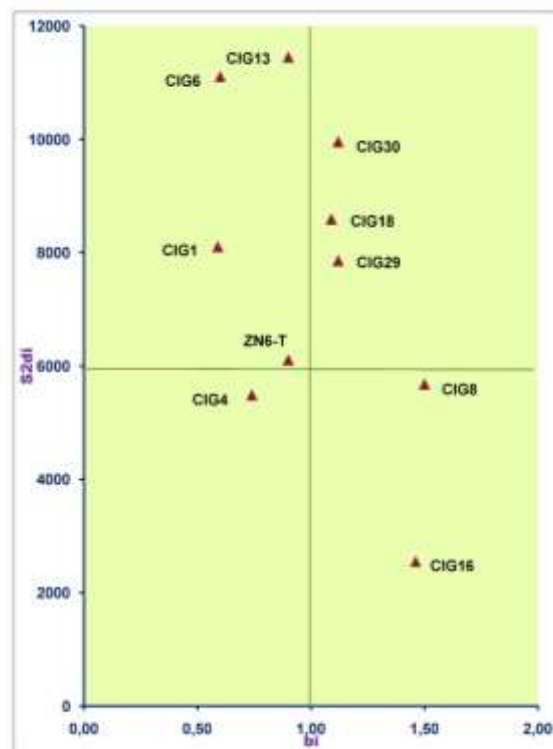


Figura 9. Interpretación de los parámetros S^2_{di} y b_i para el enfoque de regresión según Haufe y Heidel

Debido a que el análisis de regresión conjunta según el modelo de Eberhart y Russell presenta algunas imprecisiones, se corroboró el nivel de estabilidad de los híbridos HC para sus caracteres de ciclo aplicando el estadígrafo propuesto por Wricke (1962) tal como recomiendan Lin *et al.* (1986). Wricke definió el concepto de ecovalencia (W_i) como la contribución de cada genotipo a la suma de cuadrados de la IGA y lo aplicó para evaluar la estabilidad genotípica. Los genotipos que muestran menores valores de W_i son los que tienen menores variaciones de comportamiento a través de los ambientes, contribuyen a la IGA en menor grado y son más estables. Se determinó la ecovalencia de Wricke para las nueve líneas CIG y el testigo ZN6 cultivados en tres localidades entre los años 2000/01-2016/17 (ver Tabla 9). Las líneas CIG4, CIG16, CIG29 y el testigo ZN6 son las de comportamiento más consistente o estable (*estabilidad tipo 2*) y tienen mayor ecovalencia presentando los valores más bajos de rango. Estos resultados, aunque con algunas diferencias en el orden de rangos, conservan similitud con los obtenidos mediante las interpretaciones del análisis de regresión conjunta.

Crossa (1990) concluyó que cuando se trata de determinar mediante el análisis de regresión cuales son los genotipos superiores, los fitogenetistas tienen dificultad en conjugar el promedio del carácter bajo estudio, la pendiente o gradiente y los desvíos desde la regresión ya que la respuesta de los genotipos al ambiente es intrínsecamente multivariada y el análisis de regresión intenta transformarla en un problema univariado (Lin *et al.*, 1986).

c3. Análisis de la estabilidad de los genotipos mediante enfoque no paramétrico

Los métodos no-paramétricos o de libre distribución no hacen suposiciones estrictas acerca de la distribución de datos. En particular, los estadísticos desarrollados por Huehn (1990a) y Nassar & Huen (1987) fueron utilizados ampliamente para determinar la estabilidad genotípica. Huehn (1990a, 1990b) propuso los estadísticos $S_i^{(3)}$ y $S_i^{(6)}$ para evaluar conjuntamente el comportamiento y la estabilidad genotípica. Siguiendo las recomendaciones de Becker & Leon (1988) y Karimizadeh *et al.* (2012) se calcularon los estadísticos de Huehn en base a los valores X_{ij} originales sin corregir por efectos genotípicos para poder evaluar la estabilidad en sentido dinámico o agronómico. En este estudio, ambos estadígrafos combinan el tiempo térmico a floración femenina y la estabilidad en base a los rangos de suma térmica de los genotipos en cada ambiente de evaluación. El valor más bajo de cada uno de ellos indica la máxima estabilidad. Los resultados de este análisis se presentan en la Tabla 10. De tal forma, $S_i^{(3)}$ identificó a CIG16, CIG18 y CIG29 como los materiales de comportamiento más estable. Por su parte, $S_i^{(6)}$ señaló a CIG4, CIG16 y CIG29 como las líneas más estables.

Se empleó el coeficiente de rangos de Spearman (r_s) para comparar los rangos de estabilidad atribuidos a cada genotipo mediante estos estadísticos no paramétricos. Los resultados indican una asociación altamente significativa entre $S_i^{(3)}$ y $S_i^{(6)}$ ($r_s = 0,74$; $0,01; t = 3,16$).

Tabla 10. Estadígrafos paramétricos univariados para determinar la estabilidad de las líneas ensayadas en relación al tiempo térmico a floración femenina R1.

LÍNEA	TIPO	$S_i^{(3)}$	Rango	$S_i^{(6)}$	Rango
CIG1	AM	37,2	9	9,4	9
CIG4	AM	14,0	4	5,3	3
CIG6	AM	48,5	10	13,5	10
CIG8	AM	14,5	5	6,0	4
CIG13	AM	15,4	6	7,1	8
CIG16	CP	7,9	1	4,3	1
CIG18	CP	11,8	2	6,8	7
CIG29	DR	12,8	3	5,0	2
CIG30	DR	17,1	7	6,7	6
ZN6-T	Vítreo-T	20,3	8	6,3	5

c4. Análisis de la estabilidad de los genotipos mediante análisis multivariado

Los ensayos multiambientales (MET) permiten evaluar genotipos a través de varios ambientes y son una de las herramientas más utilizadas en investigación agrícola para estudiar la interacción genotipo-ambiente (IGA) que constituye una constante preocupación de los fitomejoradores, dificulta la elección y recomendación de genotipos estables y ralentiza el proceso de selección (de León Castillo *et al.*, 2005). Para analizar la información obtenida a través de un MET frecuentemente se emplea el modelo AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) (Zobel *et al.*, 1988; Gauch, 1988) y/o los modelos de regresión por sitio (SREG) GGE (*Genotype Main Effects and Genotype x Environment Interaction Effects*) o GEE (*Environment Main Effects and Genotype x Environment Interaction Effects*) (Cornelius *et al.*, 1996; Crossa y Cornelius, 1997, 2002; Yan *et al.*, 2000; Yan y Hunt, 2002; Yan y Tinker, 2005). Aunque los modelos AMMI y SREG son equivalentes en cuanto a precisión de resultados, el primero es decididamente superior para visualizar patrones de comportamiento a partir de la información recogida en los MET (Gauch, 2006). El modelo AMMI posibilita estimar la estabilidad genotípica, evaluar localidades y por lo tanto clasificar ambientes (Crossa *et al.*, 1990).

La descomposición de la suma de cuadrados total (*análisis de la varianza, apartado c1.*) para tiempo térmico a R₁ mostró una participación mayor del componente ambiental (50,2%) y también significativa para la IGA (41,0%). Debido a ello y a que los estadísticos paramétricos representan diferentes conceptos de la estabilidad y no brindan un cuadro completo de la respuesta genotípica al ambiente se profundizó en el estudio de la estabilidad e interacción genotipo-ambiente desde un enfoque multivariado a través del método de los componentes principales utilizando dos modelos= AMMI 1 y SREG-GGE.

Los gráficos son una herramienta poderosa para visualizar patrones en grandes y complejos juegos de datos (Gauch, 2006) y el modelo AMMI permite trazar esquemas bidimensionales que aportan información de los efectos principales genotípicos,

ambientales y sus interacciones al mismo tiempo. El modelo AMMI1 permitió generar un gráfico bidimensional junto con el descriptor fisiológico analizado para todas las líneas incluidas en este estudio para representar las similitudes de genotipos y de ambientes (Rodríguez Pérez *et al.*, 2002) y así visualizar el patrón de comportamiento en un juego complejo de datos (Gauch, 2006) (ver Figura 10). Los genotipos con puntuaciones IPCA de signo positivo (≥ 0) responden favorablemente o se adaptan a los ambientes que también tienen puntuaciones IPCA ≥ 0 , es decir que en estas combinaciones genotipo – ambiente se registran interacciones positivas. En la Figura 10 se observa que las líneas CIG1, CIG13, CIG18 y el testigo ZN6 se adaptan a casi todos los ambientes vinculados a la localidad Castelar y también a L1, L2 y L6. En contraste, las demás líneas mostraron preferencia por el resto de los ambientes. La línea CIG29 y el testigo ZN6 mostraron la menor interacción con puntuaciones AMMI cercanas a cero para el IPCA1 y por ende son los genotipos más estables. Este resultado coincide con el enfoque de regresión y con el análisis no paramétrico utilizando el estadígrafo $S_i^{(6)}$. Los desplazamientos a lo largo del eje de abscisas indican diferencias en los efectos principales (aditivos). Por ejemplo, la línea CIG29 presenta el mayor requerimiento o tiempo térmico a R1 y por el contrario CIG13 es la de ciclo más corto y con menor tiempo térmico a igual fase. La mitad de los ambientes vinculados a la localidad de Castelar (Prov. Bs. As.) (C4, C6, C7 y C8) se asocia a los ciclos más cortos a floración y con menor requerimiento de tiempo térmico. Los ambientes C1, C3, L3, L6 y V1 así como las líneas CIG1, CIG6, CIG13 y CIG30 se mostraron extremos en el rango de variación del IPCA1 y por lo tanto aportaron la máxima contribución a la interacción genotipo-ambiente.



Figura 10. Tiempo térmico a floración femenina calculado según el método Ontario versus las coordenadas de genotipos y ambientes del IPCA1-Modelo AMMI1.

Los modelos bidimensionales de regresión por sitio SREG-GGE permiten analizar la estabilidad genotípica y son aconsejables cuando los sitios o ambientes constituyen la fuente de variación más importante en relación con la contribución de los genotipos y la interacción genotipo-ambiente sobre la variabilidad total lo cual es muy común en la práctica (Balzarini *et al.*, 2007). Los componentes G y GE deben ser tenidos en cuenta simultáneamente para tomar decisiones respecto de la selección de un cultivar y por esta razón, Yan *et al* (2000), los juntaron deliberadamente y llamaron a la mezcla GGE.

Los dos primeros ejes (IPCA) de la Figura 11 explicaron el 97,9% de la variación del sistema genotipo-ambiente analizado por tiempo térmico a floración femenina (R_1). Solamente el IPCA1 explicó el 89,1% para el descriptor evaluado mientras que el IPCA2 fue el responsable del 8,8 de la IGA. Al trazar las puntuaciones de ambos ejes principales se forma un polígono con las líneas que quedan en la parte externa del gráfico. Éstas fueron CIG13, CIG30, CIG29 y el testigo ZN6. Los genotipos que marcan los vértices del envolvente (CIG13 y CIG29) presentan comportamiento extremo, es decir que expresaron el menor o mayor requerimiento de tiempo térmico a a floración femenina. Las líneas CIG4, CIG16 y el testigo ZN6 cuyo tiempo térmico a R1 permite clasificarlas como clase FAO 500 aparecen incluidas en el cuadrante o mega-ambiente que contiene a las tres localidades de evaluación. Eso significa que son las líneas de mayor tiempo térmico a R1 en cualquiera de las localidades de evaluación. En particular, la línea CIG29 presentó el mayor tiempo térmico a R1 en los ambientes considerados en el MET. En el mismo cuadrante se observa que CIG4 y el testigo ZN6 aparecen íntimamente asociadas a la localidad Virrey del Pino en la cual junto a CIG29 resultaron las de mayor requerimiento térmico a floración femenina. Por el contrario, todas las líneas categorizadas como clase FAO 300-400 junto a CIG18 se distribuyen en un mega-ambiente que no está vinculado con ninguna localidad.

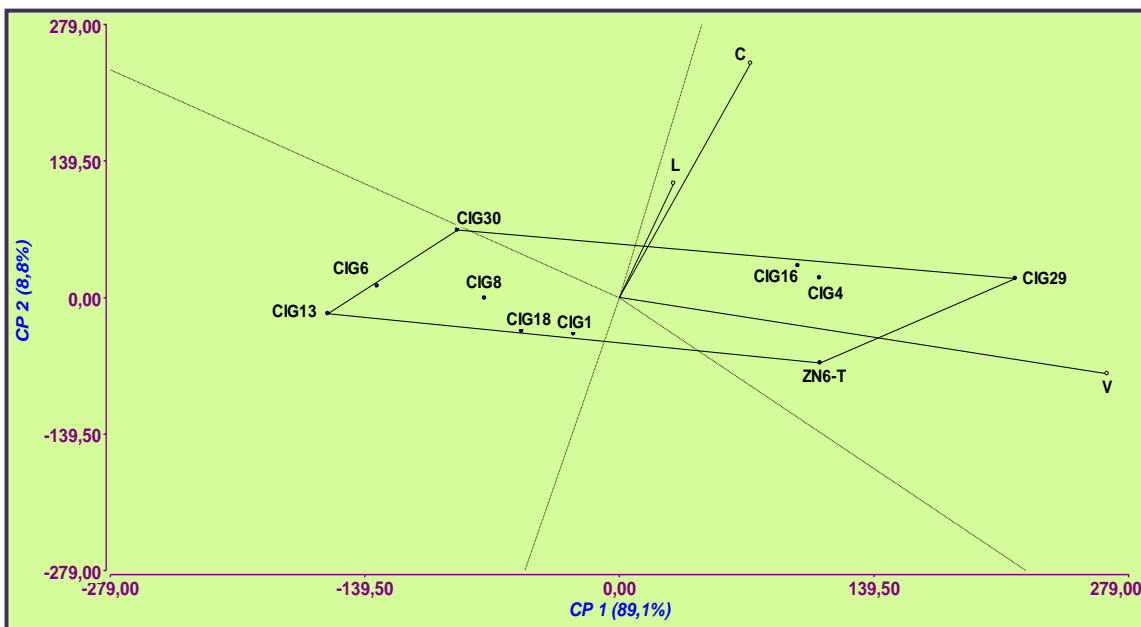


Figura 11. Gráfico bidimensional asociado al modelo SREG-GGE para el carácter tiempo térmico a floración R1 de líneas endogámicas de uso especial.

El ángulo observado entre los vectores de Castelar y Llavallol de la Figura11 es estrecho sugiriendo que estas localidades de la provincia de Buenos Aires influyen de Revista de Divulgación Técnica Agropecuaria, Agroindustrial y Ambiental. Facultad de Ciencias Agrarias. UNLZ. Vol. 4 (4) 2017: 3-34

forma similar sobre el comportamiento genotípico relativo y conforman un mismo grupo ambiental porque los ambientes adyacentes son análogos en la manera que discriminan entre genotipos (de la Vega y de la Fuente, 2003). En cambio, el ángulo que se observa entre los vectores correspondientes a esas localidades y la de Virrey del Pino es igual o cercano a 90° apuntando que entre cualquiera de las dos primeras localidades y esta última prevalece una IGA de mayor magnitud. Asimismo los vectores de Llavallol y Castelar son más cortos que el correspondiente a Virrey del Pino sugiriendo que son ambientes con menor variabilidad o que la misma está contenida en otro componente principal (IPCA) no representado en este gráfico bidimensional.

Conclusiones

Las alteraciones en la provisión de recursos edafo-climáticos inducen modificaciones en el desarrollo que son responsables de las alteraciones que pueden observarse en la duración de los subperiodos del cultivo a través de localidades, años y fechas de siembra (Andrade *et al.*, 1996). Las diferentes fechas de siembra promovieron disparidades significativas en los residuos térmicos diarios acumulados y por ende en la suma térmica a R_1 que sería entonces uno de los principales factores subyacentes a la interacción genotipo-ambiente frente a la falta de restricciones hídricas y nutricionales de los ensayos de evaluación. No obstante, 4/9 de las líneas endogámicas evaluadas resultaron precoces a floración femenina (clase FAO 300-400) mientras que el resto junto al testigo ZN6 expresaron ciclo medio hasta igual fase.

Los coeficientes de variación y la desviación estándar en días calculados para el térmico hasta R_1 resaltaron al método de cálculo no lineal (Ontario) como el de mayor precisión para predecir el momento de ocurrencia de la floración.

El ANAVA señaló que el ambiente fue el factor principal o más relevante en la determinación de las diferencias de tiempo térmico a R_1 halladas entre las líneas endogámicas CIG incluidas en este estudio. Asimismo, este análisis evidenció una notoria interacción genotipo-ambiente (IGA) en las líneas CIG. Los cambios de rango observados en las líneas reflejan la capacidad de adaptación o plasticidad de las mismos frente a los cambios ambientales. En el complejo sistema genotipo-ambiente analizado, la IGA promovió una mayor proporción de la variación total que el efecto genotípico por lo que indujo cierto nivel de imprecisión sobre la superioridad de un genotipo complicando en parte la elección de genotipos.

Los resultados del análisis univariado a través del coeficiente de variabilidad CV% (Francis y Kannenberg, 1978) así como mediante la varianza ambiental (Roemer, 1917) coincidieron en señalar a las líneas CIG1, CIG4 y CIG6 junto al testigo ZN6 como las más estables en sentido estático o biológico o con mayor capacidad tampón (*estabilidad tipo I*).

El análisis de regresión conjunta (Finlay y Wilkinson, 1963; Eberhart y Russell, 1966) permitió identificar a las líneas endogámicas CIG4 y CIG29 junto al testigo ZN6 como las de comportamiento más estable en sentido agronómico o dinámico (*estabilidad tipo 2*) en relación al carácter fisiológico analizado en este grupo de genotipos de uso especial ensayados a través de varios ambientes. Por otra parte, el método de ecovalencia (Wricke, 1962) identificó a las líneas CIG4, CIG16 y CIG29 junto al testigo ZN6 como de máxima estabilidad en sentido agronómico. Estos resultados, aunque con algunas

INVESTIGACIÓN

Corcuera

Evaluación del número de días [...]

diferencias en el orden de rangos, conservan similitud con los obtenidos mediante las interpretaciones del análisis de regresión conjunta.

Utilizando el coeficiente de determinación r^2 (Pinthus, 1973) se determinó que las líneas CIG4, CIG8, CIG16 y el testigo ZN6 resultaron ser las más estables para el carácter tiempo térmico a floración femenina. Estos resultados sugieren que la regresión lineal sobre el índice ambiental explica la mayor proporción de la variación registrada para el carácter fisiológico

El análisis de estabilidad no paramétrico $S_i^{(3)}$ y $S_i^{(6)}$ (Huehn, 1990) identificó a las líneas CIG4, CIG16 y CIG29 como las de mayor estabilidad.

El análisis multivariado mediante el modelo AMMI 1 permitió identificar a los ambientes L3, L6, C2 y C7 como extremos en el rango de variación del primer eje del análisis de componentes principales de la interacción (IPCA1), mientras que la línea CIG29 y el testigo ZN6 resultaron los genotipos de comportamiento más predecible según esta perspectiva de análisis. El gráfico bidimensional de regresión por sitio SREG-GGE permitió identificar a la línea CIG29 como la de mayor requerimiento térmico a floración femenina en todas las localidades de evaluación incluidas en el MET mientras que la línea CIG13 resultó su contraparte debido a sus exigencias de tiempo térmico para alcanzar igual fase del cultivo. Las líneas CIG4, CIG16 y CIG29 junto al testigo ZN6 se asociaron fuertemente con las tres localidades del MET que influyeron de modo análogo sobre el comportamiento genotípico relativo y por ende conforman un mismo grupo ambiental o mega-ambiente.

Bibliografía

Andrade, F.H., Cirilo, A., Uhart, S., Otegui, M. 1996. *Ecofisiología del Cultivo de Maíz*, 1ra. Edición, Dekalb Press, Balcarce (Buenos Aires), ISBN 987-96163-0-8.

Annicchiarico, P. 2002. *Genotype x Environment Interaction*. Challenge And Opportunities for Plant Breeding and Cultivar Recommendations. Food And Agriculture Organization of the United Nations. ISBN 92-5-104870-3.
Disponibile en= <http://www.fao.org/DOCREP/005/Y4391E/y4391e00.htm#Contents>

Arnold, C. 1959. The Determination and Significance of the Base Temperature in a linear unit system. *Proc. of the Amer. Soc. for Hort. Sci.* 74: 430-445.

Aspiazu, C. 1971. Pronóstico de fases en cultivos de maíz dentado mediante suma de temperaturas. *Rev. Fac. Agron. y Vet.*, Buenos Aires, 19 (1-2): 61-69.

Aspiazu, C., Shaw, R.H. 1972. Comparison of several methods of growing degree-unit calculations for corn (*Zea mays* L.). *Journal of Science* vol. 46 (4): 435-442.

Balzarini, M., Bruno, C., Arroyo, A. 2007. Análisis de ensayos agrícolas multiambientales. Ejemplos con Ingo-Gen. *Estadística y Biometría*, Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, 140 págs., ISBN 987-05-0349-7.

Baron, V., Shaykewich, C.F., Hamilton, R.I. 1975. Relation of corn maturity to climatic parameters. *Can. J. Soil Sci.* 55: 343-347.

INVESTIGACIÓN

Corcuera

Evaluación del número de días [...]

Bartholomew, P.W., Williams, R.D. 2005. Cool-season grass development response to accumulated temperature under a range of temperature regimes. *Crop Sci.* 45:529–534.

Becker, H.C., León, J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breed.* 101:1-23.

Bonhomme, R. 2000. Bases and limits to using "degree. day" units. *European J. of Agronomy* 13(2000): 1-10.

Brown, D.M. 1978. Heat units for corn in Southern Ontario. *Ont. Minist. Agric. Food Factsheet, Agdex 111/31, Order No. 75-077.*

Brown, D.M., Bootsma, A. 1993. Crop heat units for corn and other warm season crops in Ontario. *Ont. Minist. Agric. Food Factsheet, Agdex 111/21, ISSN 0025-7882.* Ontario Ministry of Agriculture and Food, Queen's Park, ON, Canada.

Camussi, A., Spagnoletti Zeuli, P.L., Melchiorre, P. 1983. Numerical taxonomy of Italian maize populations: genetic distances on the basis of heterotic effects. *Maydica* 28: 411-424.

Camussi, A., Ottaviano, E., Calinski, T., Kaczmarek, Z. 1985. Genetic distances based on quantitative traits. *Genetics* 111: 945-962.

Chapman, S.C., Crossa, J., Edmeades, G.O. 1997. Genotype by environment effects and selection for drought tolerance in tropical maize. I. Two mode pattern analysis of yield. *Euphytica* 95: 1-9.

Cicogna, A, Gani, M., Susnik, A., Matajca, I. 1997. Disponibilità energetica per le colture di mais e di girasole nel Friuli Venezia Giulia e nella Slovenia. Enti attuatori della collaborazione italo-slovena. Allegato tecnico alla relazione finale per l'anno 1997. Commissione permanente mista italo-slovena per la difesa comune antigrandine Sottocommissione per l'Agrometeorologia

Comstock, R.E., Moll, R.H. 1963. Genotype-environment interactions. *Symposium on Statistical Genetics and Plant Breeding.* NAS-NRC Pub. 982. Hanson, W.D. y Robinson, H.F. (eds.). Washington pp. 164-196.

Confalone, A.E., Navarro Dujmovich, M. 1999. Comparación de modelos de tiempo térmico para maíz. *Revista Brasileira de Agrometeorología* vol. 7(2): 207-211.

Corcuera, V.R., Naranjo, C.A. 2005. Evaluation and analysis of heat unit requirements for silking in waxy and quality protein maize inbreds developed in Argentina. *Maize Genet. Coop. Newslett* 79: 23, Univ. of Missouri, USA.

Corcuera, V.R. 2013. Mejora Genética del Maíz. Desarrollo de Híbridos de Uso Especial. (*Uso de Descriptores Agronómicos, Químicos y Métodos Estadísticos aplicados al Análisis de Ensayos Multiambientales*), 521 páginas. Ed. PUBLICIA, AV Akademikerverlag GmbH & Co. KG, Saarbrücken, Alemania. ISSN 978-3-639-55207-2.

Cornelius, P.L., Crossa, J., Seyedsadr, M.S. 1996. Statistical test ad estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interacion. En: Kang M.S. y H.G. Gauch (Eds.) *Genotype-by-environment interaction*, CRC Press, pp. 19-234, Boca Raton, FL, USA.

INVESTIGACIÓN

Corcuera

Evaluación del número de días [...]

Costa, A.F.S. Da. 1994. Influencia das condicoes climáticas no crescimento e desenvolvimento de plantas de milho (*Zea mays* L.) avaliadas em diferentes épocas de plantio. Vicosá, 1994, 109 pgs. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Vicosá, Brasil.

Crossa, J. 1990. Statistical analysis of multilocation trials. *Advances in Agronomy* 44: 55-85.

Crossa, J., Vasal, S.K., Beck, D.L. 1990. Combining ability estimates of CIMMYT's tropical late yellow maize germplasm. *Maydica* 35 (3): 273-278.

Crossa, J., Cornelius, P.L. 1997. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trials sites under heterogeneity of variances. *Crop Sci.* 37:406-415.

Crossa, J., Cornelius, P.L., Yan, W. 2002. Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype-environment interaction. *Crop Sci.*42:619-633.

Cross, H.Z., Zuber, M.S. 1972. Prediction of flowering dates in maize based on different methods of estimating thermal units. *Agron. J.* 64: 351-355.

Cutforth, H.W., Shaykewich, C.F. 1990. A temperature response function for Corn development. *Agric. And For. Meteor.* 50: 159-171.

Daughtry, C.S.T., Corchan, J.C., Holloger, S.E. 1984. Estimating silking and maturity dates of corn for large areas. *Agron. J.* 76: 415-420.

De León Castillo, H., Rincón Sánchez, F., Reyes Valdés, M.H., Sámano Garduño, D., Martínez Zambrano, G., Cavazos Cadena, R., de Dios Figueroa Cárdenas, J. 2005. Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. *Rev. Fitotec. Mexicana* vol 28(2): 135-143.

De la Vega, A.J., de la Fuente, E.B. 2003. Elección de genotipos. En: A.J. Pascale (Ed.), *Producción de Granos. Bases funcionales para su manejo*, 1ra. edición, pp. 319-349. Ed. Facultad de Agronomía, Univ. de Buenos Aires, Bs. As., Argentina. ISBN 950-29-0713-2.

Derieux, M., Bonhomme, R. 1990. Heat unit requirements for maize pollen shedding and silking: result of european FAO Network. *Maydica* 35: 41-46.

Duque, M.C.E. 2007. Curso de Mejoramiento de arroz. Conceptos estadísticos. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT, Colombia). Dictado en Chillán, Chile, Enero 2007, 68 págs.

Dwyer, L.M., Stewart, D.W., Carrigan, L., Ma, B.L., Neave, P., Balchin, D. 1999a. Guidelines for comparisons among different maize maturity rating systems. *Agronomy Journal* 91(6): 946-949.

Dwyer, L.M., Stewart, D.W., Carrigan, L., Ma, B.L., Neave, P., Balchin, D. 1999b. A general thermal index for maize. *Agronomy Journal* 91(6): 940-946.

Eberhart, S.A., Russell, W.A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36-40.

Revista de Divulgación Técnica Agropecuaria, Agroindustrial y Ambiental. Facultad de Ciencias Agrarias. UNLZ. Vol. 4 (4) 2017: 3-34

INVESTIGACIÓN

Corcuera

Evaluación del número de días [...]

Finlay, K.W., Wilkinson, G.N. 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Aust. J. Agric. Res.* 14: 742-754.

Fisher, RA. 1925. *Statistical Methods for Research Workers*. Oliver & Boyd, London.

Freeman, G.H., Perkins, J.M. 1971. Environmental and genotype-environmental components of variability. VIII. Relation between genotypes grown in different environments and measures of these environments. *Heredity* 27: 15-23.

Gadioli, J.L., Dourado-Neto, D., García y García, A., Basanta, MdV. 2000. Air temperature, maize yield and phenological characterization associated to heat units. *Sci. Agric.* 57(3): 312-321.

Gail, M., Simon, R. 1985. Testing for qualitative interactions between treatment effects and patient subsets. *Biometrics* 41: 361-372.

Gauch, H.G. Jr., Zobel, R.W. 1996. AMMI analysis of yield trials. En: *Genotype by environment interaction*. Kang M.S. & H.G. Jr. Gauch (eds.), pp. 85-122.

Gauch, H.G. Jr. 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46: 1488-1500.

Gilmore, E., Rogers, J. 1958. Heat units as a method of measuring maturity in corn. *Agronomy J.* 50(5): 611-615.

González, J.H., de La Vega, A.J. 2005. Caracterización de las respuestas relativas de híbridos de girasol en ensayos oficiales del centro y norte de Argentina. *RIA* 34(2): 91-107.

Haufe, W., Geidel, H. 1978. Zur Beurteilung der Ertragssicherheit von Sorten und Zuchtstämmen. 1. Definition en, Stabilitäts parameter underen Interpretations möglichkeiten. *Z. Pflanzenzüchtg.* 80: 24-37.

Hodges, T. 1991. Temperature and water stress effects on phenology. En: T. Hodges (ed.) *Predicting Crop Phenology*, pp 7-13, CRC Press, Boca Raton, Fl. USA.

Hou, P., Liu, Y., Xie, R., Ming, B., Ma, D., Li, S., Mei, X. 2014. Temporal and spatial variation in accumulated temperature requirements of maize. *Field Crops Res.* 158:55-64.

Huehn, M. 1990a. Non-parametric measures of phenotypic stability. Part 1: Theory. *Euphytica* 47:189-194.

Huehn, M. 1990b. Non-parametric measures of phenotypic stability. Part 2: Application. *Euphytica* 47:195-201.

Kang, M.S. 1990. Understanding and utilization of genotype by environment interaction in plant breeding. En: Kang, M.S. (ed.) *Genotype-by-environment interaction in plant breeding*. pp 52-68.

Kang, M.S., Balzarini, M., Guerra, J. 2004. Genotype-by-environment interaction. En: A. Saxton (ed.), *Genetic analysis of complex traits using SAS*. pp 69-94. BBU Press. SAS Institute, Cary NC. ISSN 1-59047-507-0.

INVESTIGACIÓN

Corcuera

Evaluación del número de días [...]

Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Sabaghnia, N., Shefazadeh, M.K. 2012. Using Huehn's Nonparametric Stability Statistics to Investigate Genotype x Environment Interaction. *Not Bot Horti Agrobo* 40(1):293-301.

Lebenhauer, P. A. 1914. Growth of maize seedlings in relation to temperature. *Physiol. Res.* 1: 247-288.

Lin, C.S., Binns, M.R., Lefkovich, L.P. 1986. Stability analysis: Where do we stand?. *Crop Sci.* 26:894-900.

Márquez-Sánchez, F., Sahagún-Castellanos, J. 1994. Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. *Maydica* 39:197-201.

Mulder, H.A., Bijma, P., Hill, W.G. 2007. Prediction of Breeding Values and Selection Responses with Genetic Heterogeneity of Environmental Variance. *Genetics* 175:1895–1910.

Nassar, R., Huehn, M. 1987. Studies on estimation of phenotypic stability: Test of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. *Biometrics* 43:45-53.

Nielsen, R.L., Thomison, P.R., Brown, G.A., Halter, A.L., Wells, J., Wuethrich, K.L. 2002. Delayed planting effects on flowering and grain maturation of dent corn. *Agronomy J.* 94(3): 549-558.

Nguyen, H.T., Sleper, D.A., Hunt, K.L. 1980. Genotype x environment interactions and stability analysis for herbage yield of tall Fescue synthetics. *Crop Sci.* 20, 221–224.

Pinthus, M.J. 1973. Estimate of genotypic value: A proposed method. *Euphytica* 22: 121-123.

Plett, S. 1992. Comparison of seasonal thermal indices for measurement of corn maturity in a prairie environment. *Can. J. Plant Sci.* 72:1157-1162.

Rodríguez Pérez, J.E., Sahagún Castellanos, J., Villaseñor Mir, H.E., Molina Galán, J.D., Martínez Garza, A. 2002. Estabilidad de siete variedades comerciales de trigo (*Triticum aestivum* L.) de temporal. *Revista Fitotecnia Mexicana*, abril-junio, vol. 25(2): 143-151.

Roemer, T. 1917: Sind die ertragsreichen Sorten ertragssicherer? *Mitt. DLG* 32: 87-89.

Smith, J.S.C., Smith, O.S. 1989a. The description and assessment of distances between inbred lines of maize: I. The use of morphological traits as descriptors. *Maydica* 34: 141-150.

Smith, J.S.C., Smith, O.S. 1989b. The description and assessment of distances between inbred lines of maize: II. The utility of morphological, biochemical and genetic descriptors and a scheme for the testing of distinctiveness between inbred lines. *Maydica* 34: 151-160.

Steel, R.G., Torrie, J.H. 1980. *Principles and procedures of statistics*. Mc Graw-Hill, New York.

Stewart, D.W., Dwyer, L.M., Carrigan, L.L. 1998. Phenological temperature response of maize. *Agronomy J.* 90: 73-79.

Revista de Divulgación Técnica Agropecuaria, Agroindustrial y Ambiental. Facultad de Ciencias Agrarias. UNLZ. Vol. 4 (4) 2017: 3-34

Tollenaar, M., Daynard, T.B., Hunter, R.B. 1979. Effect of temperature on rate of leaf appearance and flowering date in maize. *Crop Sci.* 19: 363-366.

Voltas, J., van Eeuwijk, F., Igartua, E., García del Moral, L.F., Molina-Cano, J.L., Romagosa, I. 2002. Genotype by environment interaction and adaptation in barley breeding: Basic concepts and methods of analysis. En: Slafer, G.A., Molina-Cano, J.L., Savin, R., Araus, J.L., Romagosa, I. (Eds.). *Barley Science: Recent Advances from Molecular Biology to Agronomy of Yield and Quality*, pp 205-241, The Harworth Press Inc., New York, USA.

Wang, Y.J., Kanemasu, E. 1960. A critique of the heat unit approach to plant response studies. *Ecology* 41 (4): 785-790.

Warrington, I.J., Kanemasu, e. 1983. Corn growth response to temperature and photoperiod. I. Seedling emergence, tassel initiation and anthesis. *Agronomy J.* 75 (5): 749-754.

Westcott, B. 1985. Some methods of analysing genotype-environment interaction. *Heredity* 56: 243-253.

Wricke, G. 1962. Über eine methode zur erfassung der ökologischen Streubreite in feldversuchen. *Z. Pflanzenzüchtg.* 47: 92-96.

Yan, W.L., Hunt, A., Sheng, Q., Szlavnics, Z. 2000. Cultivar evaluation and megaenvironment investigation based on the GGE Biplot. *Crop Sci.* 40: 597-605.

Yan, W.L., Hunt, A. 2002. Biplot Analysis of Diallel Data. *Crop Sci.* 42:21–30.

Yan, W.L., Tinker, N.A. 2006. Biplot analysis of MET data: principles and applications. *Can. J. of Plant Science* 86: 623-645.

Zobel, R.W., Wright, M.J., Gauch, H.G. 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388-393.