

# “DETERMINACIÓN Y APLICACIÓN DE MÉTODOS ESTADÍSTICOS, PARA MEDIR ESTABILIDAD GENÉTICA EN VEGETALES, CASO: BANANO”

Johnny Jiménez Contreras<sup>1</sup>, Omar Ruiz Barzola<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Ingeniero en Estadística Informática ICM-ESPOL 2006; e-mail: [jjimene@espol.edu.ec](mailto:jjimene@espol.edu.ec)

<sup>2</sup> Director de Tesis de Grado, Ingeniero en Estadística Informática, Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL), 2002. Profesor del ICM-ESPOL desde 2006, e-mail: [oruiz@espol.edu.ec](mailto:oruiz@espol.edu.ec)

**Resumen:** Este trabajo consiste en la determinación y aplicación de métodos estadísticos para medir estabilidad genética en variedades o genotipos de banano. Los análisis se aplicaron a la población objetivo identificada como las plantas de banano de las variedades ESPOL 13, WILLIAMS, VALERY y FILIPINO. Los datos fueron recolectados por el Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador CIBE-ESPOL en las haciendas bananeras San Humberto, Celia María, Ana María y Miraflores localizadas en las provincias del Guayas, Los Ríos y El Oro. Para realizar los análisis de la estabilidad genética se utilizaron tres métodos estadísticos, en primer lugar tenemos el método propuesto por Eberhart y Russell (1966) que está basado en la técnica estadística de regresión lineal, el que calcula parámetros de regresión a partir de los cuales se hacen las respectivas inferencias sobre el tipo de estabilidad y adaptabilidad que un determinado genotipo presenta. Los otros métodos utilizados son los modelos multivariados AMMI (Mandel 1971) (Método de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas) el que mediante un Biplot se pueden observar las diferencias entre ambientes, el grado de interacción de los genotipos con el ambiente, la estabilidad y las adaptaciones específicas de algunos genotipos a determinados ambientes y el modelo SREG (Cornelius y Crossa, 1997) (Modelo de Regresión de Sitios) en el que se pueden ver los ambientes similares, los mejores genotipos adaptados para esos ambientes, la estabilidad que presentan y también la diferenciación de mega-ambientes.

Estos dos métodos están basados en el análisis de componentes principales y mediante la representación simultánea de genotipos y ambientes en un gráfico de dos dimensiones llamado Biplot se pueden interpretar fácilmente los resultados obtenidos.

**Summary:** This thesis consists in the determination and application of statistical methods to measure genetic stability in varieties or banana genotypes. The analyses were applied to the population objective identified as the plants of banana of the varieties ESPOL 13, WILLIAMS, VALERY and FILIPINO. The data were gathered by Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador CIBE-ESPOL in the banana farms San Humberto, Celia María, Ana María and Miraflores located in the provinces Guayas, Los Ríos and El Oro. In order to make the analyses of the genetic stability three statistical methods were used, in the first place we have the method proposed by Eberhart and Russell (1966) that is based in the statistical technique of lineal regression, this method calculates regression parameters that can be used to make the respective inferences about the type of stability and adaptability that a specific genotype presents. The other methods used are multivariate models AMMI (Mandel 1971) (Additive main and multiplicative interactions) this method uses a Biplot where we can observe the differences among environments, the interaction level of the genotypes with the environments, the stability and the specific adaptations of some genotypes to specific environments and the model SREG (Cornelius and Crossa, 1997) (Sites Regression Model) in this method we can see similar environments, the best genotypes adapted for those environments, the stability that they present and also the differentiation of mega-environments. These two methods are based on Principal components analysis and using the simultaneous representation of genotypes and environments in a two dimension graph called Biplot can be interpreted the obtained results easily.

## 1 INTRODUCCIÓN

El banano es uno de los principales productos de exportación del Ecuador, por tal motivo en las haciendas donde se cultiva esta fruta se lucha incansablemente contra la enfermedad que ataca fuertemente a las plantaciones de banano. Esta enfermedad es la Sigatoka Negra que es causada por un hongo llamado *Mycosphaerella fijensis*, el cual se desarrolla rápidamente en sectores con condiciones ambientales favorables para su evolución es decir ambientes lluviosos, que tengan altas temperaturas y haya mucha humedad. También este hongo se propaga por acción del viento lo que provoca que ciertas plantaciones que no hayan sido protegidas contra la enfermedad se vean afectadas considerablemente.

Por tales motivos los dueños de estas plantaciones se han visto en la necesidad de practicar el deshoje a las plantas y además

aplicar fungicidas, lo que les ocasiona grandes costos. Los avances tecnológicos en el campo agropecuario y de la genética han ayudado considerablemente a los productores que ahora cuentan con clones de banano mejorado y de esta manera controlar a la Sigatoka Negra.

Nuestro país no ha sido la excepción en el uso de estos nuevos clones de banano y es así que clones como el ESPOL 13, WILLIAMS, VALERY y FILIPINO son usados en algunas plantaciones de las provincias del Guayas, Los Ríos y El Oro con la finalidad de probar si estos genotipos resultan resistentes a la Sigatoka Negra.

Es por esto que el objetivo de este trabajo consiste en conocer cuales de estos genotipos son los más adecuados para enfrentar la enfermedad, es decir se desea saber cuales son los más estables y los mejor adaptados a estas localidades.

## 2 Método de Eberhart S.A. & Russell W.A.

Eberhart S.A. y Russell W.A. en 1966 propusieron un modelo para medir la estabilidad genética de los vegetales, el que está basado en la técnica estadística de regresión lineal y para lo cual consideraron dos parámetros empíricos: la pendiente de la recta de regresión lineal ( $\beta_{1i}$ ) y la varianza de las desviaciones de la recta de regresión ( $S^2_{di}$ ).

Ahora supongamos que disponemos de “g” genotipos y “e” ambientes, los mismos que están dispuestos en la siguiente Tabla.

**Disposición de los datos en filas (genotipos) y en columnas (ambientes).**

Genotipos	Ambientes					Medias
	1	2	3	...	e	
1	$Y_{11}$	$Y_{12}$	$Y_{13}$	...	$Y_{1e}$	$\bar{Y}_{1\bullet}$
2	$Y_{21}$	$Y_{22}$	$Y_{23}$	...	$Y_{2e}$	$\bar{Y}_{2\bullet}$
3	$Y_{31}$	$Y_{32}$	$Y_{33}$	...	$Y_{3e}$	$\bar{Y}_{3\bullet}$
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
g	$Y_{g1}$	$Y_{g2}$	$Y_{g3}$	...	$Y_{ge}$	$\bar{Y}_{g\bullet}$
Medias	$\bar{Y}_{\bullet 1}$	$\bar{Y}_{\bullet 2}$	$\bar{Y}_{\bullet 3}$	...	$\bar{Y}_{\bullet e}$	$\bar{Y}_{\bullet\bullet}$

El modelo propuesto por Eberhart y Russell es el siguiente:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$ : Es la media del genotipo i en el ambiente j.

$\beta_{0i}$ : Es la media general del genotipo i ( $i = 1, 2, \dots, g$ ) en todos los ambientes.

$\beta_{1i}$ : Es la respuesta lineal del genotipo i a la variación ambiental (coeficiente de regresión que mide la respuesta del genotipo i al variar los ambientes).

$I_j$ : Índice ambiental del ambiente j-ésimo, tal que  $\sum_j I_j = 0$  para  $j = 1, 2, \dots, e$ ; que se

calcula como la desviación del promedio de los genotipos en un ambiente dado a partir del promedio general.

$\delta_{ij}$ : Es la desviación de la regresión.

$\varepsilon_{ij}$ : Es el error experimental.

Las estimaciones de los parámetros  $\beta_{0i}$  y  $\beta_{1i}$  son estimados a través del método de mínimos cuadrados y es obtenido por:

$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1} X'Y$$

donde

$$Y = \begin{bmatrix} Y_{i1} \\ Y_{i2} \\ \vdots \\ Y_{ie} \end{bmatrix} \quad y \quad X = \begin{bmatrix} 1 & I_1 \\ 1 & I_2 \\ \vdots & \vdots \\ 1 & I_e \end{bmatrix}$$

Por lo tanto, las estimaciones de los parámetros de regresión están dados por:

$$\hat{\beta} = \begin{bmatrix} \hat{\beta}_{0i} \\ \hat{\beta}_{1i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \bar{Y}_{i\bullet} \\ \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2} \end{bmatrix}$$

La medida de la estabilidad  $S^2_{di}$  es dada por:

$$S^2_{di} = \frac{\left[ \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_{i\bullet})^2 - \hat{\beta}_{1i}^2 \sum_j I_j^2 \right]}{g-2}$$

**Interpretación de los parámetros de estabilidad del Método de Eberhart y Russell.**

Parámetro	Interpretación
$\hat{\beta}_{1i} = 1$	Estabilidad media. Si tiene un promedio alto: adaptabilidad general; promedio bajo: pobre adaptabilidad
$\hat{\beta}_{1i} > 1$	Genotipos sensibles. Adaptación a ambientes favorables.
$\hat{\beta}_{1i} < 1$	Resistencia a cambios ambientales. Adaptación a malos ambientes
$\hat{\beta}_{1i} = 0$	Estabilidad absoluta. Si tiene un promedio alto: genotipo ideal
$S^2_{di} = 0$	Buena estabilidad.
$S^2_{di} > 0$	Mala estabilidad

## 3. Modelo de los Efectos Aditivos Principales e Interacciones Multiplicativas (Modelo AMMI)

El Modelo de los Efectos Aditivos Principales e Interacciones Multiplicativas o su equivalente de las siglas AMMI provenientes del inglés “Additive Main Effects and Multiplicative Interaction” fue propuesto por Mandel en 1971.

Primero supongamos que un conjunto de “g” genotipos han sido probados experimentalmente en “e” ambientes. La media de cada combinación de genotipo y ambiente puede ser presentada en una matriz de dimensión gxe,

asociada a los genotipos  $g_i$  colocados en filas ( $i = 1, 2, \dots, g$ ) y los ambientes  $e_j$  en columnas ( $j = 1, 2, \dots, e$ ).

$$Y_{(g \times e)} = \begin{pmatrix} \bar{Y}_{11} & \bar{Y}_{12} & \dots & \bar{Y}_{1e} \\ \bar{Y}_{21} & \bar{Y}_{22} & \dots & \bar{Y}_{2e} \\ \bar{Y}_{31} & \bar{Y}_{32} & \dots & \bar{Y}_{3e} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \bar{Y}_{g1} & \bar{Y}_{g2} & \dots & \bar{Y}_{ge} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \bar{Y}_{1\bullet} \\ \bar{Y}_{2\bullet} \\ \bar{Y}_{3\bullet} \\ \vdots \\ \bar{Y}_{g\bullet} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \bar{Y}_{\bullet 1} & \bar{Y}_{\bullet 2} & \dots & \bar{Y}_{\bullet e} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \bar{Y}_{\bullet\bullet} \end{pmatrix}$$

Donde los vectores marginales son los vectores de medias de filas y columnas de los elementos de la matriz  $Y_{(g \times e)}$  y  $(\bar{Y}_{\bullet\bullet})$  es la media general de aquellos datos.

Este modelo realiza primero un Análisis de Varianza (ANOVA) con dos factores a partir de la matriz de medias  $Y_{(g \times e)} = [Y_{ij}]$  para calcular los principales efectos aditivos de genotipo y ambiente, para posteriormente realizar un Análisis de Componentes Principales (ACP) sobre los residuos de este modelo aditivo para estudiar los efectos no aditivos de la interacción genotipo x ambiente.

Para este análisis no se parte de la matriz de medias descrita sino que se realiza la siguiente transformación  $(\hat{g}e)_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i\bullet} - \bar{Y}_{\bullet j} + \bar{Y}_{\bullet\bullet}$  que constituye la matriz de interacciones a partir de la cual se estimarán los términos de la interacción multiplicativa que nos servirá para calcular la matriz de varianzas y covarianzas que se requiere para el análisis de componentes principales.

Para el cálculo de las coordenadas del ACP, genotípicas y ambientales, se utilizan los parámetros multiplicativos. Se multiplica la raíz cuadrada del valor propio  $\lambda_k$  por su vector propio asociado, así  $(\sqrt{\lambda_k} \gamma_{ik})$  representan las coordenadas genotípicas y  $(\sqrt{\lambda_k} \alpha_{jk})$  las coordenadas ambientales. El producto de dichas coordenadas (genotípicas y ambientales) permite obtener la estimación de la interacción  $(\lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk})$  de un determinado genotipo en cualquier ambiente. El conjunto de estos valores constituyen la matriz de datos estimada por este modelo. El término  $\lambda_k$  da la proporción de la variación debida a la interacción genotipo x ambiente en el k-ésimo componente.

El modelo AMMI es representado mediante la siguiente fórmula matemática:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$ : Es la respuesta media de un genotipo  $i$  en un ambiente  $j$ .

$\mu$ : Es la media general de las observaciones (Su estimación se hace por medio de  $\hat{\mu} = \bar{Y}_{\bullet\bullet}$ ).

$g_i$ : Es el efecto del genotipo  $i$  (Desvío respecto al promedio general del genotipo  $i$ , y se estima a través de  $\hat{g}_i = \bar{Y}_{i\bullet} - \bar{Y}_{\bullet\bullet}$ ).

$e_j$ : Es el efecto del ambiente  $j$  (Desvío respecto al promedio general del ambiente  $j$ , y se estima por medio de  $\hat{e}_j = \bar{Y}_{\bullet j} - \bar{Y}_{\bullet\bullet}$ ).

$\lambda_k$ : Es el valor propio del eje  $k$  de componentes principales.

$\gamma_{ik}$ : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a  $\lambda_k$ .

$\alpha_{jk}$ : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a  $\lambda_k$ .

$\varepsilon_{ij}$ : Error del genotipo  $i$  en el ambiente  $j$ .

$P$ : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI.

El modelo AMMI genera un gráfico de dos dimensiones (BILOT) en el que se pueden observar las diferencias entre ambientes, el grado de interacción de los genotipos con el ambiente, la estabilidad y las adaptaciones específicas de algunos genotipos a determinados ambientes.

#### 4. Modelo SREG o Modelo de Regresión de Sitios

El modelo SREG se basa en un modelo similar al Modelo AMMI, pero los términos lineales de genotipos no se consideran individualmente y se adicionan al término multiplicativo de la interacción genotipo x ambiente. En este método se realiza una estandarización usando el error estándar de la media de cada genotipo dentro de ambientes (Cornelius y Crossa, 1997); además, permite la representación simultánea de la variabilidad de genotipos y ambientes, basada en el análisis de componentes principales (Yan et al., 2000).

El modelo SREG esta dado por:

$$Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$  : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j.

$\mu_j$  : Es la media general de las observaciones (Su estimación se hace por medio de  $\hat{\mu}_j = \bar{Y}_{\cdot j}$ ).

$\lambda_k$  : Es el valor propio del eje k de componentes principales.

$\gamma_{ik}$  : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a  $\lambda_k$ .

$\alpha_{jk}$  : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a  $\lambda_k$ .

$\varepsilon_{ij}$  : Error del genotipo i en el ambiente j.

P: Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo SREG.

En este modelo también se realiza un ACP solo que para este caso la matriz de interacciones difiere de la matriz utilizada en el modelo AMMI, esta nueva matriz para el modelo SREG se calcula como  $GE = [(\hat{g}e)_{ij}] = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{\cdot j}$ , a partir de la cual podemos estimar los términos multiplicativos.

Mediante el uso del modelo SREG se genera un gráfico de dos dimensiones (BILOT) llamado GGE Biplot donde se agrupan los ambientes similares y se destacan los mejores genotipos para esos ambientes (genotipos adaptados a esos ambientes). En este gráfico las componentes 1 y 2 son adimensionales y sirven para ubicar posiciones relativas entre genotipos y ambientes.

La gráfica del GGE Biplot permite:

1. Determinar el genotipo con mejor comportamiento en un ambiente específico.
2. La identificación del ambiente más apropiado para un genotipo específico.
3. La comparación de cualquier par de genotipos en un ambiente.
4. El mejor genotipo para cada ambiente y la diferenciación de mega-ambientes.

## 5. Resultados Obtenidos.

### Método de Eberhart y Russell

Parámetros de Regresión del modelo de Eberhart y Russell de las alturas de los genotipos en estudio.

Genotipo	$\beta_{0i}$	$\beta_{1i}$	$S_{e_i}^2$	$R^2$	CV	Interpretación
E13M	349,79	0,42*	39,13	0,87	0,16	Estabilidad Absoluta, es decir mantiene su altura constante en todos los ambientes por lo que se considera como Genotipo Ideal.
E13H	344,28	0,08*	83,11	0,11	0,16	Estabilidad Absoluta, es decir el genotipo mantiene su altura constante en todos los ambientes. Genotipo Ideal.
WM	253,70	2,23**	61,69	0,99	0,28	Adaptado a ambientes favorables e Inestable.
WH	270,73	1,26**	5,39	0,99	0,15	Adaptado a ambientes favorables e Inestable.
Promedio	304,62					

\* Estadísticamente igual a cero con un nivel de significancia del 5%,  
\*\* Estadísticamente mayor que uno con un nivel de significancia del 5%.

Parámetros de Regresión del modelo de Eberhart y Russell de los diámetros de los genotipos en estudio.

Genotipo	$\beta_{0i}$	$\beta_{1i}$	$S_{e_i}^2$	$R^2$	CV	Interpretación
E13M	80,44	0,60*	3,99	0,86	0,20	Estabilidad Absoluta, es decir mantiene su diámetro constante en todos los ambientes por lo que se considera como Genotipo Ideal.
E13H	81,94	0,55*	18,38	0,53	0,22	Estabilidad Absoluta, es decir el genotipo mantiene su diámetro constante en todos los ambientes. Genotipo Ideal.
WM	51,63	1,83**	6,37	0,97	0,36	Adaptado a ambientes favorables e Inestable.
WH	53,86	1,03**	2,65	0,96	0,28	Adaptabilidad General, es decir responde bien en todos los ambientes. Inestable.
Promedio	66,97					

\* Estadísticamente igual a cero con un nivel de significancia del 5%,  
\*\* Estadísticamente mayor que uno con un nivel de significancia del 5%,  
(\*) Estadísticamente igual a 1 con un nivel de significancia del 5%.

Parámetros de Regresión del modelo de Eberhart y Russell de las hojas presentes de los genotipos en estudio.

Genotipo	$\beta_{0i}$	$\beta_{1i}$	$S_{e_i}^2$	$R^2$	CV	Interpretación
E13M	11,89	0,31*	4,93	0,02	0,24	Estabilidad Absoluta, es decir mantiene sus hojas constantes en todos los ambientes por lo que se considera como Genotipo Ideal.
E13H	10,79	2,95*	2,86	0,69	0,20	Estabilidad Absoluta, es decir el genotipo mantiene sus hojas constantes en todos los ambientes. Genotipo Ideal.
WM	8,37	0,16*	2,68	0,01	0,30	Estabilidad Absoluta, es decir mantiene sus hojas constantes en todos los ambientes por lo que se considera como Genotipo Ideal.
WH	9,32	0,58*	0,73	0,26	0,13	Estabilidad Absoluta, es decir el genotipo mantiene sus hojas constantes en todos los ambientes. Genotipo Ideal.
Promedio	10,09					

\* Estadísticamente igual a cero con un nivel de significancia del 5%.

Parámetros de Regresión del modelo de Eberhart y Russell de la emisión foliar de los genotipos en estudio.

Genotipo	$\beta_{0i}$	$\beta_{1i}$	$S_{e_i}^2$	$R^2$	CV	Interpretación
E13M	34,86	1,42*	4,13	0,75	0,21	Estabilidad Absoluta, es decir mantiene su emisión foliar constante en todos los ambientes por lo que se considera como Genotipo Ideal.
E13H	28,22	1,38*	7,54	0,61	0,08	Estabilidad Absoluta, es decir el genotipo mantiene su emisión foliar constante en todos los ambientes. Genotipo Ideal.
WM	27,45	0,37*	1,26	0,41	0,07	Estabilidad Absoluta, es decir mantiene su emisión foliar constante en todos los ambientes por lo que se considera como Genotipo Ideal.
WH	23,67	0,82*	2,23	0,65	0,24	Estabilidad Absoluta, es decir el genotipo mantiene su emisión foliar constante en todos los ambientes. Genotipo Ideal.
Promedio	28,50					

\* Estadísticamente igual a cero con un nivel de significancia del 5%.

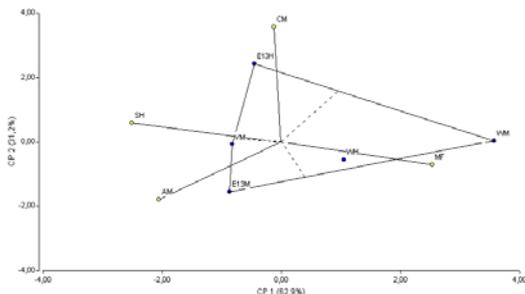
Parámetros de Regresión del modelo de Eberhart y Russell del IND de los genotipos en estudio.

Genotipo	$\beta_{di}$	$\beta_{hi}$	$S_{di}^2$	$R^2$	CV	Interpretación
E13M	1,97	-0,14*	7,72	0,01	3,25	Estabilidad Absoluta, es decir mantiene su IND constante en todos los ambientes.
E13H	2,61	-0,89*	19,16	0,08	2,53	Estabilidad Absoluta, es decir el genotipo mantiene su IND constante en todos los ambientes.
VM	13,93	3,04*	6,19	0,77	0,62	Estabilidad Absoluta, es decir mantiene su IND constante en todos los ambientes.
VH	9,47	1,99*	4,42	0,66	0,37	Estabilidad Absoluta, es decir el genotipo mantiene su IND constante en todos los ambientes.
Promedio	6,99					

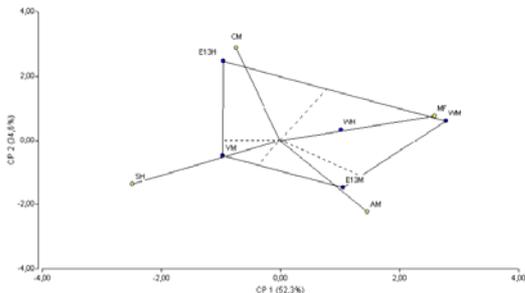
\* Estadísticamente igual a cero con un nivel de significancia del 5%.

### Modelo AMMI

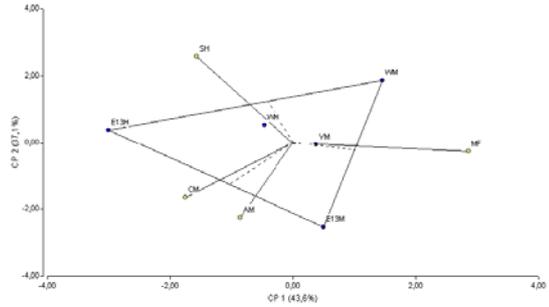
Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes de componentes principales del análisis AMMI de las alturas promedio de genotipos evaluados en distintos ambientes.



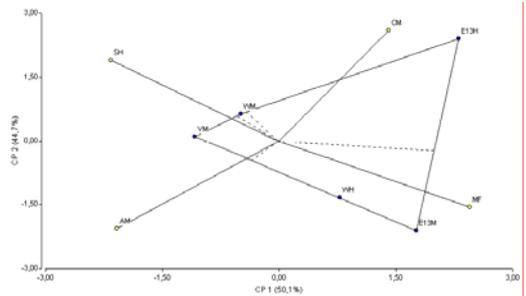
Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes de componentes principales del análisis AMMI de los diámetros promedio de genotipos evaluados en distintos ambientes.



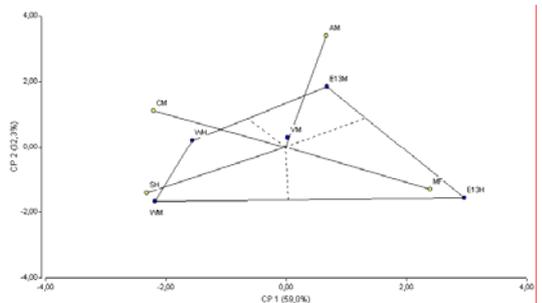
Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes de componentes principales del análisis AMMI de hojas presentes promedio de genotipos evaluados en distintos ambientes.



Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes de componentes principales del análisis AMMI de emisión foliar promedio de genotipos evaluados en distintos ambientes.

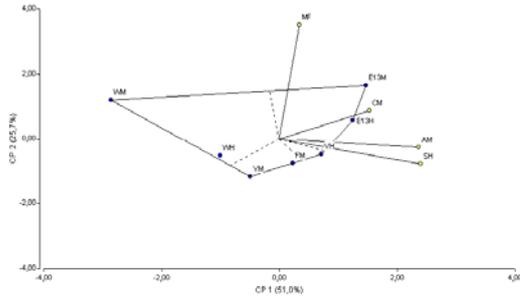


Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes de componentes principales del análisis AMMI de IND promedio de genotipos evaluados en distintos ambientes.

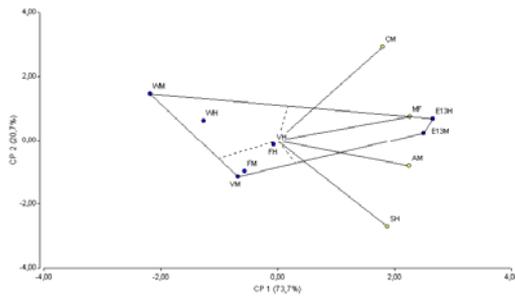


## MODELO SREG

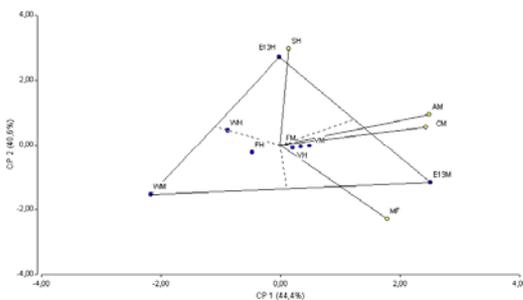
Comportamiento de genotipos e interacción genotipo x ambiente respecto a los dos primeros ejes principales con el modelo SREG de las alturas promedio de genotipos evaluados en distintos ambientes.



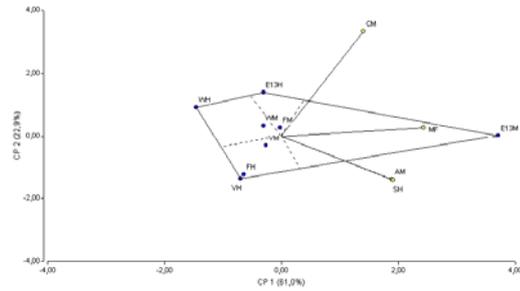
Comportamiento de genotipos e interacción genotipo x ambiente respecto a los dos primeros ejes principales con el modelo SREG de los diámetros promedio de genotipos evaluados en distintos ambientes.



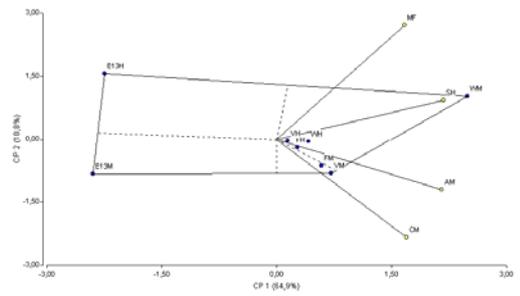
Comportamiento de genotipos e interacción genotipo x ambiente respecto a los dos primeros ejes principales con el modelo SREG de las hojas presentes promedio de genotipos evaluados en distintos ambientes.



Comportamiento de genotipos e interacción genotipo x ambiente respecto a los dos primeros ejes principales con el modelo SREG de la emisión foliar promedio de genotipos evaluados en distintos ambientes.



Comportamiento de genotipos e interacción genotipo x ambiente respecto a los dos primeros ejes principales con el modelo SREG del IND de genotipos evaluados en distintos ambientes.



## Conclusiones

1. De acuerdo al análisis univariado en la Hacienda San Humberto los genotipos ESPOL 13 MADRE Y ESPOL 13 HIJO presentaron en promedio los índices de infección más bajos 1.20 y 0.97 respectivamente, a diferencia de los genotipos WILLIAMS MADRE y WILLIAMS HIJO que presentaron índices de infección promedio un poco más elevados de 19,87 y 13,11 respectivamente.
2. De acuerdo al análisis univariado en la Hacienda Celia María los genotipos ESPOL 13 MADRE Y ESPOL 13 HIJO presentaron en promedio los índices de infección más bajos 1.08 y 0.14 respectivamente, mientras que los genotipos FILIPINO MADRE, FILIPINO HIJO, VALERY MADRE y VALERY HIJO presentaron índices de

- infección un poco más elevados de 13.09, 9.44, 14.54 y 7.97.
3. De acuerdo al análisis univariado en la Hacienda Ana María los genotipos ESPOL 13 MADRE Y ESPOL 13 HIJO presentaron en promedio los índices de infección más bajos 5.32 y 1.17 respectivamente, a diferencia del genotipo WILLIAMS MADRE que presentó un índice de infección promedio un poco más elevado de 10,73.
  4. De acuerdo al análisis univariado en la Hacienda Miraflores los genotipos ESPOL 13 MADRE Y ESPOL 13 HIJO presentaron en promedio los índices de infección más bajos 0.27 y 8.17 respectivamente, por el contrario el genotipo WILLIAMS MADRE presentó un índice de infección promedio de 11.18 y el genotipo WILLIAMS HIJO presentó un índice de infección promedio de 5.84 que es un poco menor que el índice presentado por el genotipo ESPOL 13 HIJO.
  5. Los genotipos ESPOL 13 MADRE y ESPOL 13 HIJO en el análisis univariado son los que presentaron los índices de infección promedio más bajos en todas las haciendas donde se evaluaron.
  6. El método propuesto por Eberhart y Russell en relación a la altura de los genotipos permitió clasificar a los genotipos ESPOL 13 MADRE y ESPOL 13 HIJO como de estabilidad absoluta y los considera como genotipos ideales, y a los genotipos WILLIAMS MADRE y WILLIAMS HIJO como adaptados a ambientes favorables e inestables.
  7. El método propuesto por Eberhart y Russell en relación al diámetro de los genotipos permitió clasificar a los genotipos ESPOL 13 MADRE y ESPOL 13 HIJO como de estabilidad absoluta y los considera como genotipos ideales, al genotipo WILLIAMS MADRE como inestable y adaptado a ambientes favorables y al genotipo WILLIAMS HIJO como de adaptabilidad general e inestable.
  8. El método propuesto por Eberhart y Russell en relación a las hojas presentes de los genotipos permitió clasificar a los genotipos ESPOL 13 MADRE, ESPOL 13 HIJO, WILLIAMS MADRE y WILLIAMS HIJO como de estabilidad absoluta y los considera como genotipos ideales.
  9. El método propuesto por Eberhart y Russell en relación a la emisión foliar de los genotipos permitió clasificar a los genotipos ESPOL 13 MADRE, ESPOL 13 HIJO, WILLIAMS MADRE y WILLIAMS HIJO como de estabilidad absoluta y los considera como genotipos ideales.
  10. El método propuesto por Eberhart y Russell en relación al índice de infección (IND) de los genotipos permitió clasificar a los genotipos ESPOL 13 MADRE, ESPOL 13 HIJO, WILLIAMS MADRE y WILLIAMS HIJO como de estabilidad absoluta y mantendrán constantes sus índices de infección en todos los ambientes de evaluación
  11. Mediante el método de Eberhart y Russell permitió clasificar a los genotipos ESPOL 13 MADRE, ESPOL 13 HIJO, WILLIAMS MADRE y WILLIAMS HIJO en relación a la altura, diámetro, hojas presentes, emisión foliar e índice de infección en su gran mayoría como de estabilidad absoluta (estabilidad en el sentido biológico) la misma que no es considerada importante en la agricultura que requiere de genotipos estables (estabilidad en el sentido agronómico) que respondan bien ante las diferentes condiciones ambientales.
  12. Según el modelo AMMI aplicado a las alturas de las plantas de banano, se definieron tres regiones con un genotipo adaptado a cada una de ellas. El genotipo ESPOL 13 HIJO se definió como el más adaptado a las Haciendas Celia María y San Humberto, el genotipo WILLIAMS MADRE como el más adaptado a la Hacienda Miraflores; y el genotipo ESPOL 13 MADRE como el más adaptado a la Hacienda Ana María seguido del genotipo VALERY MADRE. Además el genotipo más estable fue VALERY MADRE.

13. Según el modelo AMMI aplicado a los diámetros de las plantas de banano, se definieron cuatro regiones con un genotipo adaptado a cada una de ellas. El genotipo ESPOL 13 HIJO se definió como el más adaptado a la Hacienda Celia María, el genotipo WILLIAMS MADRE como el más adaptado a la Hacienda Miraflores, el genotipo VALERY MADRE como el más adaptado a la Hacienda San Humberto; y el genotipo ESPOL 13 MADRE como el más adaptado a la Hacienda Ana María. Además el genotipo más estable fue WILLIAMS HIJO.
14. Según el modelo AMMI aplicado a las hojas presentes de las plantas de banano, se definieron tres regiones con un genotipo adaptado a cada una de ellas. El genotipo WILLIAMS MADRE se definió como el más adaptado a la Hacienda Miraflores, el genotipo ESPOL 13 HIJO como el más adaptado a las Haciendas San Humberto y Celia María; y el genotipo ESPOL 13 MADRE como el más adaptado a la Hacienda Ana María. Además el genotipo más estable fue VALERY MADRE.
15. Según el modelo AMMI aplicado a la emisión foliar de las plantas de banano, se definieron cuatro regiones con un genotipo adaptado a cada una de ellas. El genotipo ESPOL 13 HIJO se definió como el más adaptado a la Hacienda Celia María, el genotipo VALERY MADRE como el más adaptado a las Haciendas San Humberto y Ana María; y el genotipo ESPOL 13 MADRE como el más adaptado a la Hacienda Miraflores. Además el genotipo más estable fue WILLIAMS MADRE.
16. Según el modelo AMMI aplicado al índice de infección (IND) de las plantas de banano, se definieron cuatro regiones con un genotipo adaptado a cada una de ellas. El genotipo ESPOL 13 MADRE se definió como el más adaptado a la Hacienda Ana María, el genotipo ESPOL 13 HIJO como el más adaptado a la Hacienda Miraflores; y el genotipo WILLIAMS MADRE como el más adaptado a las Haciendas Celia María y San Humberto seguido del genotipo WILLIAMS HIJO. Además el genotipo más estable fue VALERY MADRE.
17. Según el modelo SREG aplicado a las alturas de las plantas de banano, los ambientes se agruparon en un sector o mega-ambiente que está delimitado por líneas punteadas y en los vértices del polígono se ubican los mejores genotipos para esos ambientes. Todos los ambientes donde se encuentran las Haciendas San Humberto, Celia María, Ana María y Miraflores se consideran similares y favorables para los genotipos ESPOL 13 MADRE, ESPOL 13 HIJO, VALERY HIJO y FILIPINO MADRE que son aquellos que presentan las mayores alturas, de éstos el genotipo ESPOL 13 MADRE se considera como el más adaptado a estos ambientes seguido del genotipo ESPOL 13 HIJO y los genotipos WILLIAMS MADRE, WILLIAMS HIJO y VALERY MADRE son considerados de pobre comportamiento en relación a la altura en la mayoría de los ambientes evaluados. Los genotipos VALERY HIJO y WILLIAMS HIJO se consideran no adaptados en ninguno de los mega-ambientes definidos en el gráfico. Además los genotipos con mejor estabilidad fueron ESPOL 13 MADRE, ESPOL 13 HIJO y VALERY HIJO, de éstos el genotipo VALERY HIJO fue el más estable.
18. Según el modelo SREG aplicado a los diámetros de las plantas de banano, los ambientes se agruparon en un sector o mega-ambiente que está delimitado por líneas punteadas y en los vértices del polígono se ubican los mejores genotipos para esos ambientes. Todos los ambientes donde se encuentran las Haciendas San Humberto, Celia María, Ana María y Miraflores se consideran similares y favorables para los genotipos ESPOL 13 MADRE y ESPOL 13 HIJO que son aquellos que presentan los mayores diámetros, de estos el genotipo ESPOL 13 HIJO se considera como el más adaptado a estos ambientes seguido del genotipo ESPOL 13 MADRE y los genotipos WILLIAMS MADRE, WILLIAMS HIJO, VALERY MADRE, VALERY HIJO, FILIPINO MADRE y FILIPINO HIJO considerados de pobre comportamiento en relación al diámetro en la mayoría de los ambientes evaluados. Los genotipos VALERY HIJO, WILLIAMS HIJO, FILIPINO HIJO y FILIPINO MADRE

se consideran no adaptados en ninguno de los mega-ambientes definidos en el gráfico. Además los genotipos con mejor estabilidad fueron ESPOL 13 MADRE y ESPOL 13 HIJO, de éstos el genotipo ESPOL 13 MADRE fue el más estable.

19. Según el modelo SREG aplicado a las hojas presentes de las plantas de banano, los ambientes se agruparon en dos sectores o mega-ambientes que están delimitados por líneas punteadas y en los vértices del polígono se ubican los mejores genotipos para esos ambientes. El genotipo ESPOL 13 HIJO se considera el más adaptado al ambiente donde se encuentra la Hacienda San Humberto, los ambientes donde se encuentran las Haciendas Celia María, Ana María y Miraflores se consideran similares y favorables para los genotipos ESPOL 13 MADRE, FILIPINO MADRE, VALERY MADRE y VALERY HIJO que son aquellos que presentan mayor número de hojas presentes, de estos el genotipo ESPOL 13 MADRE se considera como el más adaptado a estos ambientes y los genotipos WILLIAMS MADRE, WILLIAMS HIJO, FILIPINO HIJO y ESPOL 13 HIJO son considerados de pobre comportamiento en relación al número de hojas presentes en la mayoría de los ambientes evaluados. Los genotipos VALERY MADRE, VALERY HIJO, WILLIAMS HIJO, FILIPINO HIJO y FILIPINO MADRE se consideran no adaptados en ninguno de los mega-ambientes definidos en el gráfico. Además los genotipos con mejor estabilidad fueron ESPOL 13 MADRE y VALERY MADRE, de éstos el genotipo VALERY MADRE fue el más estable.
20. Según el modelo SREG aplicado a la emisión foliar de las plantas de banano, los ambientes se agruparon en un sector o mega-ambiente que está delimitado por líneas punteadas y en los vértices del polígono se ubican los mejores genotipos para esos ambientes. Todos los ambientes donde se encuentran las Haciendas San Humberto, Celia María, Ana María y Miraflores se consideran similares y favorables para el genotipo ESPOL 13 MADRE que es aquel que presenta la mayor emisión foliar y se considera

como el más adaptado a estos ambientes y los genotipos ESPOL 13 HIJO, WILLIAMS MADRE, WILLIAMS HIJO, VALERY MADRE, VALERY HIJO, FILIPINO MADRE y FILIPINO HIJO considerados de pobre comportamiento en relación al diámetro en la mayoría de los ambientes evaluados. Los genotipos VALERY MADRE, WILLIAMS MADRE, FILIPINO HIJO y FILIPINO MADRE se consideran no adaptados en ninguno de los mega-ambientes definidos en el gráfico. Además el genotipo con mejor estabilidad fue ESPOL 13 MADRE.

21. Según el modelo SREG aplicado al índice de infección (IND) de las plantas de banano, los ambientes se agruparon en dos sectores o mega-ambientes que están delimitados por líneas punteadas y en los vértices del polígono se ubican los mejores genotipos para esos ambientes. El genotipo VALERY MADRE se considera el más adaptado al ambiente donde se encuentra la Hacienda Celia María, los ambientes donde se encuentran las Haciendas San Humberto, Ana María y Miraflores se consideran similares y favorables para los genotipos WILLIAMS MADRE, WILLIAMS HIJO, VALERY MADRE, VALERY HIJO, FILIPINO MADRE y FILIPINO HIJO que son aquellos que presentan los mayores índices de infección, de éstos el genotipo WILLIAMS MADRE se considera como el más adaptado a estos ambientes y los genotipos ESPOL 13 MADRE y ESPOL 13 HIJO (presentan menores índices de infección en la mayoría de los ambientes evaluados) son considerados de pobre comportamiento en relación al índice de infección (IND). Los genotipos VALERY HIJO, WILLIAMS HIJO, FILIPINO HIJO y FILIPINO MADRE se consideran no adaptados en ninguno de los mega-ambientes definidos en el gráfico. Además los genotipos con mejor estabilidad fueron WILLIAMS MADRE y VALERY MADRE (presentan mayores índices de infección).

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

1. SOTO, M. (1992). Bananos Cultivo y Comercialización. Ministerio de Agricultura y Ganadería de Costa Rica. Segunda Edición. San José, Costa Rica, 1992.
2. CHAMPION, J. (1963). Le Bananier. Maisonneuve et Larose eds, París, Francia, 263 p. 1963.
3. CHAMPION, J. (1967). Les bananiers et leur culture; tome I: botanique et génétique. SETCO eds, París, Francia, 214 p. 1967.
4. DE LANGHE, E. (1961). La taxonomie du bananier plantain en Afrique Equatoriale. J. d'Agric. Tropicale et de Botanique Appliquée, VIII, 10-11:417-449,1961.
5. EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, v.6, n.1, p.36-40, 1966.
6. GONZÁLEZ ,M. (2001). Interacción genotipo x ambiente en guisante proteaginoso (*Pisum sativum* L.), Disertación Doctoral, Universidad de Valladolid, Palencia, España, 2001.
7. LAVORIANI, O.J. (2003). Estabilidade e Adaptabilidade Fenotípica através da reamostragem "bootstrap" no modelo AMMI. Disertación Doctoral, Universidad de Sao Paulo, Sao Paulo, Brasil, 2003.
8. GABRIEL, K. R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, v.58, n.3, p.453-467, 1971.
9. CROSSA, J. AND P.L. CORNELIUS. (1997). Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. *Crop Sci.* 37:405-415.
10. CROSSA, J., CORNELIUS, P.L. and Yan, W. (2001). Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype  $\times$  environment interaction. *Crop Science* (submitted).
11. MENDENHALL W. (1994), Estadística Matemática con Aplicaciones, Grupo Editorial Iberoamericana, Segunda Edición, México D.F, México.
12. PEREZ C. (2004), Técnicas de Análisis Multivariante de Datos. Aplicaciones con SPSS, Editorial Prentice Hall, Primera Edición, Madrid, España.
13. JOHNSON, R., y WICHERN, W. (1998), Applied Multivariate Statistical Analysis, Editorial Prentice Hall, Cuarta Edición, New Jersey, Estados Unidos.