

UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA
FACULTAD DE AGRONOMÍA

EVALUACIÓN DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO POR AMBIENTE PARA
CARACTERÍSTICAS DE CALIDAD NUTRICIONAL EN MAÍZ PARA SILO

por

Marilín BANCHERO

TESIS presentada como uno de
los requisitos para obtener el
título de Ingeniero Agrónomo.

MONTEVIDEO

URUGUAY

2018

Tesis aprobada por:

Director: _____

Ing. Agr. PhD. Rafael Vidal

Ing. Agr. MSc. Ana Bianco

Ing. Agr. Mag. Víctor Prieto

Fecha: 26 de junio de 2018

Autora: _____

Marilín Banchero

AGRADECIMIENTOS

A quienes formaron parte de este proceso de formación, en particular, a aquellos que realizaron un aporte para que este trabajo sea posible.

A mis tutores, a mis compañeros, al equipo de trabajo, que sus aportes tanto académicos como personales me enriquecieron.

A mi familia y amigos que brindan su apoyo incondicional.

TABLA DE CONTENIDO

	Página
PÁGINA DE APROBACIÓN.....	II
AGRADECIMIENTOS.....	III
LISTA DE FIGURAS Y TABLAS.....	VI
1 <u>INTRODUCCIÓN</u>	1
2 <u>REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA</u>	2
2.1 <u>PRODUCCIÓN DE MAÍZ</u>	2
2.1.1 <u>Maíz y su uso como forrajero</u>	2
2.1.1.1 <u>Parámetros de calidad nutricional</u>	4
2.2 <u>INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE MAÍZ PARA SILO</u>	7
2.2.1 <u>Evaluación de la interacción genotipo-ambiente</u>	8
2.2.1.1 <u>Análisis de la varianza</u>	8
2.2.1.2 <u>Análisis de componentes principales</u>	9
2.2.1.3 <u>Análisis de regresión lineal</u>	9
2.2.1.4 <u>Estabilidad de varianza</u>	10
2.2.1.5 <u>Regresión de sitios. Modelo lineal-bilineal</u>	10
2.2.2 <u>Evaluación nacional de cultivares</u>	12
3 <u>MATERIALES Y MÉTODOS</u>	14
3.1 <u>CARACTERIZACIÓN DE LOS SITIOS EXPERIMENTALES</u>	14
3.1.1 <u>Localización</u>	14
3.1.2 <u>Preparación del suelo</u>	14
3.2 <u>GENOTIPOS</u>	15
3.3 <u>SIEMBRA Y DESARROLLO DEL ENSAYO</u>	15
3.3.1 <u>Siembra y distribución de plantas</u>	15
3.3.2 <u>Fertilización</u>	15
3.3.3 <u>Control de malezas</u>	16
3.3.4 <u>Control de plagas</u>	16
3.4 <u>CARACTERIZACIÓN AGRONÓMICA</u>	16
3.4.1 <u>Altura de plantas</u>	16
3.4.2 <u>Altura de espigas</u>	16
3.4.3 <u>Materia verde y materia seca en planta entera</u>	17
3.4.4 <u>Materia verde y materia seca en tallo + hoja (TH)</u>	17
3.4.5 <u>Composición química</u>	17
3.5 <u>ANÁLISIS ESTADÍSTICO</u>	18
4 <u>RESULTADOS</u>	19

4.1 ANÁLISIS DE LOS PARÁMETROS DE CALIDAD Y RENDIMIENTO.....	19
4.1.1 <u>Rendimiento MS por ambiente</u>	19
4.1.2 <u>Rendimiento de materia seca</u>	20
4.1.3 <u>Porcentaje de materia seca</u>	21
4.1.4 <u>Fibra detergente neutra (FDN)</u>	21
4.1.5 <u>Lignina detergente ácida (LDA)</u>	24
4.1.6 <u>Proteína cruda (PC)</u>	26
4.2 ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES.....	28
4.3 ANÁLISIS DE ESTABILIDAD DE SHUKLA.....	32
4.3.1 <u>Rendimiento (MS/ha)</u>	33
4.3.2 <u>Fibra detergente neutra</u>	34
4.3.3 <u>Lignina detergente ácida</u>	35
4.3.4 <u>Proteína cruda</u>	36
4.4 CARACTERIZACIÓN DE LA ESTABILIDAD MEDIANTE EL ANÁLISIS DE REGRESIÓN DE SITIOS.....	37
4.4.1 <u>Materia seca</u>	38
4.4.2 <u>Fibra detergente neutra</u>	39
4.4.3 <u>Lignina detergente ácida</u>	41
4.4.4 <u>Proteína cruda</u>	42
4.5 COEFICIENTE DE REGRESIÓN.....	43
4.5.1 <u>Materia seca</u>	44
4.5.2 <u>Fibra detergente neutra (FDN)</u>	45
4.5.3 <u>Lignina detergente ácida (LDA)</u>	46
4.5.4 <u>Proteína cruda</u>	47
5 <u>DISCUSIÓN</u>	48
5.1 ANÁLISIS DE LA VARIANZA.....	48
5.2 ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES.....	48
5.3 ANÁLISIS DE LA ESTABILIDAD DE SHUKLA.....	49
5.4 ANÁLISIS DE REGRESIÓN DE SITIOS.....	50
5.5 COEFICIENTES DE REGRESIÓN.....	51
6 <u>CONCLUSIONES</u>	52
7 <u>RESUMEN</u>	53
8 <u>SUMMARY</u>	54
9 <u>BIBLIOGRAFÍA</u>	55
10 <u>ANEXOS</u>	59

LISTA DE FIGURAS Y TABLAS

Figura No.	Página
1. Rendimiento promedio de MS (kg/ha) según genotipo y ambiente de producción.....	19
2. Rendimiento de MS total para genotipos y ambientes de producción evaluados.....	20
3. Porcentaje de MS para genotipos y ambientes de producción evaluados.....	21
4. Contenido de FDN en las distintas fracciones de la planta para cada genotipo evaluado.....	22
5. Contenido de FDN en las distintas fracciones de la planta para cada ambiente de producción evaluado.....	23
6. Contenido de LDA en las distintas fracciones de la planta para cada genotipo evaluado.....	24
7. Contenido de LDA en las distintas fracciones de la planta para cada ambiente de producción evaluado.....	25
8. Contenido de PC en las distintas fracciones de la planta para cada genotipo evaluado.....	26
9. Contenido de PC en las distintas fracciones de la planta para cada ambiente de producción evaluado.....	27
10. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales (CP1 y CP2) según genotipo evaluado.....	29
11. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales (CP1 y CP2) según ambiente de producción.....	30
12. Análisis de componentes principales para cada ambiente de producción.....	31
13. Coeficiente de variación en función de la media para los genotipos y ambientes de producción evaluados para la variable de rendimiento (kgMS/ha).....	33
14. Coeficiente de variación en función de la media para fibra detergente neutra (FDN) para planta entera y tallo más hoja.....	34
15. Coeficiente de variación en función de la media para lignina detergente ácida (LDA) en planta entera y tallo más hoja.....	35
16. Coeficiente de variación en función de la media para proteína cruda (PC) para planta entera y tallo más hoja.....	36
17. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales representando el modelo de regresión de sitios para los genotipos y ambientes evaluados para la variable rendimiento (kgMS/ha).....	38
18. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales representando el modelo de regresión de sitios para los genotipos y	

ambientes evaluados para la variable FDN de la fracción planta entera y tallo más hoja.....	39
19. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales representando el modelo de regresión de sitios para los genotipos y ambientes evaluados para la variable LDA en planta entera y tallo más hoja.....	41
20. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales representando el modelo de regresión de sitios para los genotipos y ambientes evaluados para la variable PC en planta entera.....	42
21. Coeficiente de regresión lineal de la media de los genotipos sobre la media de sitios correspondiente al análisis de estabilidad de Eberhart y Russell para rendimiento (kgMS/ha).....	44
22. Coeficiente de regresión lineal de la media de los genotipos sobre la media de sitios correspondiente al análisis de estabilidad de Eberhart y Russell para FDN en tallo más hoja.....	45
23. Coeficiente de regresión lineal de la media de los genotipos sobre la media de sitios correspondiente al análisis de estabilidad de Eberhart y Russell para LDA en tallo más hoja.....	46
24. Coeficiente de regresión lineal de la media de los genotipos sobre la media de sitios correspondiente al análisis de estabilidad de Eberhart y Russell para PC en tallo más hoja.....	47

Tabla No.

1. Análisis químico del suelo.	14
2. Genotipos evaluados	15
3. Análisis de laboratorio y métodos utilizados.....	17
4. Matriz de correlación entre variables	28

1 INTRODUCCIÓN

En Uruguay los sistemas de producción lecheros son continuos con una alimentación de base pastoril. Los ciclos estacionales de las pasturas establecen que en períodos de baja productividad exista un desbalance entre la oferta y la demanda de nutrientes. Este déficit negativo debe ser corregido con la suplementación de alimentos concentrados o reservas forrajeras. Dentro de las alternativas forrajeras se destaca el ensilaje de maíz (*Zea mays. L*), el cual tiene una gran producción de biomasa y alto valor nutritivo.

Inicialmente se consideraba que los materiales promisorios para ensilar eran aquellos que demostraban buen comportamiento en la producción de granos, debido al alto contenido de energía disponible que estos poseen. Actualmente se está preguntando sobre la calidad de la fracción vegetativa o stover, ya que representa aproximadamente la mitad del alimento en volumen y tiene un alto peso relativo en la determinación del valor nutritivo total.

Para las condiciones de Uruguay se ha estudiado la interacción genotipo-ambiente para el rendimiento de materia seca, demostrando una gran dependencia ambiental. En cambio las variables que determinan la calidad nutricional, tanto de la planta entera como de la fracción vegetativa no están totalmente caracterizadas. Conocer su comportamiento ante las variaciones ambientales permitiría una mejor utilización de los recursos, además de representar una herramienta muy útil para avanzar en mejoramiento genético de maíz para uso forrajero.

Este trabajo tiene como principal objetivo el análisis de la interacción genotipo-ambiente para variables de rendimiento y calidad nutricional, tanto de la fracción vegetativa como de la planta entera. Se estudia el comportamiento de cinco genotipos en cuatro ambientes, cuatro de los materiales evaluados son híbridos de origen extranjero y el quinto es el Blanco Cangüé, un maíz con propósito silero mejorado a partir de germoplasma local.

2 REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1 PRODUCCIÓN DE MAÍZ

El maíz es uno de los cereales de mayor importancia a nivel mundial, es una de las bases en la alimentación humana y animal. Es uno de los cultivos más tradicionales, en Uruguay y en el mundo. En los últimos años la producción de maíz ha sido excedente con respecto a la demanda agregada, manteniéndose existencias elevadas (Methol, 2016).

En Uruguay el cultivo de maíz tiene básicamente tres destinos, en primer lugar la producción de grano, en segundo lugar la producción de reservas forrajeras para abastecer los sistemas de producción animal, y por último, en menor escala la producción de maíz con destino hortícola. En la zafra 2014/15 el área sembrada de maíz para grano se redujo a 83 mil ha, con una reducción de la producción de 15%. Desde 2013 se ha visto una caída en las exportaciones, en cambio la importación ha sido variable con tendencia al aumento. La demanda interna de grano ha tenido como principal destino la ganadería de carne y la lechería (Methol, 2016). En la misma zafra se cosecharon 197 ha de maíz dulce cuya producción fue de 1152 ton, con destino al consumo hortícola del mercado interno (MGAP. DIEA, 2016).

En las encuestas agropecuarias no se releva el área sembrada de maíz con destino a ensilaje de planta entera, el antecedente más reciente para esta información pertenece a la encuesta realizada por INALE en 2014, en la que se relevaron unas 20 mil ha de maíz forrajero. Se debe tener en cuenta que en esta encuesta solo participaron productores lecheros, por lo que se desconoce el área de maíz para silo de la producción ganadera.

2.1.1 Maíz y su uso como forrajero

Es un cultivo anual, con un ciclo de producción de 120-150 días. Generalmente tiene un único tallo principal con abundantes hojas, en las cuales se desarrollan yemas axilares que dan origen a la inflorescencia femenina. En la parte superior del tallo se encuentra una inflorescencia masculina o panoja.

Su ciclo fenológico se divide en dos grandes etapas, la vegetativa y la reproductiva. La primera de ellas se caracteriza por el crecimiento de tallos y

hojas, mientras que en la segunda se desarrollan las estructuras reproductivas necesarias para la producción de granos.

El maíz se caracteriza por ser una especie con alta eficiencia de conversión, su metabolismo fotosintético C4 le permite un gran aprovechamiento de la radiación, por lo que alcanza tasas de crecimiento muy elevadas que determinan su alto rendimiento en producción de biomasa por unidad de área (Fassio et al., 1998). Además es un alimento de buena palatabilidad y alto valor nutritivo, siendo de las alternativas más empleadas en la alimentación de rumiantes.

Se considera un material muy promisorio para la conservación, el cual se puede almacenar manteniendo su valor nutritivo, esto es posible por su alto contenido de azúcares, que lo hacen propicio para realizar reservas forrajeras. Esto permite diferir el alimento en momentos del año donde la disponibilidad de forraje es crítica para los sistemas de producción, permitiendo resolver problemáticas en la estacionalidad. La conservación de forraje verde es una técnica muy extendida en la producción lechera, donde el maíz corresponde al 37% del volumen total de reservas forrajeras.

La conservación del material se realiza a través de la técnica de ensilaje, que consiste en almacenar el forraje en condiciones de anaerobiosis, de esta forma las bacterias ácido lácticas utilizan los azúcares disponibles en el tejido vegetal para producir ácido láctico, evitando la proliferación de microorganismos indeseables (Garcés Molina et al., 2004). Cuando el maíz se utiliza para ensilaje puede cortarse de 40 a 45 días antes madurez fisiológica de grano, en general cuando el grano se encuentra en estado pastoso-duro o duro. Es fundamental que al momento de confección del silo el material tenga un contenido de humedad superior a 30%, siendo óptimo entre 35 y 45%.

En la composición de la planta entera se pueden distinguir las dos fracciones, cuya proporción es variable dependiendo del cultivar y de las condiciones ambientales. La calidad final de la reserva forrajera va a estar condicionada por la manipulación del material en el proceso de ensilaje y su correcto acondicionamiento, aunque va a estar ligada a la composición química original del producto a ensilar.

Se considera como ideotipo forrajero aquel maíz que produzca la máxima cantidad de materia seca digestible con un comportamiento estable, que tenga facilidad de cosechar, conservar y sea apetecible con buen aprovechamiento por parte del animal. La calidad o valor nutricional se traduce como la habilidad de sostener cierto nivel de desempeño animal y es determinado por su composición química.

2.1.1.1 Parámetros de calidad nutricional

Contar con una caracterización química del alimento es fundamental para conocer su valor nutricional, determinar los compuestos que integran el alimento, su cantidad y forma son fundamentales para la evaluación del mismo.

Los parámetros químicos que se utilizan generalmente son materia seca (MS), proteína cruda (PC), fibra detergente neutra (FDN), fibra detergente ácida (FDA) y lignina detergente ácido (LDA). El porcentaje de MS expresa el contenido de agua que presenta el material, y resulta útil para expresar las proporciones del resto de los componentes en base seca, y de esta forma poder realizar comparaciones. En la fracción PC se refleja el contenido de nitrógeno de la muestra. FDN representa la fracción de hemicelulosa, celulosa y lignina, esta inversamente relacionado con el consumo animal, mientras que FDA separa la celulosa y la lignina. La LDA resulta ser la fracción más indigestible y por tanto su contenido es inversamente proporcional a la digestibilidad del alimento.

El ensilaje de maíz se caracteriza por ser un material rico en almidón pero con altos contenidos de FDN, esta es una importante fuente de energía para los rumiantes. La fibra es de vital importancia para mantener el correcto funcionamiento del rumen, pero una inclusión excesiva en la dieta deprime el consumo por efecto de llenado del rumen, lo que trae consigo menores resultados productivos (Krämer-Schmid et al., 2016). A medida que avanza el estado fenológico de la planta existen variaciones, tanto en la composición morfológica, la proporción de los distintos tejidos y las características de las paredes celulares. Para el caso del maíz a medida que avanza hacia la etapa reproductiva disminuye la digestibilidad de los tejidos, con aumentos significativos de FDN y LDA, y a su vez estos compuestos se vuelven menos digestibles.

La energía de los forrajes proviene principalmente de los carbohidratos estructurales de la pared celular. El componente vegetativo del forraje tiene similar cantidad de energía bruta que los granos por unidad de materia seca, pero la fracción aprovechable del forraje es menor, esto se debe al contenido de fibra en la pared celular. La energía disponible está altamente correlacionada con la digestibilidad de éste, siendo el contenido de lignina el principal factor que afecta la digestibilidad de la pared celular (Barrière et al., 2003).

El elevado contenido de energía disponible que se encuentra en los granos llevó a que mejoradores y productores asocien una mayor proporción de grano con una mejor calidad para forraje, estableciendo como principal criterio de selección la relación grano/ (tallo + hoja). Es así que consideraban que un maíz

con buen comportamiento para grano sería apropiado para obtener un ensilaje con buenas características, sin tener en cuenta la fracción vegetativa o stover, que constituye alrededor de la mitad rendimiento en materia seca (Bertoia et al., 2002).

Los parámetros que definen la calidad total de la planta eran un factor poco considerado para la elección de materiales ensilables, los mejoradores se enfocaban en seleccionar por rendimientos en granos y características agronómicas. Estas últimas muchas veces disminuían la calidad de la fracción vegetativa, ya que se procuraba que las cañas sean resistentes al vuelco, lo que aumentaba el contenido de pared celular (Cozzolino y Fassio, 1995). Incluso cuando se comienza a identificar maíces con propósito silero se prioriza el volumen de materia seca cosechado, independientemente de la calidad del forraje, por lo que se usan materiales de ciclo largo con bajo rendimiento en grano y elevado contenido de fibra (Vaz Martins et al., 2008).

Los programas de mejoramiento en maíz se han centrado en el aumento del rendimiento y estabilidad de los granos, y recientemente se comienza a preguntar sobre la utilidad de la biomasa compuesta por tallo y hojas (Muttoni et al., 2013). La digestibilidad de esta fracción puede ser muy variable teniendo gran impacto en la alimentación animal. Se debe tener en cuenta que es un forraje mixto, si bien el grano tiene un gran aporte energético no es el determinante del valor nutritivo total del forraje.

En los últimos años se han hecho esfuerzos para establecer cuáles son los componentes de la pared celular y que factores gobiernan su expresión. Se ha demostrado que existe independencia entre la producción de grano y las características que determinan la calidad forrajera, por lo que se podría llevar a cabo selección de ambas cualidades de forma simultánea. Bertoia (s.f.) encontró una correlación positiva entre el rendimiento en grano y el rendimiento en materia seca total, pero no encontró relación entre % de espiga y digestibilidad de la planta entera.

Peña Ramos et al. (2003) estudiaron la importancia de la planta entera y la espiga para el mejoramiento genético de la calidad forrajera de maíz. Compararon la digestibilidad de las distintas fracciones de la planta demostrando correlaciones altas, de 0,85, entre planta entera y la planta sin mazorcas, mientras que la correlación entre la planta entera y la mazorca resultaron bajas, con un valor de 0,45. A partir de estos resultados sugieren que el mejoramiento de maíces con propósito silero con alta calidad forrajera debe realizarse a través de la selección del stover, teniendo en cuenta su importancia para determinar la digestibilidad de la planta entera y su variabilidad se lograrían mayores avances genéticos. Además sostienen que es posible mejorar la calidad forrajera sin sacrificar la resistencia al quiebre.

Según Muttoni et al. (2013) la variación en la composición de la pared celular está más influenciada por el ambiente que por el efecto genotípico, encontrando interacción de genotipo por ambiente significativas, en especial para fracciones como FDN, celulosa y hemicelulosa. Bertoia (2012) ha reportado interacciones genotipo por ambiente significativas para variables relacionadas con la digestibilidad explicando entre el 7 al 20% de la variabilidad.

La celulosa y la hemicelulosa se pueden considerar digestibles, mientras que la lignina es prácticamente indigestible e interfiere en la digestión de otros compuestos orgánicos. La digestibilidad no se ve afectada solamente por la presencia de lignina, sino por la asociación que esta tiene con la celulosa y hemicelulosa. Pruebas de digestibilidad entre diferentes híbridos, sometidos a entornos con distintas condiciones demuestran gran interacción ambiental para las características que afectan la calidad de forraje (Bertoia, s.f.).

García (2012) analizó la IGA de seis híbridos simples de maíz en cuatro ambientes cercanos a La Plata en Argentina, lo que le permitió afirmar que las características asociadas a la digestibilidad del forraje tienen mayor correspondencia con la información genética, siendo modificadas en menor magnitud por las variables ambientales. De esta manera la utilización de variedades locales representaría una alternativa viable para reintroducir alelos favorables para características de digestibilidad de la pared celular, ya que estos han sido eliminados a lo largo del tiempo en los programas de mejoramiento genético, los cuales han priorizado la resistencia de los tallos y la producción de granos (Barrière et al., 2005).

Para establecer la incidencia del ambiente en la digestibilidad y el rendimiento Peña et al. (2006) estudiaron la estabilidad de 7 híbridos en 6 ambientes, estableciendo que la digestibilidad presenta gran consistencia entre los ambientes, mientras que el rendimiento de materia seca sufrió grandes oscilaciones. Se encontraron híbridos con amplia adaptación y otros con adaptación específica, sin embargo ninguno logró reunir buenos atributos de producción y calidad forrajera al mismo tiempo.

Zannier (2012) realizó un muestreo de silajes confeccionados en la Pampa húmeda y la Mesopotamia argentina durante los años 2005 al 2010, analizando %MS, %FDN, %FDA y %PB, encontrando diferencias significativas en los parámetros analizados, tanto entre años como entre muestreos de un mismo año. El comportamiento de los parámetros no mostró una tendencia definida a través de los años.

Para las condiciones de Uruguay no existe una caracterización del comportamiento de las variables que determinan la calidad nutricional de maíz para silo. Algunos de los antecedentes bibliográficos reportados indicarían que

existe interacción con el ambiente para esas características, aunque con magnitudes variables.

2.2 INTERACCIÓN GENOTIPO POR AMBIENTE MAÍZ PARA SILO

La expresión fenotípica es resultado de una serie de interacciones causales entre la información genética de las plantas y el ambiente en que se desarrollan (Malosetti et al., 2013). Las variables que se expresan fenotípicamente se ven afectadas en menor o mayor medida por las condiciones ambientales y por la interacción de este con el genotipo. Este fenómeno se conoce como interacción genotipo por ambiente (IGA), y se define como la respuesta diferencial del desempeño relativo de distintos materiales genéticos en función del ambiente.

La variabilidad climática existe y es una realidad para los sistemas de producción, disponer de información permite proyectar los diferentes escenarios posibles. Tener presente la relación de las variables de cantidad y calidad de producción con el ambiente son fundamentales para el desarrollo eficiente de la actividad productiva (Balzarini et al., 2005).

La evaluación y caracterización de los genotipos es una herramienta fundamental para conocer su valor agronómico, de forma de identificar los materiales más apropiados para cada ambiente de producción. Dos características fundamentales para la elección de los materiales son la adaptación y la estabilidad.

Medina et al. (2001) afirman que un cultivar adaptado es aquel que obtiene mejor comportamiento relativo para aquella característica de interés evaluada comparado con otros cultivares. La adaptación de un cultivar se evalúa mediante la comparación de diferentes materiales genéticos, sometidos todos a un mismo ambiente de producción. Se puede distinguir entre adaptación general o específica, la primera de ellas se da cuando un genotipo muestra mejor comportamiento relativo en la mayoría de los ambientes evaluados, mientras que la específica es cuando logra un mejor comportamiento relativo en un ambiente en particular.

La estabilidad se define como la capacidad de los genotipos de comportarse consistentemente en un amplio rango de ambientes. Existen dos definiciones de este concepto, estabilidad estática que se corresponde con el concepto de estabilidad biológica, que considera estable a aquel material que se mantiene constante en diferentes ambientes, mientras que la estabilidad

dinámica es equivalente a la estabilidad agronómica, y esta define que un material estable varía entre ambientes pero con un comportamiento predecible ante los factores ambientales. Esta última postura, conocida como la concepción agronómica de la estabilidad señala que desde el punto de vista productivo no es deseable que un material exprese el mismo comportamiento en un ambiente de alto potencial o en un ambiente pobre en recursos. En la producción agropecuaria la situación ideal sería la combinación de altos rendimientos con buena estabilidad (Annicchiarico, 2002).

2.2.1 Evaluación de la interacción genotipo-ambiente

Existen diferentes modelos y estrategias para el análisis de la IGA. La elección de los mismos estará sujeta a la información con que se cuente y determinará la interpretación de los datos, siendo fundamental para la toma de decisiones, tanto para programas de mejoramiento genético, como para técnicos y productores (Malosetti et al., 2013).

2.2.1.1 Análisis de la varianza

Este análisis tiene como principal objetivo la comparación de la respuesta promedio de dos o más tratamientos (Balzarini et al., 2005). Es el punto de partida para determinar diferencias estadísticamente significativas entre ambientes o genotipos, a través de pruebas de comparación múltiples. Una de las pruebas utilizadas con este fin es la prueba de diferencia de medias, LSD de Fisher, que permite visualizar los ambientes o genotipos que presentan diferencias significativas. Para realizar este análisis de varianza se requiere una variable de respuesta cuantitativa y de diversas fuentes de variación (bloques, sitios, genotipos) y sus interacciones.

A pesar de ser un análisis simple de realizar este modelo posee una serie de limitantes que reducen su utilidad. Se considera un análisis necesario para conocer a grandes rasgos el comportamiento de la varianza pero no permite extraer conclusiones consistentes. Crossa (1990) establece que el modelo estima los cuadrados medios del error (CME) para conocer la precisión de los ensayos, y en caso de que las variaciones del CME sean heterogéneas la información pierde confiabilidad, ya que la prueba F sesgaría los resultados hacia la significancia.

$$\mu = E + G + GE + error$$

Este modelo se basa en una serie de supuestos como homogeneidad de varianza entre sitios, normalidad e independencia de errores.

2.2.1.2 Análisis de componentes principales

Es un método de análisis multivariado que tiene como objetivo transformar los datos en un conjunto de ejes de coordenadas, conservando la configuración original del conjunto de puntos, concentra la mayor parte de la estructura de datos en los primeros ejes de componentes principales. Esta técnica busca explicar la variabilidad de los casos en estudio con respecto a todas las variables que intervienen. Consiste en combinar linealmente las variables y así formar un índice que se conoce como componentes principales (CP), que maximizan la varianza y son ortogonales entre sí (Crossa, 1990).

Para llevar a cabo este análisis se debe partir de una estructura matricial de filas y columnas, como lo son los datos de genotipos y ambientes. La representación gráfica de este modelo se realiza a través de un biplot, que permite la visualización en un plano, donde los ejes representan las CP.

2.2.1.3 Análisis de regresión lineal

Yates y Cochran, citados por Shukla (1972) promueven el modelo de análisis de regresión lineal en 1939, en busca de una alternativa al modelo aditivo, siendo retomado por Eberhart y Russell en 1966. Según Shukla (1972) estos últimos autores incorporan términos que brindan mayor explicación biológica sobre la IGA. Describe la IGA como una línea de regresión en función de la calidad ambiental, teniendo como objetivo agrupar genotipos y ambientes. Pondera la calidad biológica del ambiente, donde los buenos ambientes reflejan altos rendimientos genotípicos promedios y los ambientes inferiores presentarán bajos rendimientos. Este modelo se describe como:

$$\mu_{ij} = \mu + G_i + E_j + b_i E_j + \varepsilon_i$$

La IGA se describe a partir de pendientes de regresión específicas del genotipo en función de la calidad ambiental.

En el modelo, b_i representa la pendiente. Para la interpretación de los resultados se debe tener en cuenta que los genotipos con $b_i < 1$ tienen estabilidad inferior a la media y se adaptan a ambientes de baja calidad ambiental, aquellos con $b_i > 1$ tienen estabilidad superior al promedio y se adecuan a los ambientes de alta calidad y por último los que presentan $b_i = 1$ presentan estabilidad promedio presentado buena o mala adaptación según el rendimiento obtenido.

Este modelo presenta como desventaja que realiza una caracterización ambiental de una sola dimensión, asumiendo una relación lineal entre la interacción y el ambiente. En situaciones reales donde intervienen pocos genotipos en el estudio, no es posible explicar tanta variabilidad y el análisis se vuelve poco sensible, incrementándose el error.

2.2.1.4 Estabilidad de varianza

A partir del modelo de regresión de Shukla (1972) surge el modelo de estabilidad de la varianza, con este modelo se pretende tener un estudio certero de la estabilidad. Éste se basa en la descomposición de la IGA en genotipos (g), conocida como la varianza de estabilidad (σ_i^2).

Es igual a la varianza dentro (σ_0^2) más la varianza ambiental para cada genotipo (σ_i^2), corregida por efectos ambientales aditivos. Se considera un genotipo estable cuando ambas varianzas no sean estadísticamente diferentes de cero. Los parámetros de estabilidad son útiles para caracterizar genotipos a partir de su rendimiento relativo en diversos ambientes.

2.2.1.5 Regresión de sitios. Modelo lineal-bilineal

El análisis de estabilidad se realiza en base a regresión de sitios (SREG) y la interpretación del biplot asociado (GGE biplot). Se utiliza en situaciones donde la fuente de variación más importante proviene del ambiente (E), seguida por la variación genotípica (G) y la interacción entre ambos componentes (GE). El GGE biplot es una herramienta de gran utilidad para el análisis de datos correspondientes a un año. Permite discriminar diferencias y similitudes entre los ambientes, y entre los genotipos ante las respuestas al ambiente. A comparación del modelo AMMI, el SREG permite observar el efecto multiplicativo de la interacción GE en genotipos con cambio de ranking (Yan et al., 2000). Este modelo se puede escribir de la siguiente manera:

$$Y_{ij} = \mu + e_j + \sum_{n=1}^N \tau_n \gamma_{in} \delta_{jn} + \varepsilon_{ij}$$

Donde Y_{ij} es el rendimiento del i-esimo genotipo en el j-esimo ambiente, μ representa la media general, e_j representa las desviaciones ambientales de la media general, τ_n es el valor propio del eje de análisis de componentes principales, γ_{in} y δ_{jn} son las puntuaciones de componentes de genotipo y entorno para el eje n, N es la cantidad de componentes principales en el modelo y ε_{ij} representa el error.

Permite la determinación de mega-ambientes, los cuales se definen como áreas cultivadas de una especie que muestran condiciones ambientales homogéneas.

Posee un término bilineal que proporciona un análisis gráfico en forma de biplot, lo que hace posible caracterizar a los genotipos que muestran mejor comportamiento ante diferentes entornos. Este gráfico se construye a partir de la estimación de los componentes principales que conforman la variable bajo estudio. El componente principal 1 (CP1) está representado en mayor medida por el aporte que realiza el genotipo, mientras que el CP2 representa cuando del valor de la variable se debe a la interacción genotipo-ambiente.

Los ambientes son representados por vectores, cuya longitud se corresponden con la variabilidad dentro del propio ambiente. Los vectores que se encuentran cercanos entre sí poseen asociación positiva, cuando forman ángulos rectos no habría correlación entre ambientes y cuando los ángulos son obtusos se correlacionan de forma negativa. La ubicación de los genotipos con respecto a los ambientes muestra el comportamiento con respecto a la media general para ese ambiente determinado. Aquellos genotipos que muestren un ángulo menor a 90° con el ambiente lograron una performance superior a la media, por el contrario aquellos que muestran un ángulo superior a 90° se ubican por debajo de la media, los que están cercanos a 90° tienen un comportamiento similar a la media general (Frutos, 2011).

2.2.2 Evaluación nacional de cultivares

En Uruguay la evaluación nacional se realiza bajo la responsabilidad del instituto nacional de semillas (INASE) en convenio con el instituto nacional de investigación agropecuaria (INIA). Tiene como principal objetivo generar información objetiva y confiable sobre el comportamiento agronómico de las diferentes especies sembradas en el país, siendo una herramienta fundamental para productores, técnicos y empresas vinculadas a la producción agropecuaria.

La evaluación de maíz para silo se realiza en una única localidad, en el departamento de San José. Recientemente se incorporó como variable ambiental a evaluar la disponibilidad de agua, contando con ensayos en secano y bajo riego. Estos ensayos son repetidos anualmente, siendo necesario al menos dos años de evaluación para que un cultivar pueda ser inscripto en el registro nacional de cultivares.

Se realizan análisis químicos de las variables de calidad nutricional en la planta entera para cada genotipo evaluado, seleccionando una planta representativa de cada bloque y cortándola cuando el contenido de materia seca alcanza alrededor de 35%, simulando el micropicado que contendrá el silo. En esta caracterización química determina %MS, PC, fibra detergente ácida y fibra detergente neutra.

Se releva el rendimiento de cada cultivar expresada como producción de KgMS/ha, la que posteriormente es analizada bajo la metodología de “mínimos cuadrados” recomendada para serie de datos desbalanceados. Además se toma registro de características agronómicas como información fenológica (fecha de emergencia y días a floración) características de resistencia al vuelco y quiebre, además de susceptibilidad a enfermedades.

Los resultados presentados ordena a los cultivares según rendimiento de materia seca, sin asociar esa información a los parámetros de calidad nutricional. Si bien es una herramienta muy útil a la hora de seleccionar un cultivar, resultaría más conveniente complementar con la información disponible, ya se puede estar ante un cultivar con excelente rendimiento pero que sea muy poco aprovechable por los animales. Por otra parte sería conveniente evaluar en diferentes entornos, y de esta forma contar con información que permita dilucidar las variaciones de los parámetros de calidad ante diferentes localidades. Yan et al. (2000) sostienen que la superposición de información ambiental permite la caracterización de distintos grupos de ambientes, pudiendo de esta forma realizar un uso más eficiente de los recursos.

Actualmente la evaluación nacional de cultivares cuenta con el servicio de análisis químico de los materiales evaluados, realizar un muestreo más amplio que disminuya el error permitiría tener información más precisa sobre los parámetros de calidad nutricional. Analizar esta información sería un complemento importante que reforzaría los esfuerzos que hoy se realizan por caracterizar los materiales disponibles de maíz para silo.

3 MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 CARACTERIZACIÓN DE LOS SITIOS EXPERIMENTALES

3.1.1 Localización

Para el presente trabajo se implantaron experimentos en cuatro localidades, Progreso en el departamento de Canelones sobre Camino Folle km 35,500 (Sitio 1); Libertad en San José en Ruta 1 km 59 (Sitio 2); San José en Ruta 3 km 101,500 (Sitio 3) y Tarariras en Colonia sobre la Ruta 50 km 22 (Sitio 4).

3.1.2 Preparación del suelo

Se realizó laboreo convencional en todas las localidades y un análisis de suelo previo a la siembra, cuyos resultados se expresan en la siguiente tabla.

El nivel crítico de fósforo (P) para el cultivo de maíz es de 15ppm. En las localidades de San José y Tarariras el análisis demostró deficiencias de P, para aumentar la disponibilidad de este nutriente se fertilizó con fosfato diamónico (DAP) (18-48-0) al momento de la siembra.

Tabla 1. Análisis químico del suelo

SITIO	ANÁLISIS DE SUELOS				
	Ph		MO%	P (ppm)	K (meq/100g)
	H ₂ O	KCl			
Libertad	5,4	4,5	3,9	75	0,5
San José	5,2	4,4	4,2	7	0,56
Progreso	5,5	4,6	5,2	18	0,43
Tarariras			3,5	6	0,53

3.2 GENOTIPOS

Se evaluó el comportamiento de 5 genotipos, considerando cada uno de ellos como un tratamiento. La selección de genotipos para este trabajo se realizó en base a los materiales más vendidos para la producción de maíces silo para el año 2011. Se utilizarán bloques completos al azar para las variables agronómicas y para las variables de calidad de forraje, en ambos casos con 3 repeticiones.

Tabla 2. Genotipos evaluados

Nombre comercial	Código	Tipo de cruza
Blanco Cangüé	1	VPA
ACA2001MG	2	Híbrido simple
ACA472MGRR2	3	Híbrido simple
IPB2880MGRR	4	Híbrido simple
IPB3785MG	5	Híbrido triple

3.3 SIEMBRA Y DESARROLLO DEL ENSAYO

3.3.1 Siembra y distribución de plantas

Los ensayos fueron sembrados entre el 24 de octubre y el 4 de noviembre de 2011. La siembra se realizó en forma manual. Cada parcela sembrada constó de dos surcos de 7 metros de largo cada uno, con una distancia entre hileras de 70 cm. Se colocaron dos semillas en cada sitio, de forma de asegurar una población de 70000 plantas por hectárea, siendo raleadas las sobrantes luego de la implantación.

3.3.2 Fertilización

La fertilización se realizó en dos momentos, aplicando 100 kg urea/ha en estado V4 y otros 100 Kg urea/ha en estado V8.

3.3.3 Control de malezas

Se aplica como preemergente al momento de la siembra 1,2 Lt/ha DUAL GOLD y 1 kg/ha de atrazina.

3.3.4 Control de plagas

Se mantuvieron los cultivos libres de plagas utilizando diferentes estrategias por localidad, en estadio V4 INTREPID (100ml) y en estadio V8 se realizó una aplicación de Lorsban. Los estadios V4 y V8 corresponden a la etapa vegetativa del cultivo, teniendo 4 y 8 hojas totalmente desarrolladas respectivamente.

3.4 CARACTERIZACIÓN AGRONÓMICA

Para llevar a cabo las mediciones del ensayo se tomó como referencia el protocolo de la evaluación nacional de cultivares elaborado por INASE para maíz para silo. Dentro de las características agronómicas se evaluó altura de planta, altura de espigas, % de materia seca y características de calidad.

3.4.1 Altura de plantas

Se considera desde la base de la planta hasta la inserción de la panoja.

3.4.2 Altura de espigas

Desde la base de la planta a la inserción de la espiga.

3.4.3 Materia verde y materia seca en planta entera

Se realizó un muestreo de cada cultivar (10 plantas por repetición) en el momento en que alcanza 30-35 % de materia seca de planta entera (muestras de las 3 repeticiones del ensayo), se pican en el campo, se pesa la muestra entera y se guardan en frío para el análisis.

3.4.4 Materia verde y materia seca en tallo + hoja (TH)

Se realizó un muestreo de otras 10 plantas representativas (10 plantas por repetición) para análisis del stover: tallo, hojas y panoja, es decir que se retiró la espiga y picó el resto del material, se pesó la muestra entera y se guardó en frío para el análisis.

3.4.5 Composición química

Las muestras que fueron micropicadas en el campo con una ensiladora experimental, luego llevadas al laboratorio de nutrición animal, donde se molieron y luego se tomó una muestra de materia verde sobre la cual se determinó: MS (materia seca), PC (proteína cruda), FDA (fibra detergente ácido), FDN (fibra detergente neutro), LDA (lignina detergente ácida) y C (cenizas).

Tabla 3. Análisis de laboratorio y métodos utilizados

	MÉTODO DE LABORATORIO
MS	Estufa a 60°C (AOAC, 1990)
FDN	(Van Soest et al., 1991)
FDA	(Van Soest et al., 1991)
LDA	(Van Soest et al., 1991)
Ceniza	(AOAC, 1990)
PC	(AOAC, 1990)

3.5 ANÁLISIS ESTADÍSTICO

Las variables de interés fueron sometidas a un ANOVA para conocer el comportamiento de la varianza y a un ACP, ambos fueron ejecutados en el programa InfoStat®. Para el resto de los estudios realizados SREG, regresión lineal de Eberhart-Russell y estabilidad de Shukla se utilizó GEA-R versión 4.1 desarrollado por CIMMYT basado en el programa R.

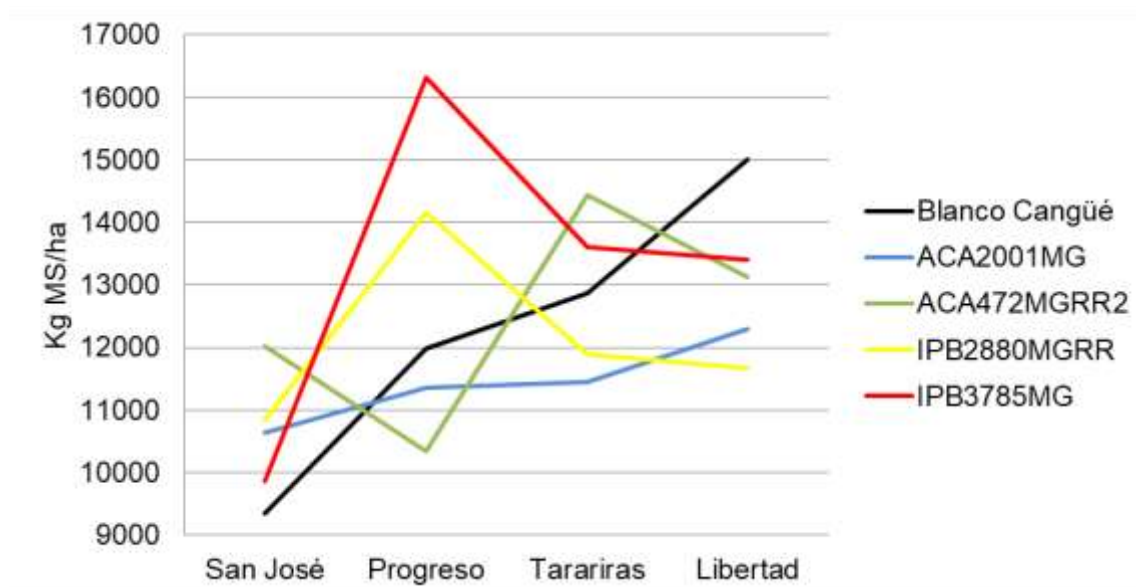
4 RESULTADOS

4.1 ANÁLISIS DE LOS PARÁMETROS DE CALIDAD Y RENDIMIENTO

4.1.1 Rendimiento MS por ambiente

San José fue el ambiente de producción con menor media de producción con un rendimiento de 10542 kgMS/ha, seguido por Progreso que obtuvo una media 12830 kgMS/ha con una gran amplitud en la producción de los genotipos evaluados. Tarariras alcanzó un promedio de 12846 kgMS/ha. Libertad fue el ambiente que logró mejores rendimientos, alcanzando los 13100 kgMS/ha.

Figura 1. Rendimiento promedio de MS (kg/ha) según genotipo y ambiente de producción



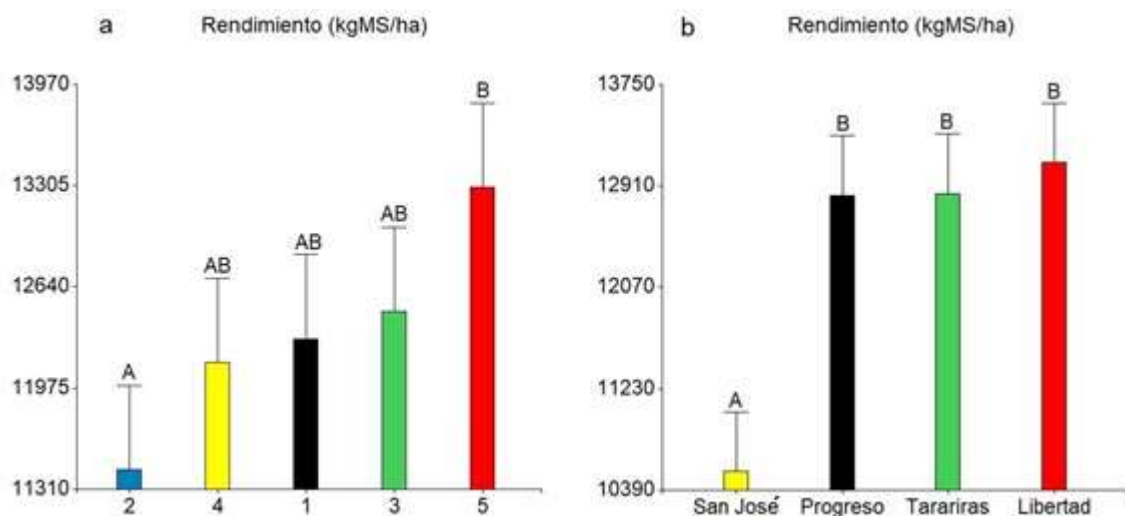
Se puede observar una fuerte interacción genotipo ambiente con cambio de ranking, es decir, genotipos que presentan mayor rendimiento relativo en un ambiente son los peores en otros. Blanco Cangüé que es el que tiene menor performance en el ambiente más desfavorable es el que obtiene el mayor rendimiento en el ambiente más favorable, Libertad. ACA2001 tuvo el mismo comportamiento que Cangüé, mostrando bajo desempeño en el ambiente menos

favorable, y el mejor en el ambiente más óptimo, aunque sin saltos tan abruptos en los volúmenes de producción. ACA472 mostró un buen nivel de rendimiento en San José y Tarariras, siendo el más bajo en Progreso y agrupándose con el resto en Libertad. IPB2880 demostró un gran desempeño en Progreso, mientras que en Tarariras y Libertad estuvo en el grupo de los más bajos, en San José se mantuvo cercano a los demás genotipos. IPB3785 tuvo un desempeño muy bajo en San José, teniendo un salto de producción en Progreso donde se mostró superior que el resto, en Tarariras y Libertad se mantuvo dentro de los genotipos superiores.

4.1.2 Rendimiento de materia seca

El rendimiento medido como KgMS/ha tuvo un coeficiente de variación de 15,56%. Las diferencias significativas entre genotipos se dieron para ACA2001 quien mostró el menor rendimiento, 11438 kgMS/ha e IPB3785 con la máxima producción, 13295 kgMS/ha. El resto de los genotipos no mostraron diferencias significativas con ninguno de los evaluados.

Figura 2. Rendimiento de MS total para genotipos y ambientes de producción evaluados

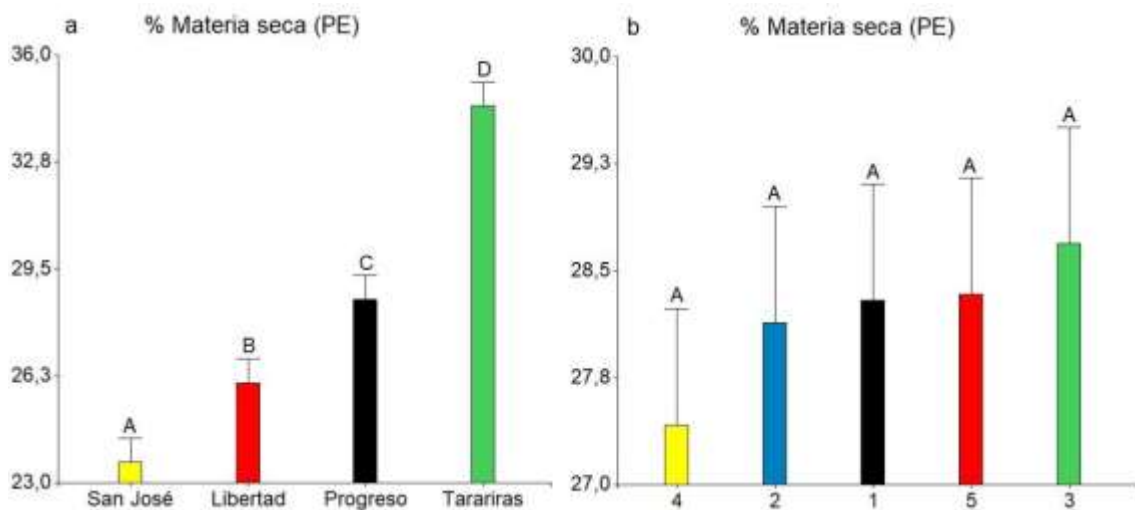


En cuanto a la media por localidad la única diferencia significativa se dio con San José, donde se registró la menor media de rendimiento con uno 10542 kgMS/ha. El resto de los ambientes no mostraron diferencias entre sí.

4.1.3 Porcentaje de materia seca

El porcentaje de materia seca representa lo que queda del material una vez que se saca el agua. No se observaron diferencias significativas para los genotipos evaluados, pero sí existieron para los ambientes evaluados. Todos los ambientes difirieron entre sí, siendo San José el que tuvo menor contenido de materia seca, seguido por Libertad, Progreso y Tarariras.

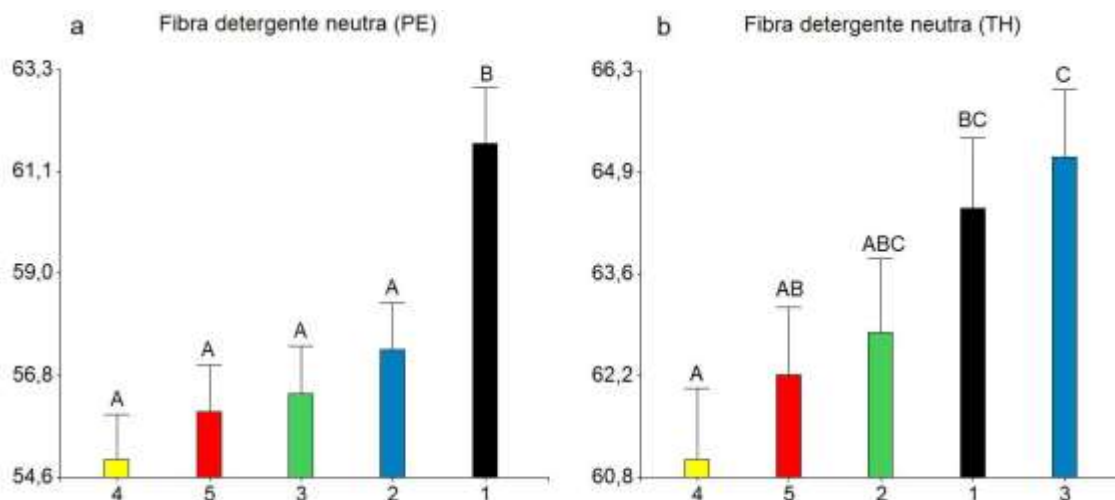
Figura 3. Porcentaje de MS para genotipos y ambientes de producción evaluados



4.1.4 Fibra detergente neutra (FDN)

La variación en la composición de FDN en planta entera mostró un coeficiente de variación de 5,89%, mientras que la variación de FDN para la fracción stover conformada por tallo más hoja tuvo un coeficiente de variación de 5%.

Figura 4. Contenido de FDN en las distintas fracciones de la planta para cada genotipo evaluado



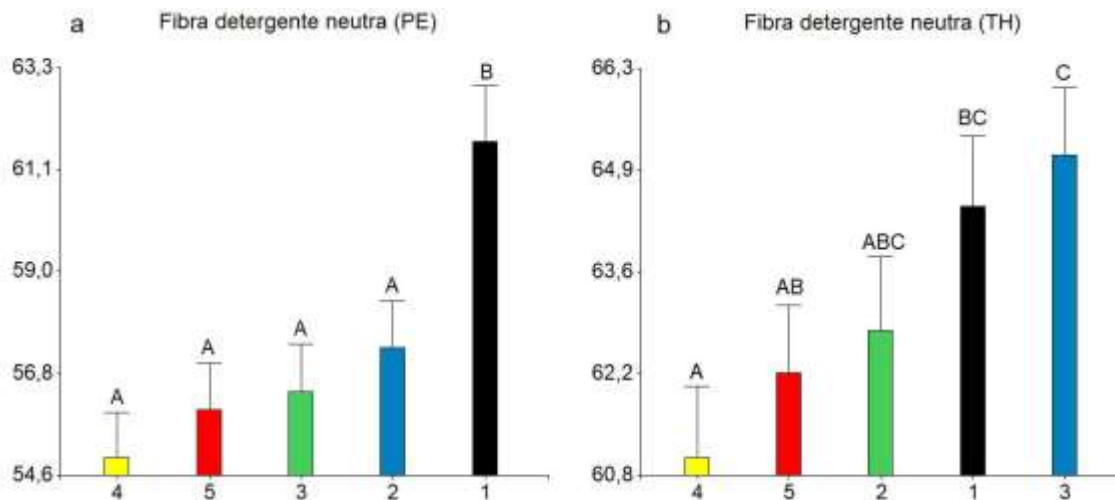
En la figura 4 se pueden observar las medias generales en el contenido de FDN en porcentaje del total, para cada genotipo evaluado y las diferencias entre los mismos. A la izquierda está representada la producción de FDN en la planta entera y a la derecha el FDN de la fracción stover.

Los valores de fibra cuantificados para planta entera fueron menores que los registrados para la fracción tallo más hoja, con un máximo cercano a 62% en planta entera y 67% en stover.

Las medias genotípicas para la FDN en planta entera muestran diferencias significativas, donde Cangüé con una media de 60,18% fue significativamente mayor que ACA472 (50,06%), IPB3785 (55,60%) e IPB2880 (54,97%), mientras que ACA2001 con una media de 57,66% no mostró diferencia con ningún genotipo.

Las medias genotípicas de FDN para la fracción stover se observaron diferencias significativas entre ACA472 con una composición de 65,13% de FDN e IPB2880 con una media de 60,67%, a su vez, estos ninguno de estos dos difirió de forma significativa con el resto de los genotipos evaluados.

Figura 5. Contenido de FDN en las distintas fracciones de la planta para cada ambiente de producción evaluado



En la figura 5 muestra las medias en el contenido de FDN en porcentaje del total, para cada ambiente de producción y las diferencias entre los mismos. A la izquierda está representada la producción de FDN en la planta entera y a la derecha el FDN de la fracción stover.

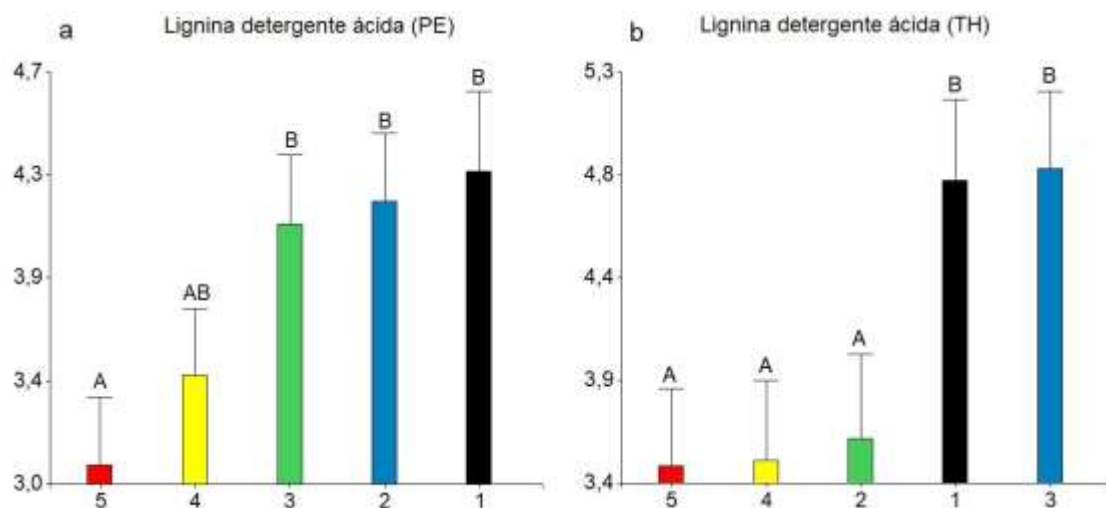
Para las medias ambientales de FDN en planta entera se vio que la localidad de Tarariras fue significativamente menor que el resto, con una media de 52,25%, Libertad y Progreso no tuvieron diferencias significativas entre sí, con valores de 56,80 y 57,18 respectivamente. San José fue significativamente mayor que todos con una media de 61,39%

Cuando se observa las medias ambientales para FDN en stover se observa que Tarariras nuevamente mostró diferencias significativas con el resto, obteniendo valores inferiores de FDN con una media de 57,97. A diferencia de lo ocurrido en planta entera, para esta fracción el resto de los ambientes no mostraron diferencias significativas en sus medias, Progreso con contenido de FDN de 63,96%, Libertad con 64,69% y San José alcanzado valores de 65,77%.

4.1.5 Lignina detergente ácida (LDA)

La variación en la proporción de LDA en los tejidos de la planta entera mostró un CV de 25,64%, mientras que el CV para LDA del stover fue de 29,36%. En la figura 6 se pueden observar las medias generales de contenido de LDA para cada genotipo evaluado y las diferencias entre los mismos. A la izquierda está graficado para el contenido analizado a partir de tejidos de la planta entera, mientras que a la derecha se muestra el contenido de LDA de la fracción stover correspondiente a tallo más hoja. Al igual que lo ocurrido con FDN, las medias obtenidas en stover son mayores.

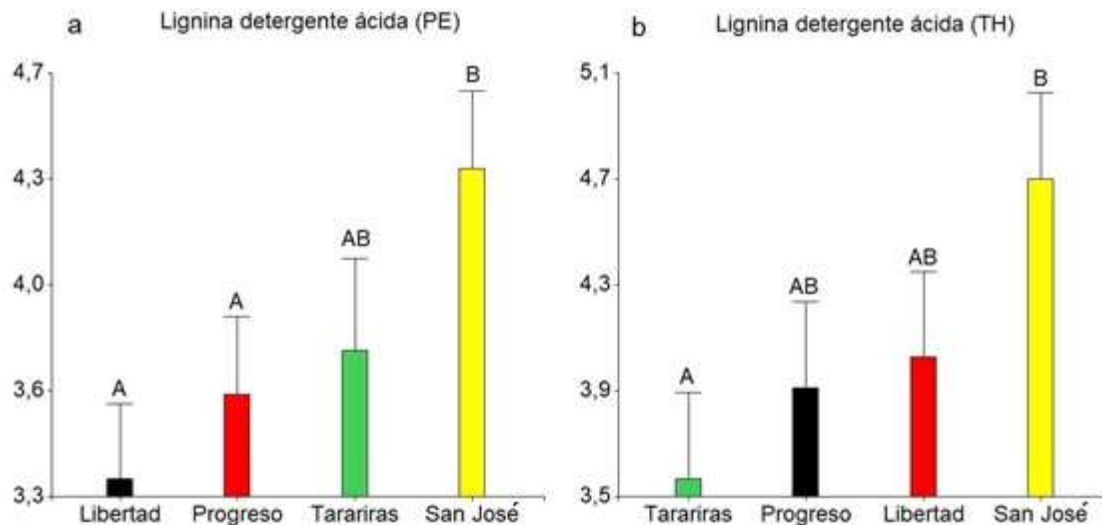
Figura 6. Contenido de LDA en las distintas fracciones de la planta para cada genotipo evaluado



Las medias genotípicas para LDA en planta entera mostraron que IPB3785 con un valor de 3,05 tuvo significativamente menor contenido que ACA472 con 4,07, ACA2001 con 4,20 y Cangüé con 4,28. El genotipo IPB2880 con una media de 4,28 no mostró diferencias con ningún otro.

Para la fracción stover compuesta por tallo y hoja, IPB3785, IPB2880 y ACA2001 no mostraron diferencias significativas entre sí, teniendo medias de 3,53, 3,53 y 5,58 respectivamente, pero tuvieron diferencias con Cangüé y ACA472, quienes tuvieron los mayores valores de LDA, 4,84 y 4,86.

Figura 7. Contenido de LDA en las distintas fracciones de la planta para cada ambiente de producción evaluado



En la figura anterior se muestran las medias generales de contenido de LDA para cada ambiente de producción evaluado y las diferencias entre los mismos. A la izquierda está graficado para la el contenido de LDA de la planta entera, mientras que a la derecha se muestra el contenido de LDA de la fracción stover correspondiente a tallo más hoja.

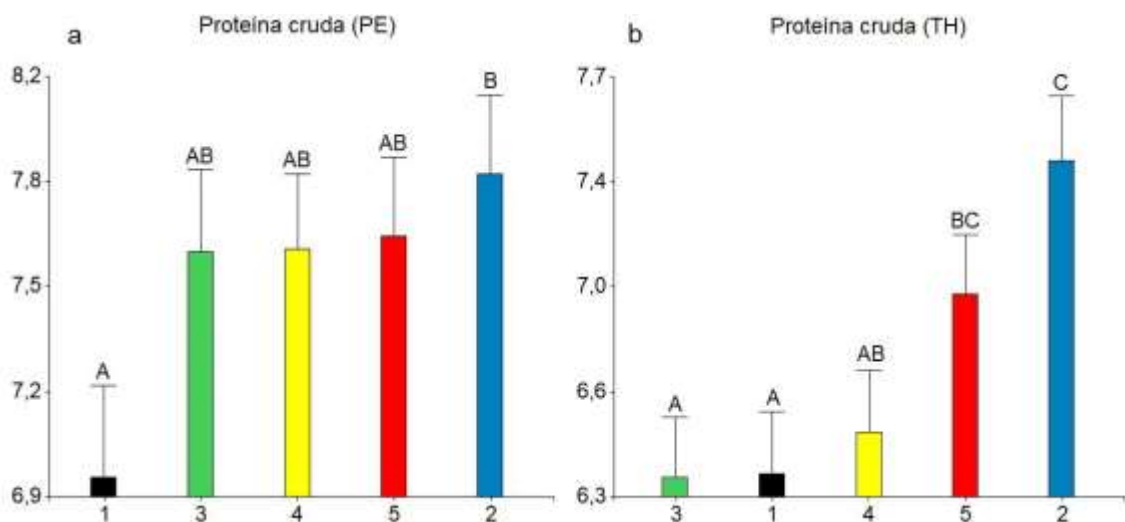
Teniendo en cuenta las medias ambientales para la planta entera, Libertad y San José muestran diferencias significativas con medias de 3,35 y 4,39 respectivamente, aunque ninguno de los dos presenta diferencias significativas con los ambientes restantes, Progreso con una media de 3,66 y Tarariras con 3,85.

Para lignina detergente ácida en stover Tarariras y San José mostraron diferencias significativas, donde nuevamente San José obtuvo los mayores valores de LDA con una media de 4,76, mientras que Tarariras tuvo 3,60. Ambas localidades no mostraron diferencias con Progreso (3,89) y Libertad (4,02).

4.1.6 Proteína cruda (PC)

A través de un análisis de varianza se observó que el contenido de proteína cruda (PC) en planta entera tuvo un coeficiente de variación de 10,04%, valor similar al de la fracción de tallo más hoja, el cual fue 10,70%.

Figura 8. Contenido de PC en las distintas fracciones de la planta para cada genotipo evaluado



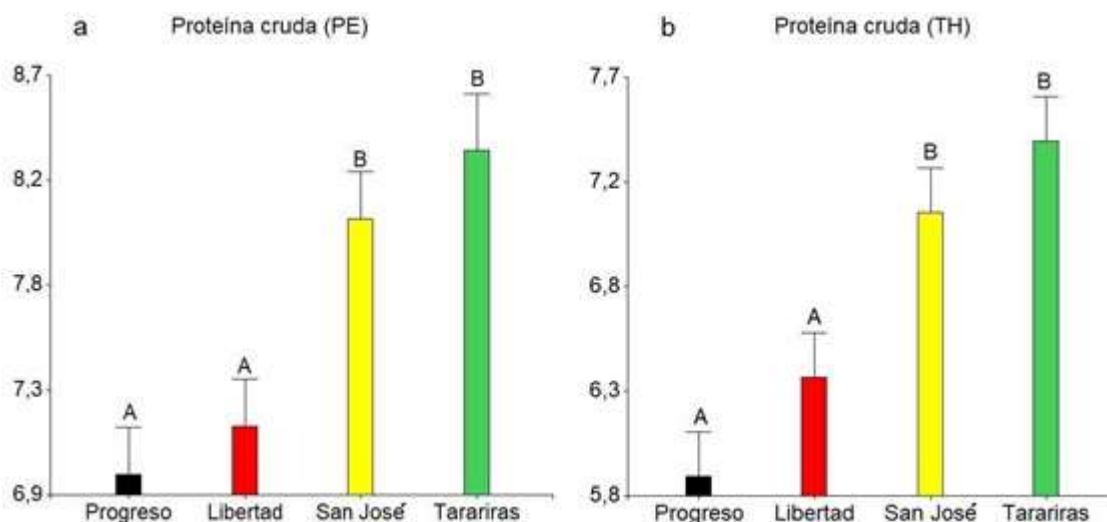
Las barras de la izquierda muestran las variaciones en producción de PC en la planta entera para cada genotipo, mientras que a la derecha se observa el contenido de PC teniendo en cuenta solamente la fracción tallo y hoja. En este caso, las medias alcanzadas en planta entera son mayores que las obtenidas en stover, este comportamiento difiere con lo ocurrido con las fracciones de fibra como FDN y LDA.

Para el contenido de PC en planta entera el valor máximo de las medias fue 7,94% para ACA2001, el cual no difirió significativamente con los genotipos IPB3785 con 7,72%, IPB2880 con 7,64% y ACA472 con valores de 7,62%, pero si mostró diferencias significativas con Cangüé el cual tuvo una media de 7,10% para el contenido de PC. A su vez Cangüé no difirió con el resto de los genotipos.

Al observar la media en contenido de PC para tallo y hoja se puede ver como ACA2001 alcanzando valores de 7,31% mostró diferencias significativas con todos los genotipos, excepto con IPB3785 con valores de 6,97%. Este último solo mostró diferencias significativas con ACA472 que logró una media de 6,33%. Cangüé e IPB2880 solo tuvieron diferencias con ACA2001, presentando medias de

6,38% y 6,56%, respectivamente, mostrándose en el grupo de menor producción de PC.

Figura 9. Contenido de PC en las distintas fracciones de la planta para cada ambiente de producción evaluado



El contenido de PC en planta entera teniendo en cuenta la localidad mostró que no existieron diferencias significativas entre Progreso y Libertad con medias de 6,93 y 7,17 respectivamente, pero estas difirieron de San José y Tarariras que se mostraron superiores alcanzando medias de 8,12 y 8,20 respectivamente.

En el caso de PC en tallo y hoja se observó el mismo comportamiento, donde Progreso con 5,98% y Libertad con 6,39% fueron significativamente diferentes que San José y Tarariras, con medias de 7,06% y 7,39% respectivamente.

El nivel de proteína para cada localidad se mantuvo invariado según fracción de la planta analizada, mientras que las medias registradas para esta fracción stover que representa el tallo y la hoja son algo inferiores a los valores de planta entera.

4.2 ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES

Para realizar el análisis de componentes principales se estudió inicialmente la correlación entre las variables medidas. Se eliminaron las variables que mostraron alto grado de asociación entre sí, ya que es indicio de que existe información redundante. De todas las variables registradas se eliminó fibra detergente ácida (FDA) quien representa una fracción de la FDN, con quien tenía una correlación de 0,86. Se quitó %MS en planta entera por tener una correlación negativa de -0,74 con FDN. Rendimiento de MS/ha no formó parte del ACP ya que las medidas cuantificadas eran de gran magnitud comparadas con el resto de las variables, lo que puede llevar a distorsionar los resultados.

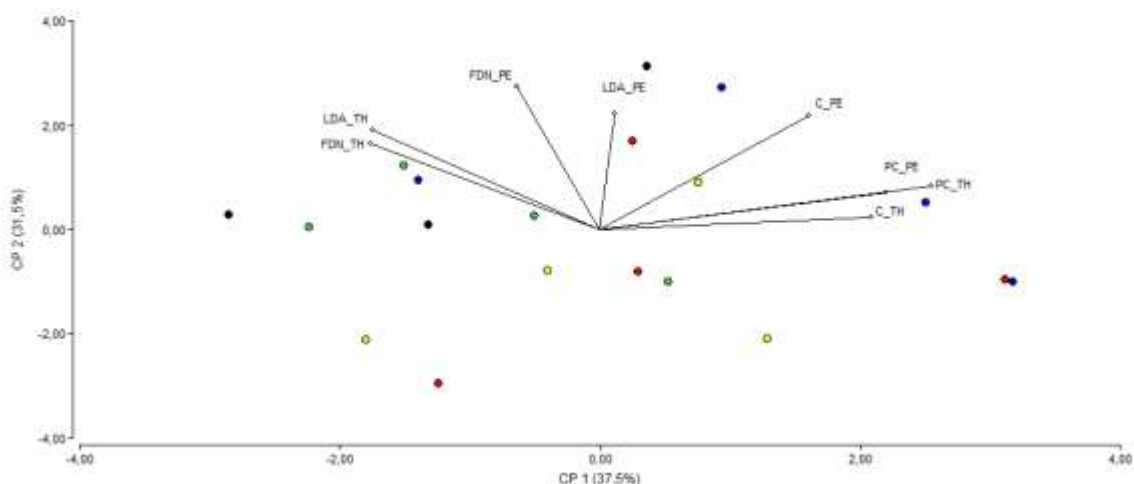
Las variables estudiadas fueron fibra detergente neutra (FDN), lignina detergente ácida (LDA), proteína cruda (PC) y ceniza (C), todas ellas en planta entera representada con las letras PE y en la fracción stover que está compuesta por el tallo más la hoja, representada por las letras TH.

Tabla 4. Matriz de correlación entre variables

C_PE	1,00							
PC_PE	0,45	1,00						
FDN_PE	0,42	-0,11	1,00					
LDA_PE	0,19	-0,06	0,50	1,00				
C_TH	0,28	0,22	-0,07	0,05	1,00			
PC_TH	0,36	0,67	-0,05	0,05	0,46	1,00		
FDN_TH	-0,12	-0,34	0,49	0,15	-0,02	-0,38	1,00	
LDA_TH	-0,03	-0,21	0,49	0,37	-0,19	-0,31	0,57	1,00
	C_PE	PC_PE	DN_P	LDA_PE	C_TH	PC_TH	FDN_TH	LDA_TH

Como se puede observar en la tabla anterior las variables que fueron analizadas mediante ACP no tienen altos coeficientes de correlación, siendo la más alta PC en planta entera con PC en tallo y hoja, con un coeficiente de 0,67.

Figura 10. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales (CP1 y CP2) según genotipo evaluado

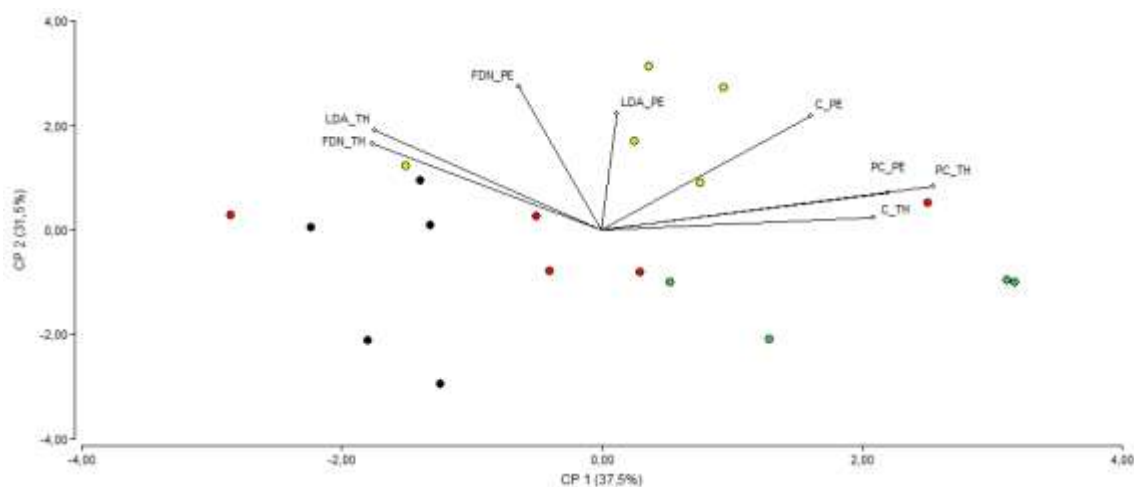


Los colores representan los genotipos estudiados; donde Blanco Cangüé está de color negro, ACA2001 de azul, ACA472 de verde, IPB2880 de amarillo e IPB3785 de rojo.

El 69,0% de la variabilidad del modelo esta explicado por los componentes principales CP1 y CP2. A su vez CP1 representa el 37,5% de la variación y está explicado principalmente por la proteína cruda y la ceniza, tanto en planta entera como en tallo, CP2 por su parte representa el 31,5% de la variación y las variables que lo conforman son fibra detergente neutra y lignina detergente ácida también en ambas fracciones. Las variables con mayor incidencia hacia la derecha del gráfico son PC y C tanto en planta entera como en stover, el ángulo agudo y muy cerrado que conforman los vectores permiten inferir el grado de correlación entre estas variables, mostrando una alta correlación positiva entre las mismas. Se correlacionan negativamente con FDN_TH, FDA_PE, LDA_TH Y LDA_PE, con quienes forman ángulos muy obtusos, estas variables si están correlacionadas positivamente entre ellas y se ubican en el sector izquierdo del gráfico. A su vez es C_PE tiene correlación con LDA_PE. La longitud de los vectores es proporcional a las varianzas de las variables, por lo que PC_PE, C_TH y LDA_PE son las que presentan menor variación.

Como se puede apreciar los colores de los puntos no siguen un patrón particular, están dispersos y no se reducen a un solo sector del gráfico. Esto muestra gran variabilidad entre individuos de un mismo genotipo.

Figura 11. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales (CP1 y CP2) según ambiente de producción



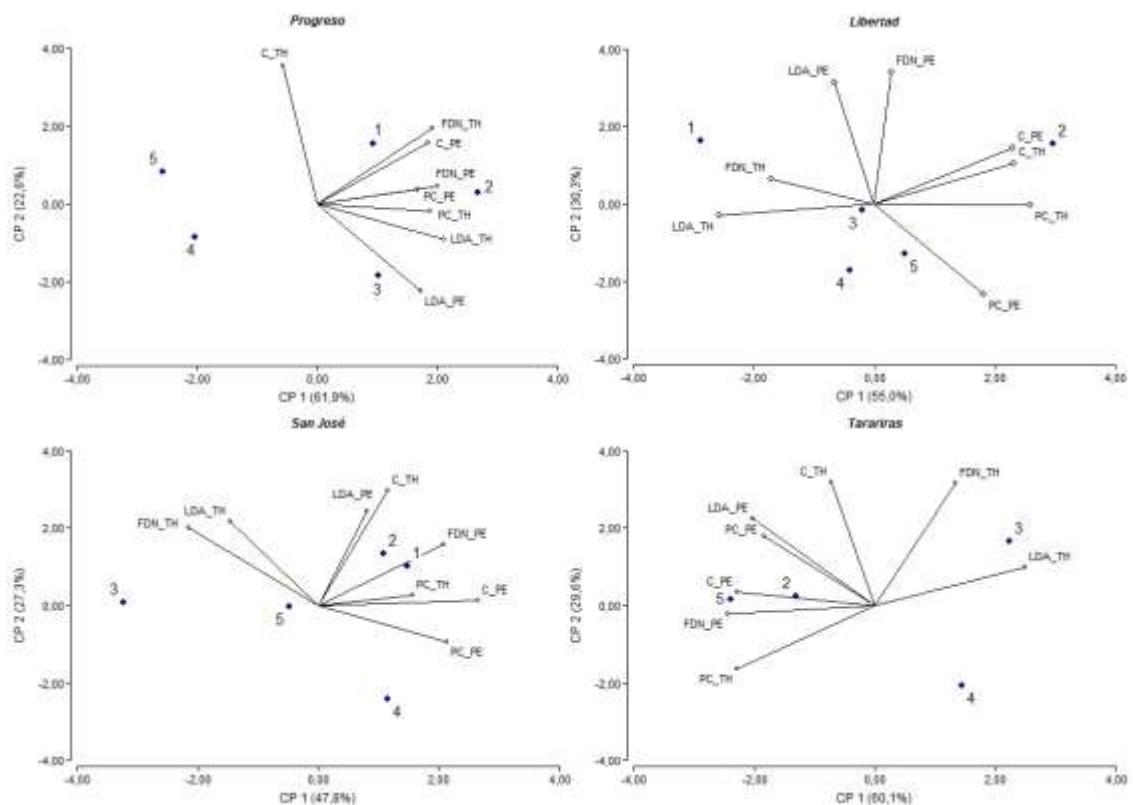
El color negro representa Progreso, rojo Libertad, amarillo San José y verde Tarariras.

Las figuras 10 y 11 son representaciones gráficas de las mismas variables y casos, conformadas por los mismos componentes principales en iguales magnitudes. La diferencia radica en que en éste los puntos que representan los casos están coloreados según ambiente de producción. Esto permite apreciar una mayor correlación entre ambiente y variables de calidad nutricional.

El ambiente de producción Progreso mostró un agrupamiento de casos en el cuadrante izquierdo inferior, en el que se asocia a individuos que presentaron bajo tenor de FDN y LDA, y bajo contenido de C y PC, aunque existen casos que se corresponden con mayor contenido de fracciones fibrosas. Los casos de Tarariras se ubicaron en el cuadrante derecho inferior, asociados a un bajo tenor de FDN y LDA, pero con asociación positiva a PC y C.

La mayoría de los individuos desarrollados en San José se concentraron en el cuadrante derecho superior, presentando asociación positiva a FDN, LDA, PC y C, aunque algunos se desplazaron hacia la izquierda, mostrando baja correlación con PC y C pero elevado tenor de FDN y LDA. En cambio Libertad muestra casos cercanos a cero en los cuadrantes derecho e izquierdo, en general con bajo contenido de FDN y LDA, y algunos casos en particular asociados a PC y C.

Figura 12. Análisis de componentes principales para cada ambiente de producción



En la figura anterior se muestra el análisis de componentes principales para cada una de las localidades que representa un ambiente de producción, de esta forma se puede observar la distribución de los genotipos para cada uno de ellos.

En la parte superior izquierda se encuentra el biplot que representa el ACP para Progreso. Para esta localidad los primeros dos componentes principales explican el 84,5% de la variabilidad, donde CP1 representa el 61,9% y CP2 representa el 22,6%. El CP1 separa hacia la derecha los genotipos Blanco Cangüé, ACA2001 y ACA472, asociando estos genotipos a altos valores de fibra y lignina, además de proteína cruda para stover. A la izquierda quedan IPB2880 e IPB3785, ambos con menor proporción de fibra y lignina en sus tejidos.

En el cuadrante superior derecho está representada la localidad de Libertad. Los primeros dos componentes principales explican el 85,3% de la variabilidad, donde CP1 explica el 55,0% y CP2 representa el 30,3%. En este caso CP1 agrupa hacia la derecha los casos con elevada producción de LDA en

ambas fracciones estudiadas, siendo Blanco Cangüé el genotipo que mostró altos valores para este parámetro. Hacia la izquierda se ubican los genotipos que muestran mayor proporción de PC y C.

San José se encuentra representado en el biplot de la parte inferior izquierda. Los primeros dos componentes de este modelo representan el 75,1% de la variabilidad total, donde CP1 explica el 47,8% y CP2 el 27,3%. A diferencia de los ambientes anteriores en esta localidad no todos los casos que representan a un mismo genotipo se agrupan en el mismo sector del gráfico. Cangüé se encuentra definido a la derecha, lo que lleva a asociarlo con contenidos elevados de fibra y lignina, mientras que IPB2880 está definido en el sector izquierdo, con valores inferiores para estos parámetros. Los genotipos ACA2001, ACA472 e IPB3785 están dispersos sin ningún patrón en común.

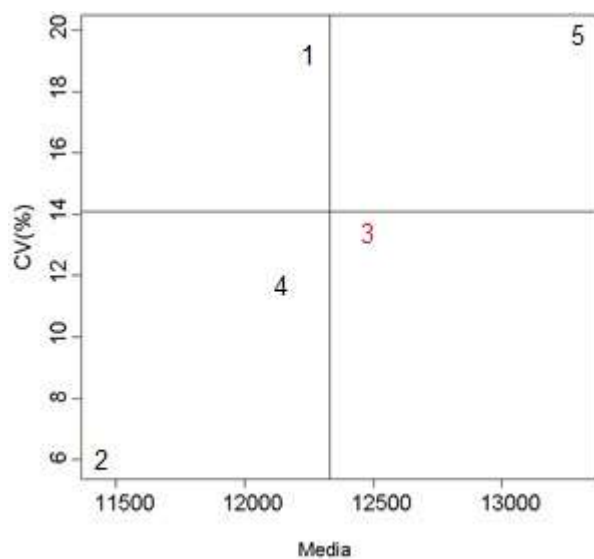
La localidad de Tarariras está representada en el gráfico de la parte inferior en el extremo derecho de la figura. Los primeros dos componentes explican el 89,7% de la variabilidad, donde el CP1 explica el 60,1% y CP2 el 29,6%. Los datos faltantes en este ambiente no hicieron posible la caracterización del Blanco Cangüé. IPB3785 se agrupó en el sector izquierda del gráfico, mostrando alta correlación con la producción de FDN y LDA en planta entera, mientras que ACA472 se agrupó hacia la derecha, mostrando alta asociación a la producción de FDN y LDA en tallo más hoja. Los genotipos ACA2001 e IPB2880 mostraron una dispersión más errática, sin una asociación particular.

4.3 ANÁLISIS DE ESTABILIDAD

El análisis de Shukla utiliza el coeficiente de variación como medida de estabilidad. El %CV representa la desviación con respecto a la media, cuanto mayor sea el coeficiente más alejado a la media se encuentra un individuo. En el cuadrante inferior derecho aloja a los individuos con mayor estabilidad y mayor nivel de producción.

4.3.1 Rendimiento (MS/ha)

Figura 13. Coeficiente de variación en función de la media para los genotipos y ambientes de producción evaluados para la variable de rendimiento (kgMS/ha)

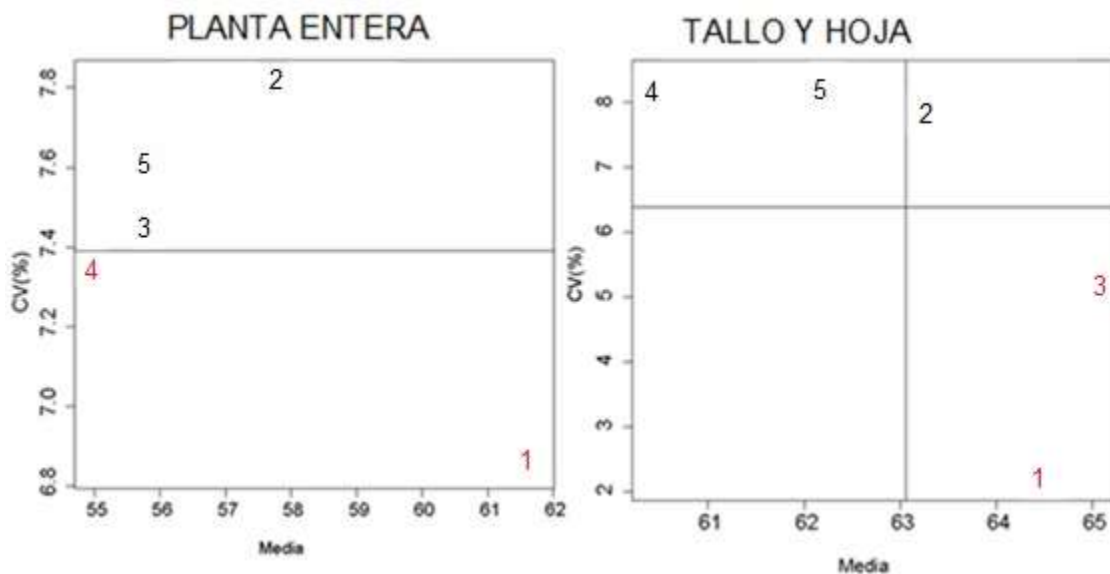


Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

En el análisis de estabilidad para rendimiento de MS/ha se considera más estable y más adaptado a ACA472, mostrando un CV menor a 14% y una media cercana a 12500 kgMS/ha. El genotipo que se destacó en su media de producción fue IPB3785 superando los 13000 kgMS/ha, pero su alto coeficiente de variación cercano a 20%, lo que lo hace poco estable y por lo tanto su comportamiento es muy errático ante diferencias en las condiciones ambientales. Blanco Cangüé también tuvo un alto CV pero con una media entre 12000 y 12500 kgMS/ha. ACA2001 mostró el rendimiento más bajo pero con un coeficiente de variación menor a 6%, mientras que IPB2880 mostró una media algo superior a 12000 kgMS/ha con un CV cercano a 12%.

4.3.2 Fibra detergente neutra

Figura 14. Coeficiente de variación en función de la media para fibra detergente neutra (FDN) para planta entera y tallo más hoja



Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

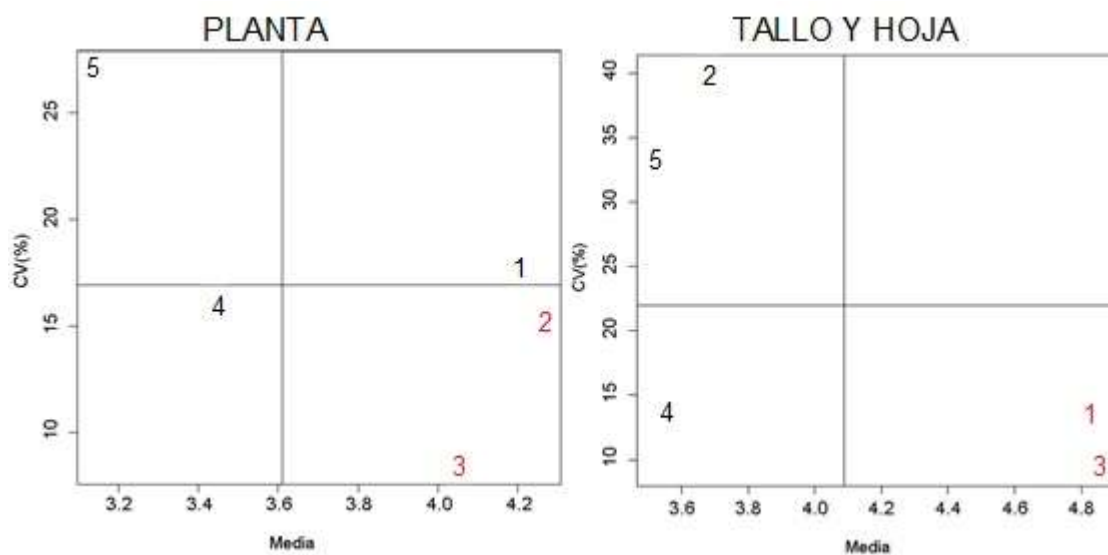
El análisis de estabilidad muestra que los genotipos más estables para la producción de FDN en planta entera son el Blanco Cangüé e IPB2880, ambos con un coeficiente de variación menor a 7,4, aunque con medias muy diferentes entre sí. Los genotipos restantes muestran medias menores a 58% pero con un CV mayor a 7,4%.

Con un coeficiente de variación entre 2 y 9%, los genotipos Blanco Cangüé y ACA472 mostraron un CV menor a 5%, con una media mayor a 64%, considerándose los más estables para la producción de FDN para tallo más hoja.

Al igual que la LDA, FDN no es una cualidad deseada para la calidad nutricional del maíz silo, por lo que los mejores genotipos para este propósito deberían presentar bajo CV y bajo tenor de producción. Para el caso de planta entera, el genotipo que tuvo mejor comportamiento fue IPB2880, mientras que para tallo más hoja, ninguno cumple con ambos requisitos.

4.3.3 Lignina detergente ácida

Figura 15. Coeficiente de variación en función de la media para lignina detergente ácida (LDA) en planta entera y tallo más hoja



Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

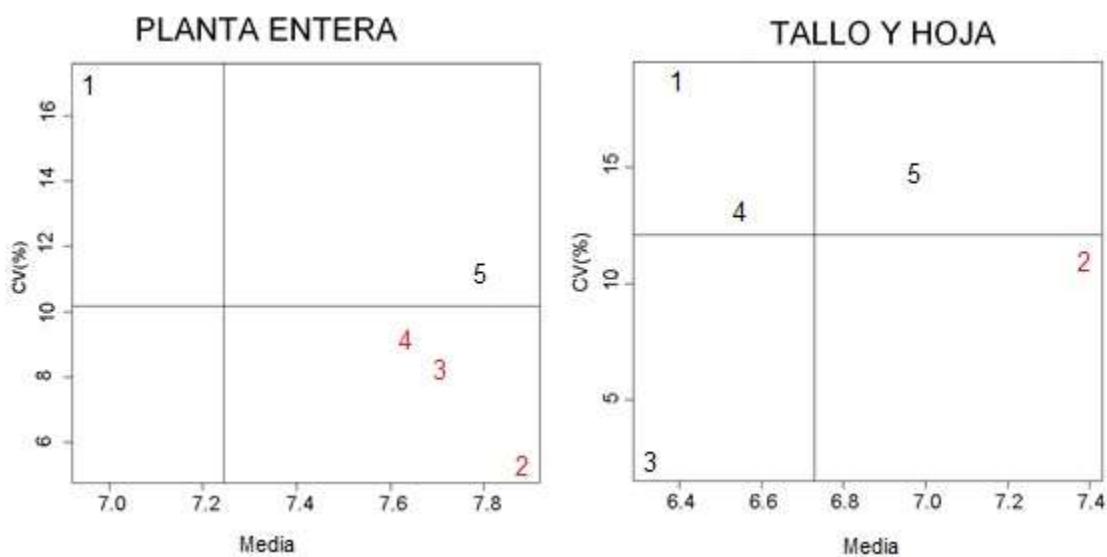
Los genotipos más estables y con alta producción están representados con el color rojo, ubicados en el cuadrante inferior derecho. En este caso los genotipos con mayor estabilidad para la producción de LDA en planta entera resultaron ser ACA2001 y ACA472. Estos materiales tienen bajo coeficiente de variación y alcanzan los valores más elevados en la media, entre 4 y 4,2. Blanco Cangüé tiene una media en producción de LDA elevada y un CV mayor a 15%, IPB2880 tiene un CV algo superior a 15% pero con una media baja, de 3,4. IPB3785 tiene un CV superior al 25% y una media de 3,2.

Para la LDA en la fracción tallo más hoja, los genotipos que presentaron mayor estabilidad fueron el Blanco Cangüé y ACA472, obteniendo medias similares, en torno a 4,8 y un CV de entre 10 y 15%. En esta fracción los genotipos mostraron un rango de coeficientes de variación mayores a los obtenidos para planta entera.

Como esta característica es desfavorable para la calidad del forraje, el genotipo IPB2880 resulta el más estable y adaptado al propósito, ya que tiene bajo coeficiente de variación y una media inferior.

4.3.4 Proteína cruda

Figura 16. Coeficiente de variación en función de la media para proteína cruda (PC) para planta entera y tallo más hoja



Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

En el análisis de estabilidad se puede observar de color rojo los genotipos considerados más estables y con buena performance para la característica estudiada.

En este caso para la PC en planta entera se demostró que los genotipos ACA2001, ACA473 e IPB2880 presentan mayor estabilidad por tener un coeficiente de variación menor a 10% y son superiores en la media de producción.

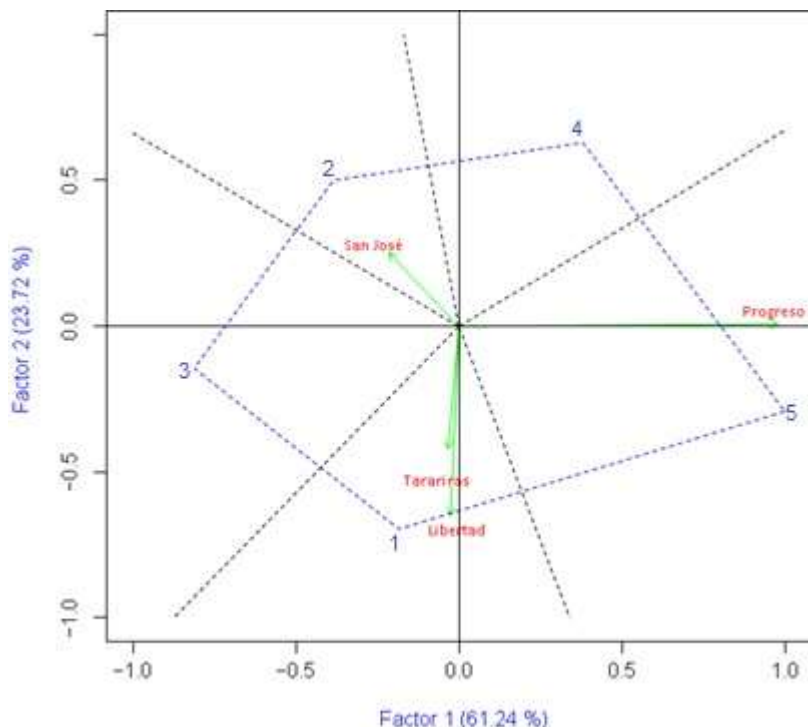
Para la fracción tallo más hoja ACA2001 es quien presenta mejor aptitud para la producción de proteína, con una media superior alrededor de 7,4% y un coeficiente de variación algo menor al del resto de los genotipos.

4.4 CARACTERIZACIÓN DE LA ESTABILIDAD MEDIANTE EL ANÁLISIS DE REGRESIÓN DE SITIOS

A partir de los gráficos del modelo SREG se obtiene interpretaciones útiles de las interacciones entre genotipos, ambientes y GE. Los ambientes están representados por los vectores, la distancia entre dos vectores indica su interacción, esto se refleja en el coseno del ángulo que se forma entre ambos. Los ángulos agudos indican correlaciones positivas, los vectores paralelos se aproximan a correlaciones positivas altas. Los ángulos obtusos con vectores en dirección opuesta representan correlaciones negativas. Cuando la dirección de los vectores es perpendicular la correlación se aproxima a cero, y no hay información del primer ambiente que pueda usarse para predecir el comportamiento del genotipo en el otro ambiente. La proyección de los genotipos con respecto cada vector muestra su desempeño para ese ambiente determinado. Cuando el desempeño es bueno se ubicará cercano al extremo del vector, en cambio con bajos desempeños se ubicará en el lado opuesto a la dirección del vector (Torres Flores et al., 2017).

4.4.1 Materia seca

Figura 17. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales representando el modelo de regresión de sitios para los genotipos y ambientes evaluados para la variable rendimiento (kgMS/ha)



Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

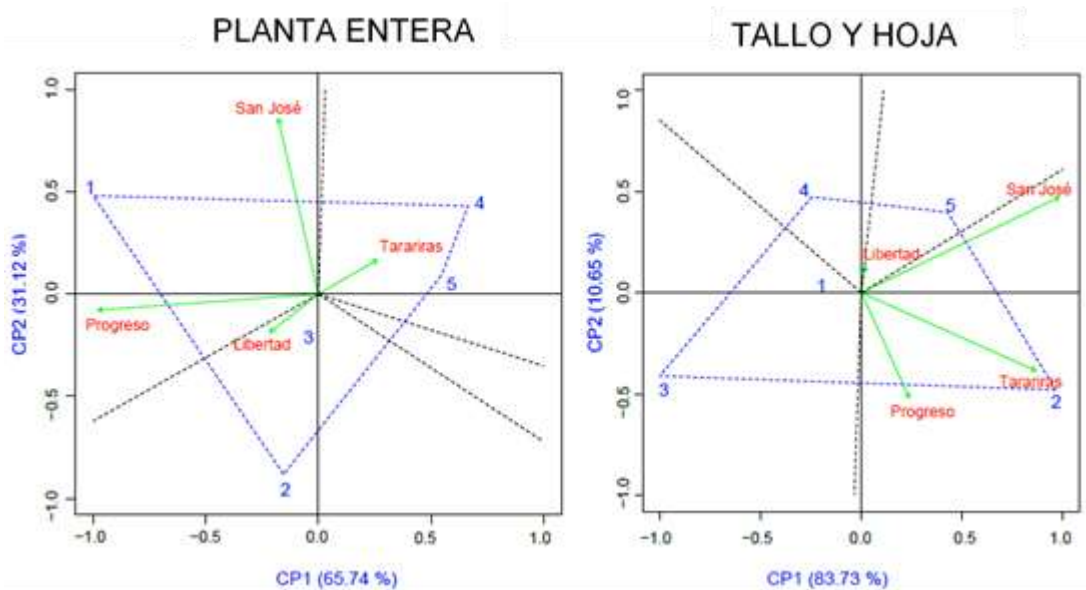
Los primeros dos componentes principales explican 84,96% de la variabilidad, CP1 representa el 61,24% y CP2 el 23,72%. El sitio que mostró mayor variabilidad fue Progreso, seguido por Libertad y Tarariras quienes muestran gran asociación, y finalmente con muy baja variabilidad se encuentra San José.

El maíz Blanco Cangüé presentó valores mayores a la media en Tarariras y Libertad, y menores a la media en el resto de los ambientes. ACA2001 mostró valores superiores a la media en San José e inferiores en el resto de los ambientes. ACA472 tuvo desempeños mayores a la media en San José, Libertad y Tarariras, menores a la misma para Progreso. IPB2880 logró rendimientos superiores a la media en San José y Progreso, menores que la misma para

Libertad y Tarariras. IPB3785 tuvo rendimientos muy superiores en Progreso, algo superiores en Libertad y Tarariras, e inferiores en San José.

4.4.2 Fibra detergente neutra

Figura 18. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales representando el modelo de regresión de sitios para los genotipos y ambientes evaluados para la variable FDN de la fracción planta entera y tallo más hoja



Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

Para FDN en planta entera con los dos primeros componentes se explica el 96,86% de la variabilidad, donde el componente 1 explica el 65,74% y el componente 2 31,12%. Los ambientes Progreso y San José presentaron mayor variabilidad que Libertad y Tarariras.

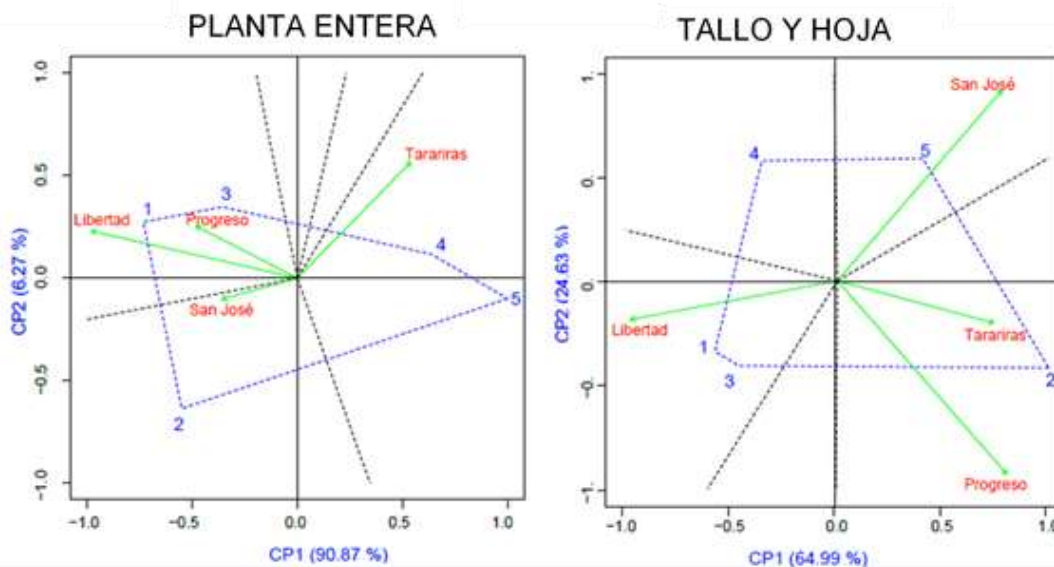
El Blanco Cangüé tiene mayor contenido de FDN que la media para Libertad, Progreso y San José. ACA2001 presentó valores superiores a la media en los ambientes Libertad y Progreso. ACA472 se ubicó cercano al origen mostrando un comportamiento más estable en todos los ambientes, presentando valores mayores a la media en Libertad. El genotipo IPB2880 muestra valores superiores a la media en los ambientes Tarariras y San José, IPB3785 tuvo un comportamiento similar al anterior, pero alcanzó niveles menores de FDN y con mayor estabilidad.

Al analizar la fracción tallo más hoja se puede ver que los primeros dos componentes representan el 94,38% de la variabilidad, donde el componente 1 explica el 83,73% y el componente 2 el 10,65%. Observando el largo de los vectores se puede ver que los ambientes Progreso, San José y Tarariras presentan mayor variabilidad para los valores de FDN en tallo y hoja, mientras que en Libertad la variabilidad resultó ser muy inferior.

El Blanco Cangüé se ubica cerca de la ordenada lo que demuestra que es estable en todos los ambientes, mostrando tenores de FDN superiores a la media en Libertad. ACA2001 expresa valores de FDN superiores a la media en los ambientes Progreso, Tarariras y San José. El genotipo ACA472 presenta valores inferiores a la media para todos los sitios mientras que para el sitio dos muestra valores cercanos a la media general. IPB2880 presenta contenidos de FDN en tallo y hoja mayores a la media solo en Libertad, mientras que en el resto de los ambientes fue por debajo de la misma. IPB3785 muestra valores superiores a la media en todos los sitios excepto en Progreso.

4.4.3 Lignina detergente ácida

Figura 19. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales representando el modelo de regresión de sitios para los genotipos y ambientes evaluados para la variable LDA en planta entera y tallo más hoja



Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

Para la planta entera los primeros dos componentes de este modelo explican el 97,14% de la variabilidad total, donde la mayor parte está explicada por el componente 1 con 90,87% y el componente 2 tan solo un 6,27%.

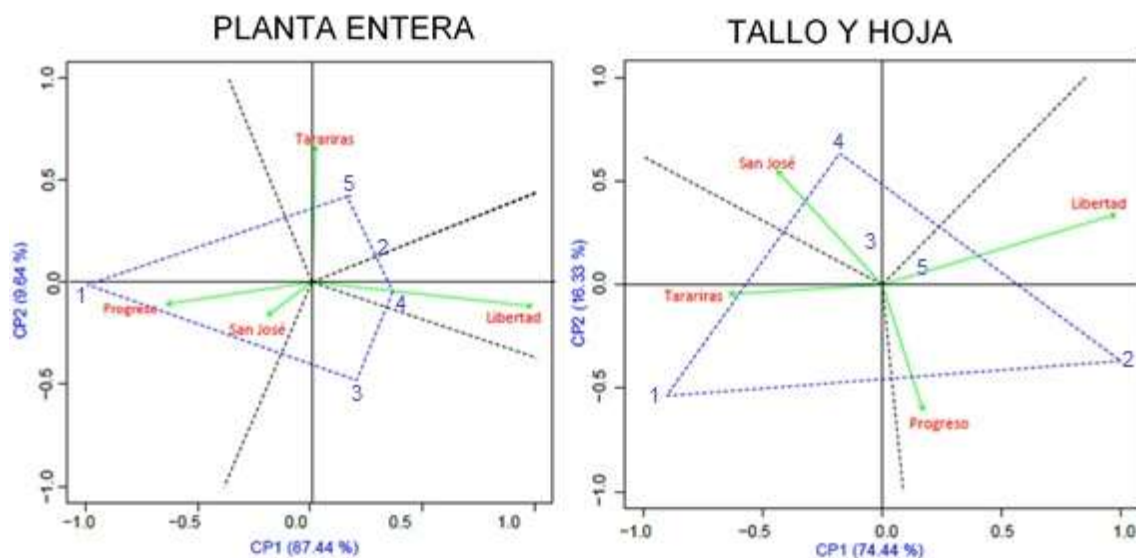
El maíz Blanco Cangüé presenta valores de LDA en planta entera superiores a la media para los sitios Libertad, Progreso y San José, los dos últimos muestran gran asociación entre ellos, en estos también alcanza valores elevados el genotipo ACA472, pero algo menores que el genotipo Blanco Cangüé. ACA2001 tiene baja estabilidad y muestra porcentajes de lignina superiores a la media para todos los ambientes excepto para Tarariras. El genotipo IPB2880 en general tiene una proporción de LDA menor que la media, solo supera la misma en Tarariras. El genotipo IPB3785 tiene el mismo comportamiento que IPB2880, pero presenta valores más elevados de FDN, ambos genotipos reflejan ser estables.

En la fracción vegetativa los primeros dos componentes explican el 89,62% de la variabilidad, donde el componente 1 explica el 64,99% y el componente 2 el 24,63%. Los ambientes Libertad, Progreso y San José tienen mayor variabilidad que en Tarariras.

El Blanco Cangüé mostró valores de lignina mayores a la media en Libertad, mientras que en el resto de los ambientes menores a la media, su cercanía a la ordenada muestra que es uno de los materiales más estables para este parámetro. El genotipo ACA472 se comporta de forma similar que el Blanco Cangüé. ACA2001 mostró valores elevados de LDA en los ambientes Progreso y Tarariras, quienes muestran gran asociación, en San José obtuvo valores similares a la media y en Libertad menor a la media. IPB2880 en general mostró valores de LDA inferiores a la media para todos los ambientes, excepto para Libertad, donde es levemente superior. IPB3785 obtuvo valores de LDA muy superiores a la media en San José y algo superiores a la media en Tarariras, mientras que inferiores para los sitios Libertad y Progreso.

4.4.4 Proteína cruda

Figura 20. Biplot conformado por las dos primeras componentes principales representando el modelo de regresión de sitios para los genotipos y ambientes evaluados para la variable PC en planta entera



Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

En el gráfico que representa la planta entera los primeros dos componentes explican el 97,08% de la variabilidad, donde el componente 1

explica el 87,44% y el componente 2 el 9,64%. Libertad es el sitio que presenta mayor variación para esta variable, mientras que San José es el que presenta menor variación.

El Blanco Cangüé presentó en general bajo desempeño con respecto al resto de los genotipos para PC, siendo superior a la media para los ambientes de Progreso y San José, los cuales están muy asociados entre sí, obtuvo un comportamiento similar a la media en Tarariras e inferior en Libertad. ACA2001 mostró valores superiores a la media en Libertad y Tarariras, e inferiores en San José y Progreso. El genotipo ACA472 ubicado en el vértice del polígono, mostrando baja estabilidad con valores algo superiores a la media para Libertad y San José. IPB2880 tuvo un comportamiento muy superior a la media en Libertad, cercano a la misma en Tarariras, e inferior en San José y Progreso. IPB3785 fue superior a la media en Tarariras, cercano a la media en Libertad y por debajo de la misma en San José y Progreso, al igual que ACA472 mostró baja estabilidad.

Al analizar la fracción tallo y hoja los primeros dos componentes principales explican el 90,77% de la variabilidad, donde el CP1 explica el 74,44% y el CP2 el 16,33% restante. Libertad es el ambiente que mostró mayor variación para este parámetro, mientras que el resto de los ambientes tuvieron una variación algo menor y similares entre ellas.

Los genotipos Blanco Cangüé, ACA2001 e IPB2880 muestran los valores más extremos ubicándose en los extremos del polígono, en cambio los genotipos ACA472 e IPB3785 se ubicaron cercanos a la ordenada, lo que demuestra mayor estabilidad. ACA472 es el que se corresponde con los valores de PC más altos para esta fracción.

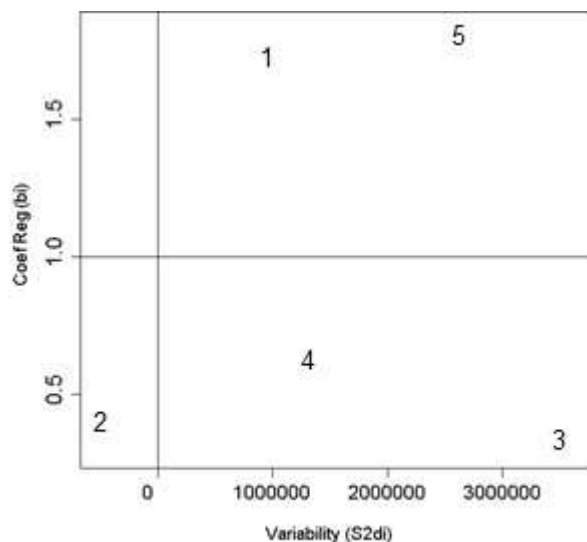
4.5 COEFICIENTE DE REGRESIÓN

En el análisis de coeficientes de regresión se puede observar la variación entre los genotipos. Se busca estudiar la estabilidad de los genotipos a través de su coeficiente de regresión (b_i) y la varianza (S^2). El coeficiente de regresión mide la respuesta de un genotipo a diferentes ambientes, considerándose estable cuando b_i es cercano a 1, mientras que S^2 mide la desviación con respecto a la media, considerándose estable cuando este parámetro es cercano a cero.

Para llevarlo a cabo solo se tendrá en cuenta la fracción vegetativa, representada por el tallo y las hojas, ya que se considera componente fundamental de la determinación de la calidad nutritiva del material a ensilar.

4.5.1 Materia seca

Figura 21. Coeficiente de regresión lineal de la media de los genotipos sobre la media de sitios correspondiente al análisis de estabilidad de Eberhart y Russell para rendimiento (kgMS/ha)

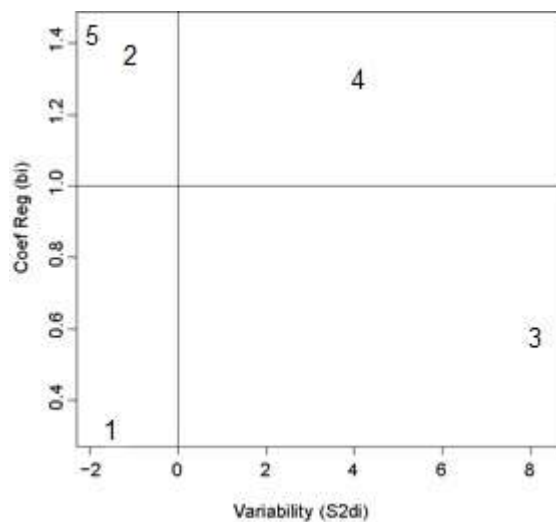


Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

Los genotipos Blanco Cangüé e IPB3785 cuyo $b_i > 1$ demuestran tener alto desempeño en el rendimiento, pero con gran variabilidad. En cambio, los genotipos ACA2001, ACA472 e IPB2880 han mostrado rendimientos menores, teniendo valores de $b_i < 1$, de estos últimos sólo ACA2001 mostró una varianza cercana a cero, lo que permite inferir que se trata de un genotipo estable para este parámetro productivo.

4.5.2 Fibra detergente neutra (FDN)

Figura 22. Coeficiente de regresión lineal de la media de los genotipos sobre la media de sitios correspondiente al análisis de estabilidad de Eberhart y Russell para FDN en tallo más hoja



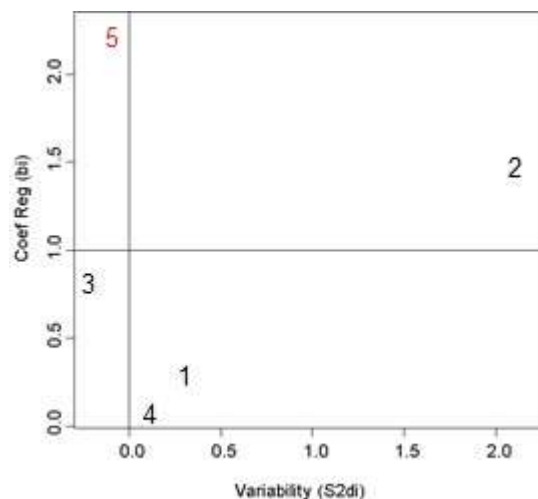
Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

Para FDN los genotipos que mostraron valores elevados fueron IPB3785, ACA2001 e IPB2880, los primeros dos demostraron tener gran estabilidad para este parámetro. Cangüé y ACA472 estuvieron por debajo en el contenido de FDN, Cangüé tuvo una varianza cercana a cero.

Cabe destacar que la varianza para este parámetro es muy baja, por lo que no permitiría realizar grandes inferencias sobre la estabilidad de los genotipos.

4.5.3 Lignina detergente ácida (LDA)

Figura 23. Coeficiente de regresión lineal de la media de los genotipos sobre la media de sitios correspondiente al análisis de estabilidad de Eberhart y Russell para LDA en tallo más hoja

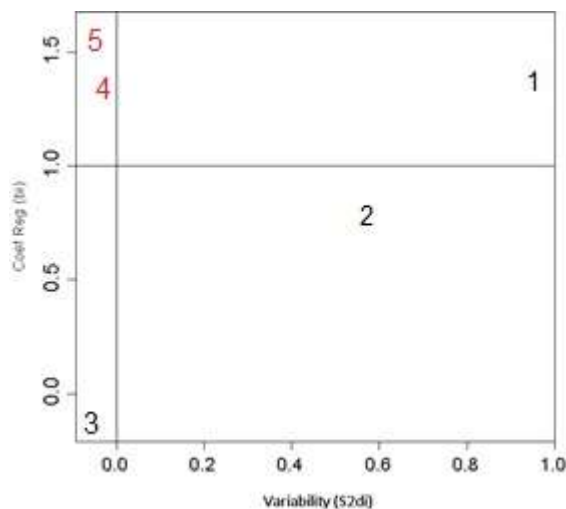


Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

Para LDA el tallo y hoja el genotipo IPB3785 resultó mostrar una producción mayor que el resto de los genotipos, seguido por ACA2001, luego ACA472, Cangüé e IPB2880. Al igual que para FDN la varianza entre los genotipos es muy baja.

4.5.4 Proteína cruda

Figura 24. Coeficiente de regresión lineal de la media de los genotipos sobre la media de sitios correspondiente al análisis de estabilidad de Eberhart y Russell para PC en tallo más hoja



Los números representan los genotipos: Blanco Cangüé (1), ACA2001 (2), ACA472 (3), IPB2880 (4), IPB3785 (5).

Para PC en planta entera los genotipos ACA2001, ACA472, IPB2880 e IPB3785 mostraron un comportamiento estable, mientras que Blanco Cangüé mostró mayor variabilidad. Los materiales IPB2880, IPB3785 y Cangüé tienen mayor desempeño para este parámetro.

5 DISCUSIÓN

5.1 ANÁLISIS DE LA VARIANZA

Los resultados obtenidos en la localidad de San José se condice con lo estudiado por Cozzolino y Fassio (1995), quienes afirman que el rendimiento de materia seca crece a medida que se avanza en el estado de madurez de la plata, al igual que el porcentaje de materia seca de los tejidos. Para San José puede estar explicado por una cosecha anticipada, habiendo pasado 95 días desde siembra a cosecha, mientras que el resto de las localidades se cosecharon en torno a los 120 días.

Los parámetros que determinan la calidad del forraje como FDN y LDA incrementaron su media de producción en la fracción vegetativa (tallo y hoja) al ser comparado con el valor de planta entera. Esto se corresponde con lo expresado por Krämer-Schind et al. (2016), quienes afirman que en la fracción tallo y hoja a medida que avanza la madurez del cultivo aumenta el contenido de FDN mientras que su digestibilidad cae. En desarrollo de pared celular en la fracción vegetativa se detiene una vez formado el grano, pero el incremento de LDA continúa por lignificación de los tejidos (Zannier, 2012).

5.2 ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES

El análisis de componentes principales (ACP) permitió observar que en el componente ambiente de producción muestra mayor agrupación de los casos, lo que permite inferir que el ambiente explica la mayor parte de la variabilidad, tanto entre sitios como entre genotipos.

Duarte (2009) hace referencia a la importancia de la temperatura en que se desarrolla el cultivo sobre la calidad del forraje, estableciendo que aquellos que se encuentran en condiciones de mayor temperatura tienen mayor acumulación de pared celular, particularmente de LDA. Lo afirmado por este autor podría corresponderse con las condiciones ambientales registradas durante el ensayo. Para constatar esta información debería contarse con el registro de temperaturas máximas diarias, ya que la temperatura promedio es una construcción a partir de la mínima y la máxima ($T^{\circ}\text{mín.} + T^{\circ}\text{máx.} / 2$), por lo que matemáticamente podía darse que el promedio sea alto, pero no necesariamente presentar temperaturas máximas altas. San José mostró una asociación positiva

a las fracciones de la pared celular como LDA y FDN. Tarariras fue la localidad que mostró mayor asociación con tenores altos de proteína cruda.

En el caso de la proteína Zannier (2012) en su trabajo sobre caracterización del valor nutritivo de silajes sostiene que la variación de PC puede deberse a situaciones edáficas, que lleven a mayor disponibilidad de nitrógeno para las plantas, además de acontecimientos como la fertilización nitrogenada y la ocurrencia de sequias. Durante el desarrollo de este ensayo la fertilización fue igual para todos los ambientes de producción, sin embargo la cantidad inicial de nitrógeno que tenía el suelo fue distinta para cada uno de ellos, esto se ve reflejado en el %MO. Sin embargo, no se corresponden los ambientes con mayor porcentaje de materia orgánica con los de máxima concentración de PC, por ejemplo, el ambiente Tarariras ha mostrado buen desempeño para este parámetro de calidad, pero resultó tener el contenido de materia orgánica más bajo. Aun así diversos factores ambientales y propios del suelo pudieron estar afectando para que la disponibilidad del nutriente sea mayor.

5.3 ANÁLISIS DE LA ESTABILIDAD

A través del análisis de estabilidad de Shukla se estableció que el Blanco Cangüé se considera estable para parámetros como LDA en la fracción vegetativa, mientras que en planta entera mostró mayor variabilidad. Además de ser estable para FDN en ambas fracciones de la planta.

Annicchiarico (2002) afirma que la diversidad genética incide sobre la variación de la IGA, determinando que altos niveles de heterogeneidad tienen menor sensibilidad a la variación ambiental, y por lo tanto resultan ser más estables. Del grupo de genotipos evaluados, el Blanco Cangüé es una variedad de polinización abierta (VPA) por lo que presenta mayor heterogeneidad que el resto de los genotipos, siendo ACA2001, ACA472 e IPB2880 híbridos simples, e IPB3785 un híbrido triple. Si bien, esta correspondencia entre grado de heterogeneidad y estabilidad puede cumplirse para FDN y LDA, no se refleja en el comportamiento de la proteína cruda ni en el rendimiento.

Torres (2014) ha demostrado que el rendimiento (kgMS) presenta gran dependencia ambiental, coincidiendo con el estudio que ya habían realizado Medina et al. (2001) para las condiciones de Uruguay, donde estudiaron los resultados arrojados por una evaluación en red de ensayos durante seis años, demostrando que el efecto ambiental era determinante en el rendimiento de

materia seca total. Para el presente caso de estudio solo el genotipo ACA472 demostró ser estable para rendimiento, teniendo una producción medida en kgMS/ha similar en todos los ambientes evaluados. Se debe tener en cuenta que este análisis de la estabilidad se basa en el concepto de estabilidad estática o biológica, considerando estable a aquellos materiales que tienen un comportamiento constante en los diferentes ambientes. Esto no es deseable desde el punto de vista productivo, ya que no se hace un aprovechamiento de los recursos si se obtiene el mismo resultado en un ambiente de alto potencial o en un ambiente pobre en recursos. En cambio, para los parámetros de calidad nutricional puede resultar un concepto útil, ya que mostrando estabilidad en rasgos deseables se espera tener un material de buena calidad en diferentes ambientes de producción. Poder contar con esta información representaría una herramienta fundamental para poder seleccionar el material genético que se ajuste a las necesidades del sistema de producción, lo que representaría un uso eficiente de los recursos y en algunas situaciones un menor riesgo productivo.

El hecho de que el cv. B. Cangüé haya mostrado estabilidad para FDN y LDA lo posiciona como un material que tendrá características poco deseadas en cualquier ambiente de producción. Autores como Muttoni et al. (2013) le atribuyen a la lignina la capacidad de las plantas de terrestres a evolucionar logrando obtener mayor porte, además de cumplir un rol fundamental en el transporte de agua y transpiración debido a su rigidez y su propiedad hidrofóbica. Además lo considera una barrera biológica contra lesiones, insectos y enfermedades. Esta explicación de carácter evolutivo podría ser aplicada al caso del maíz Cangüé, ya que mostró tener mayor porte que el resto de los genotipos, siendo significativamente más alto con una media que supera los dos metros de altura. En estudios de caracterización del cv. B. Cangüé han mostrado que posee muy buen comportamiento frente a la sequía.

5.4 ANÁLISIS DE REGRESIÓN DE SITIOS

En este análisis se elimina el efecto ambiental, pero no la IGA, pudiéndose corroborar la existencia de IGA para variables de rendimiento y de calidad nutricional.

El cv. B. Cangüé interactuó de forma positiva con todos los ambientes para la producción de LDA y FDN, mientras que obtuvo valores elevados de PC en algunas localidades, pero con muy baja estabilidad. Este análisis se corresponde con los resultados arrojados por el resto de los estudios realizados. A partir de éste se puede sostener que estas características como elevado contenido de LDA y FDN tienen un gran componente genético. Esto puede estar

asociado a lo discutido en el punto anterior, ya que el cv. B. Cangüé se caracteriza por ser una planta de alto porte con elevado contenido de pared celular.

En cuanto a las localidades, Tarariras y Libertad están asociadas de forma positiva para la producción de MS. En cambio para FDN en planta entera y LDA en planta entera Progreso y Libertad se asocian positivamente, es decir, a mayor producción en un ambiente mayor será en el otro.

5.5 COEFICIENTES DE REGRESIÓN

La baja variabilidad que se constató para los parámetros como FDN y LDA no permite establecer criterios de estabilidad, aunque se podría sostener que el comportamiento de cada genotipo se espera que sea predecible independientemente del ambiente en que se desarrolle. A partir de estos resultados se puede interpretar que la producción de FDN y LDA es principalmente genética. Lorenz et al. (2010) señalan que las cualidades de calidad se heredan a través de múltiples genes, donde cada uno de ellos tiene un pequeño efecto. La biosíntesis de la pared celular de maíz es un proceso complejo genéticamente programado, aunque la constitución y calidad de la lignocelulosa puede estar sujeta a variaciones ambientales, siendo la temperatura, la intensidad de luz y la disponibilidad de agua los factores más relevantes. Lo sostenido por estos autores reafirma que la expresión de estos parámetros podría tener un importante componente genético.

A diferencia del resto de los análisis estadísticos realizados el Cangüé no se destacó por la producción de componentes de la pared celular (FDN y LDA).

6 CONCLUSIONES

Se comprobó la existencia de IGA para las variables analizadas, tanto de rendimiento como de calidad. Se constató una asociación de las fracciones más indigestibles, como fibra y lignina, con la información genética, mientras que la proporción de proteína cruda está más sujeta a las condiciones del ambiente.

Como era esperable Blanco Cangüé ha demostrado ser un genotipo con comportamiento diferente al resto de los evaluados, comportamiento diferente del resto de los genotipos tiene su correlato con el origen del germoplasma y la diversidad propia de una VPA. Se caracteriza por ser un material con alto contenido de fibra y lignina, lo cual contrarresta su valor nutritivo pero en contrapartida otorga cualidades como resistencia a la sequía.

A partir de estos resultados, se sugiere que al momento de seleccionar un maíz para silo se debe prestar atención a los valores de las fracciones menos digestibles, ya que son las menos modificables con el manejo.

Profundizar su estudio representaría una excelente herramienta para conocer los materiales disponibles en el mercado y para llevar a cabo mejoramiento genético de maíces de propósito silero. Para poder tener resultados más consistentes los ensayos deberían ser repetidos en diferentes años. Incorporarlos en la Evaluación nacional de cultivares representaría un valor agregado a la información que actualmente se recaba en el mismo.

7 RESUMEN

En los sistemas de producción lecheros la utilización de maíz (*Zea mays*. L) como reserva forrajera almacenado como ensilaje es una técnica muy extendida. Los programas de mejoramiento se han enfocado en la producción de granos relegando la calidad forrajera. Además no se cuenta con antecedentes de evaluación de los parámetros de calidad nutricional y su variación con el genotipo y el ambiente. Con el fin de obtener información de la IGA para los parámetros de calidad nutricional y el rendimiento se evaluó una red de ensayos de cinco genotipos en cuatro localidades, comparando el desempeño del maíz Blanco Cangüé, una VPA seleccionada a partir de una variedad local y cuatro híbridos comerciales. Se constató existencia de IGA tanto para las variables de rendimiento como para las de calidad. Los resultados mostraron que existe una diversidad de comportamientos de acuerdo al tipo de germoplasma y su diversidad.

Palabras clave: Adaptación; Estabilidad; Germoplasma; Reservas forrajeras;
Zea mays.

8 SUMMARY

The storage of Maize (*Zea mays*. L) silage is an extended practice on the dairy production systems. The focus of the Maize breeding programs is on the grain production relegating the improvement on forage quality. Also, exist a lack of information about the evaluation of nutritional quality parameters and their interaction across genotypes and environments. With the aim of study the effect and interaction across genotypes and environments we use experimental information from 4 localities, where we evaluate the performance of the open pollination variety "Blanco Cangue" and four commercial Hybrid varieties. We found that both yield and quality components show an interaction between the genotype and the environment. The results also show that there is a diversity of behaviors due to the type of germplasm and its diversity.

Key words: Adaptation; Stability; Germplasm; Forage reserves; *Zea mays*.

9 BIBLIOGRAFÍA

1. AOAC (Association Official Analytical Chemists, US). 1990. Official methods of analysis. 15th. ed. Arlington, VA. s.p.
2. Annicchiarico, P. 2002. Genotype x environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. Roma, FAO. 115 p. (Documento de producción y protección de la FAO no. 174).
3. Balzarini, M.; Bruno, C.; Arroyo, A. 2005. Análisis de ensayos agrícolas multiambientales: ejemplos con Info-Gen. Córdoba, Argentina, Universidad Nacional de Córdoba. Facultad de Ciencias Agropecuarias. 141 p.
4. Barrière, Y.; Guillet, C.; Goffner, D.; Pichon, M. 2003. Genetic variation and breeding strategies for improved cell wall digestibility in annual forage crops. A review. *Animal Research*. 52:193-228.
5. _____; Alber, D.; Dolstra, O.; Lapierre, C.; Motto, M.; Ordas, A.; Monod, J. P. 2005. Past and prospects of forage maize breeding in Europe. I. The grass cell wall as a basis of genetic variation and future improvements in feeding value. *Maydica*. 50(3-4):259-274.
6. Bertoia, L. M. s.f. Algunos conceptos sobre el cultivo de maíz para ensilaje (en línea). Buenos Aires, Universidad Nacional de Lomas de Zamora. Facultad de Ciencias Agrarias. 7 p. Consultado 13 mar. 2018. Disponible en <http://www.infortambo.com/admin/upload/arch/EI%20cultivo%20de%20maiz%20para%20ensilaje%20-%20L%20Bertoia.pdf>
7. _____; Burak, R.; Torrecillas, M. 2002. Identifying inbred lines capable of improving ear and stover yield and quality of superior silage maize hybrids. *Crop Science*. 42(2):365-372.
8. _____. 2012. Análisis de la interacción genotipo-ambiental de la aptitud forrajera en maíz (*Zea mays* L.). Tesis Doctor en Ciencias Agrarias. La Plata, Argentina. Universidad Nacional de La Plata. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales. 138 p.
9. Ceretta, S.; Abadie, T.; Ozer Ami, H.; Alberbide, M. 1998. El uso de redes de experimentos para estudiar la adaptación de los cultivos. In: Reunión de Coordinación de la Investigación Algodonera en el

Cono Sur (6^a, 1998, Paysandú, Uruguay). Trabajos presentados. Paysandú, Uruguay, CIRAD. pp. 9-13.

10. Cozzolino, D.; Fassio, A. 1995. Ensilaje de maíz: cultivares y calidad. Montevideo, INIA. 16 p. (Serie Técnica no. 65).
11. Crossa, J. 1990. Statistical analyses of multilocation trials. *Advances in Agronomy*. 44:55-85.
12. Duarte, B. 2009. Calidad forrajera de híbridos comerciales de maíz. Tesis de Ing. Agr. Torreón, Coahuila, México. Universidad Autónoma Agraria. División de Carreras Agronómicas. 41 p.
13. Fassio, A.; Carriquiry, A. I.; Tojo, C.; Romero, R. 1998. Maíz, aspectos sobre fenología. Montevideo, INIA. 51 p. (Serie Técnica no. 101).
14. Ferreira, V.; Grassi, E.; Ferreira, A.; di Santo, H.; Castillo, E.; Paccapelo, H. 2015. Genotype-environment interaction and stability in forage yield of triticale and tricepiro. *Journal of Basic and Applied Genetics*. 26 (2):27-51.
15. Frutos, M. 2011. Interacción genotipo-ambiente: GGE biplot y modelos AMMI. Tesis MSc. en Análisis Avanzado de Datos Multivariantes. Salamanca, España. Universidad de Salamanca. Departamento de Estadística. 76 p.
16. Garcé Molina, A.; Berrio Roa, L.; Ruíz Alzate, S.; Serna DLeón, J.; Builes Arango, A. 2004. Ensilaje como fuente de alimentación para el ganado. *Revista Lasallista de Investigación*. 1 (1):66-71.
17. García Stepien, L. E. 2012. Distribución vertical del rendimiento y la calidad forrajera en el componente vegetativo de la planta de maíz (*Zea mays L.*). Tesis Magister en Ciencias Agrarias y Forestales. La Plata, Argentina. Universidad Nacional de La Plata. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales. 61 p.
18. Hill, J.; Becker, H. C.; Tigerstedt, P. M. 2012. Quantitative and ecological aspects of plant breeding. London, Springer Science & Business Media. 286 p.
19. Incognito, S.; Eyhéabide, G.; López, C. 2016. Can elite maize landraces help to improve forage yield and quality? A genetic analysis. *Maydica*. 61(3):27-37.
20. Krämer-Schmid, M.; Lund, P.; Weisbjerg, M. R. 2016. Importance of NDF digestibility of whole crop maize silage for dry matter intake and

milk production in dairy cows. *Animal Feed Science and Technology*. 219:68-76.

21. Lorenz, A. J.; Coors, J. G.; Hansey, C. N.; Kaeppler, S. M.; De Leon, N. 2010. Genetic analysis of cell wall traits relevant to cellulosic ethanol production in maize (*Zea mays L.*). *Crop Science*. 50(3):842-852.
22. Malosetti, M.; Ribaut, J. M.; Van Eeuwijk, F. A. 2013. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Frontiers in Physiology*. 4(1):44-61.
23. Medina, M.; Abadie, T.; Vilaró, D.; Ceretta, S. 2001. Estudio metodológico de adaptación de cultivares de maíz para silo a las condiciones de Uruguay. *Agrociencia (Montevideo)*. 5 (1):23-31.
24. Mejía Salazar, J. R. 2014. Evaluación de la interacción genotipo por ambiente para variedades transgénicas de algodón *Gossypium hirsutum* L. Tesis Magister en Ciencias Agrarias. Palmira, Colombia. Universidad Nacional de Colombia. Facultad de Ciencias Agropecuarias. 86 p.
25. Methol, M. 2016. Maíz y sorgo: situaciones y perspectivas. *Anuario OPYPA 2016*:179-191.
26. MGAP. DIEA (Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca. Dirección de Investigaciones Estadísticas Agropecuarias, UY). 2016. Anuario estadístico agropecuario. Montevideo. 580 p.
27. Muttoni, G.; Palacios-Rojas, N.; Galicia, L.; Rosales, A.; Pixley, K. V.; De León, N. 2013. Cell wall composition and biomass digestibility diversity in Mexican maize (*Zea mays L*) landraces and CIMMYT inbred lines. *Maydica*. 58 (1):21-33.
28. Peña Ramos, A.; González Castañeda, F.; Núñez Hernández, G.; Jiménez González, C. 2004. Aptitud combinatoria de líneas de maíz para alta producción y calidad forrajera. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 27 (1):1-6.
29. _____.; _____.; _____.; Tovar Gómez, M.; Preciado Ortiz, R.; Terrón Ibarra, A.; Gómez Moriel, N.; Ortega Corona, A. 2006. Estabilidad del rendimiento y calidad forrajera de híbridos de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 29 (2):109-114.

30. Shukla, G. K. 1972. Some statical aspects of partitioning genotype-environment components of variability. *Heredity*. 29:237-245.
31. Torres, A. F. 2014. Genetics and bioenergy potential of forage maize: deconstructing the cell wall. Tesis PhD. Wageningen, The Netherlands. Wageningen University. Graduate School of Experimental Plant Sciences. 210 p.
32. Torres Flores, J. L.; García, B. M.; Prasanna, B. M.; Alvarado, G.; San Vicente, F. M.; Crossa, J. 2017. Grain Yield and Stability of White Early Maize Hybrids in the Highland Valleys of Mexico. *Crop Science*. 57(6):3002-3015.
33. UdelaR. FA (Universidad de la República. Facultad de Agronomía, UY). s.f. Blanco Cangüé: una variedad adaptada y de buena calidad. Montevideo. s.p.
34. Van Soest, P. J.; Robertson, J. B.; Lewis, B. A. 1991. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition. *Journal of Dairy Science*. 74(10):3583-3597.
35. Vaz Martins, D.; Olivera, L.; Cozzolino, D. 2008. Ensilaje de maíz como componente de la dieta en la fase de terminación de novillos. *Revista INIA*. 1 (7):5-8.
36. Yan, W. L.; Hunt, A.; Sheng, Q.; Szlavnic, Z. 2000. Cultivars evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. *Crop Science*. 40(3):597-605.
37. Zannier, S. 2012. Caracterización del valor nutritivo de los silajes de maíz de la llanura Pampeana y la Mesopotamia argentinas. Tesis de Ingeniero en Producción Agropecuaria. La Plata, Argentina. Pontificia Universidad Católica Argentina. 40 p.

10 ANEXOS

ANEXO 1. Análisis de la varianza para rendimiento de MS

F.V	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo	87015789,03	9	9668421,00	2,63	0,0144
Genotipo	21421789,63	4	5355447,42	1,45	0,2301
Ambiente	64629800,93	3	21543266,98	5,85	0,0017
Bloque	964198,43	2	482099,22	0,13	0,8776
Error	184118940,30	50	3682378,81		
Total	271134729,33	59			

ANEXO 2. Análisis de la varianza para %MS en planta entera

F.V	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo	995,64	9	110,63	13,91	<0,0001
Genotipo	10,59	4	2,65	0,33	0,8545
Ambiente	970,67	3	323,56	40,70	<0,001
Bloque	14,38	2	7,19	0,90	0,4113
Error	397,52	50	7,95		
Total	1393,16	59			

ANEXO 3. Análisis de la varianza para FDN en planta entera

F.V	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo	780,34	9	86,70	7,71	<0,0001
Genotipo	247,62	4	61,91	5,50	0,0011
Ambiente	502,97	3	167,66	14,90	<0,0001
Bloque	29,75	2	14,88	1,32	0,2772
Error	483,81	43	11,25		
Total	1264,16	52			

ANEXO 4. Análisis de la varianza para FDN en tallo y hoja

F.V	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo	685,89	9	76,21	7,64	<0,0001
Genotipo	125,60	4	31,40	3,15	0,0228
Ambiente	527,93	3	175,98	17,64	<0,0001
Bloque	32,35	2	16,18	1,62	0,2086
Error	458,83	46	9,97		
Total	1144,72	55			

ANEXO 5. Análisis de la varianza para LDA en planta entera

F.V	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo	24,28	9	2,70	2,88	0,0095
Genotipo	12,00	4	3,00	3,20	0,0219
Ambiente	8,52	3	2,84	3,03	0,0395
Bloque	3,76	2	1,88	2,01	0,1470
Error	40,32	43	0,94		
Total	64,60	52			

ANEXO 6. Análisis de la varianza para LDA en tallo y hoja

F.V	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo	37,72	9	4,19	2,91	0,0081
Genotipo	21,87	4	5,47	3,80	0,0094
Ambiente	10,95	3	3,65	2,54	0,0681
Bloque	4,90	2	2,45	1,70	0,1935
Error	66,16	46	1,44		
Total	103,88	55			

ANEXO 7. Análisis de la varianza para PC en planta entera

F.V	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo	22,25	9	2,47	4,25	0,0006
Genotipo	3,98	4	1,00	1,71	0,1655
Ambiente	15,79	3	5,26	9,05	0,0001
Bloque	2,48	2	1,24	2,13	0,1317
Error	24,43	42	0,58		
Total	46,67	51			

ANEXO 8. Análisis de la varianza para PC en tallo y hoja

F.V	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo	27,72	9	3,08	6,00	<0,0001
Genotipo	9,74	4	2,44	4,75	0,0027
Ambiente	16,57	3	5,52	10,77	<0,0001
Bloque	1,41	2	0,70	1,37	0,2636
Error	23,59	46	0,51		
Total	51,31	55			