

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA**

**LA MOLINA**

**ESCUELA DE POSGRADO**

**DOCTORADO EN AGRICULTURA SUSTENTABLE**



**“DESARROLLO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MAÍZ POPCORN  
MORADO MEDIANTE MÉTODOS CONVENCIONALES”**

**Presentada por:**

**ELÍAS HUGO HUANUQUEÑO COCA**

**TESIS PARA OPTAR EL GRADO DE DOCTOR**

***DOCTORADO PHILOSOPHIAE EN AGRICULTURA SUSTENTABLE***

**Lima – Perú**

**2023**

## Document Information

---

<b>Analyzed document</b>	Tesis - Huanuqueño ver1 ANTIPLAGIO.doc (D152577783)
<b>Submitted</b>	2022-12-08 04:59:00
<b>Submitted by</b>	Jorge Tobaru
<b>Submitter email</b>	jtobaru@lamolina.edu.pe
<b>Similarity</b>	0%
<b>Analysis address</b>	jtobaru.unalm@analysis.arkund.com

## Sources included in the report

---

### Entire Document

---

#### DESARROLLO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MAÍZ POPCORN MORADO MEDIANTE MÉTODOS CONVENCIONALES II. RESUMEN

Con el objetivo de desarrollar híbridos simples (HS) de maíz morado reventón a partir de dos razas nativas de maíces peruanos a través del fitomejoramiento, se evaluaron 256 líneas segregantes de la cruce Kculli x Confite, luego se seleccionaron las sobresalientes, con las que se obtuvieron HS que fueron evaluados en La Molina. Los ensayos para evaluar líneas y probar híbridos se instalaron bajo el diseño de Látice Simple 16x16 y 11x11, respectivamente. Las parcelas experimentales estuvieron conformadas de 1 surco con 12 plantas, dos plantas por golpe distanciados a 35 cm y 80 cm entre surcos. Hubo diferencias estadísticas entre ambientes, genotipos e interacción GxA para volumen de expansión (VE), pigmentación del pericarpio (PP), porcentaje de granos expandidos (PGE), volumen de la roseta (VR) y rendimiento de grano (RG).

En

Huánuco, las características evaluadas tuvieron los promedios más bajos y en La Molina-3 los promedios superaron a los de La Molina-1. Considerando el modo de segregación de los caracteres de valor VE y PP, se estableció

el

índice de selección que permitió identificar a 80 líneas, doce de las cuales resultaron ser las más estables.

Del cruce de estas líneas con un probador se obtuvieron 109 HS de maíz morado reventón, que junto a 12 testigos fueron evaluados en La Molina. Finalmente, se desarrollaron 11 HS potenciales, que en promedio tuvieron 24.3 ml/g de VE, 47.4 % de PP y 6.0 t/ha de RG.

Palabras claves: razas nativas, popcorn morado, antocianina, estabilidad, MTSI.

#### ABSTRACT

With the objective of developing simple hybrids (HS)

of purple popcorn from two native landraces of Peruvian maize through plant breeding, 256 segregating lines of the Kculli x Confite cross were evaluated, then the outstanding ones were selected, with which HS were obtained that were evaluated in La Molina. The trials to evaluate lines and test hybrids were installed under the Simple Lattice 16x16 and 11x11 design, respectively. The experimental plots had a row with 12 plants, two plants per plot spaced at 35 cm and 80 cm between rows. There were statistical differences between environments, genotypes and GxA interaction for expansion volume (VE), pericarp pigmentation (PP), percentage of expanded grains (PGE), rosette volume (VR) and grain yield (RG).

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA  
LA MOLINA**

**DOCTORADO EN AGRICULTURA SUSTENTABLE**

**“DESARROLLO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MAÍZ POPCORN  
MORADO MEDIANTE MÉTODOS CONVENCIONALES”**

**TESIS PARA OPTAR EL GRADO DE DOCTOR**

*Doctoris Philosophiae (Ph.D.)*

**Presentada por:**

**ELÍAS HUGO HUANUQUEÑO COCA**

**Sustentada y aprobada ante el siguiente jurado:**

Dr. Gastón Zolla Benites  
**PRESIDENTE**

Dr. Jorge Jiménez Dávalos  
**ASESOR**

Dr. Alberto Julca Otiniano  
**MIEMBRO**

Ph.D. Elizabeth Heros Aguilar  
**MIEMBRO**

Ph.D. Faustino Sanjinez Salazar  
**MIEMBRO EXTERNO**

## **DEDICATORIA**

A Dios.

A mis hijos José Luis y Luber Ithier por su comprensión.

A mis hermanos y hermanas, sobrinos y sobrinas por su constante motivación para el logro de mis metas personales y profesionales.

## **AGRADECIMIENTO**

A Dios.

Al Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDECYT) por financiar esta investigación a través del contrato N° 68-2018-FONDECYT-BM-IADT-AV.

A la Universidad Nacional Agraria La Molina, por brindarme todas las condiciones para la realización de mis estudios y la ejecución de los experimentos en la costa.

Al departamento académico de Fitotecnia por otorgarme las facilidades para la culminación de mis estudios doctorales.

Al Dr. Jorge Jiménez Dávalos, por sus valiosos consejos como educador y amigo de la vida.

A los miembros del jurado de tesis, doctores Alberto Julca, Gastón Zolla, Elizabeth Heros y Faustino Sanjinez por los aportes hechos al presente trabajo de investigación.

A mis amigos César, Oswaldo y mis alumnos, quienes me apoyaron en todo momento.

Al Programa de Cereales y Granos Nativos de la Universidad Nacional Agraria La Molina por la predisposición de los ambientes y el apoyo de sus trabajadores.

Al Programa de Maíz de la Universidad Nacional Agraria La Molina.

A la Universidad Nacional Hermilio Valdizán, por brindar las facilidades para la realización del experimento en la sierra.

## ÍNDICE GENERAL

<b>I.</b>	<b>INTRODUCCIÓN</b>	<b>1</b>
<b>II.</b>	<b>REVISIÓN DE LITERATURA</b>	<b>2</b>
	2.1 Consumo de maíz reventón	2
	2.2 Importancia del consumo del maíz morado	3
	2.3 Diversidad del maíz en el Perú	4
	2.4 Herencia de caracteres cuantitativos	5
	2.5 Obtención de líneas endogámicas	7
	2.6 Maíz híbrido	8
	2.7 Interacción genotipo-ambiente	10
<b>III.</b>	<b>MATERIALES Y MÉTODOS</b>	<b>12</b>
	3.1 Ubicación de los experimentos	12
	3.2 Insumos y equipos	12
	3.3 Material genético experimental	13
	3.4 Características de la parcela experimental	13
	3.5 Diseño experimental	14
	3.6 Instalación y manejo del experimento	16
	3.7 Características evaluadas en experimentos de las fases 1 y 3	16
	3.8 Análisis de datos	19
	3.9 Resumen metodológico	19
<b>IV.</b>	<b>RESULTADOS Y DISCUSIÓN</b>	<b>20</b>
	Fase 1: Evaluación de 256 líneas $S_1$ de maíz morado reventón, selección de las sobresalientes y evaluación de su estabilidad	20
	4.1 Análisis de variancia de las características estudiadas en las líneas	20
	4.2 Modo de segregación de los caracteres de valor	30
	4.3 Selección de líneas $S_1$ de maíz morado reventón	33
	4.4 Índice de estabilidad de múltiples caracteres MTSI de las 80 líneas selectas	35
	Fase 2: Formación de híbridos simples	37
	Fase 3: Evaluación de 109 híbridos simples de maíz morado reventón	39
	4.5 Cosecha de híbridos simples	39
	4.6 Análisis estadístico de las variables evaluadas en los híbridos	39
<b>V.</b>	<b>CONCLUSIONES</b>	<b>47</b>
<b>VI.</b>	<b>RECOMENDACIONES</b>	<b>48</b>
<b>VII.</b>	<b>REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b>	<b>49</b>
<b>VIII.</b>	<b>ANEXOS</b>	<b>61</b>

## ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1.	Esquema de los análisis de varianza según fase de investigación	16
Tabla 2.	Cuadrados medios del ANOVA combinado para siete caracteres en 256 genotipos de maíz morado reventón evaluados en tres localidades	20
Tabla 3.	Comparación de medias entre localidades en promedio de 256 genotipos	21
Tabla 4.	Cuadrados medios del ANOVA individual para días a floración masculina de 256 genotipos de maíz morado reventón	21
Tabla 5.	Comparación de medias de días a floración masculina para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón	22
Tabla 6.	Cuadrados medios del ANOVA individual para altura de planta de 256 genotipos de maíz morado reventón	22
Tabla 7.	Comparación de medias de altura de planta para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón	23
Tabla 8.	Cuadrados medios del ANOVA individual para pigmentación del pericarpio de 256 genotipos de maíz morado reventón	24
Tabla 9.	Comparación de medias del pericarpio pigmentado para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón	24
Tabla 10.	Cuadrados medios del ANOVA individual para rendimiento de grano de 256 genotipos de maíz morado reventón	25
Tabla 11.	Comparación de medias del rendimiento de grano para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón	25
Tabla 12.	Cuadrados medios para el porcentaje de granos expandidos de 256 genotipos de maíz morado reventón	26
Tabla 13.	Comparación de medias del porcentaje de granos expandidos para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón	27
Tabla 14.	Cuadrados medios para el volumen de la roseta de 256 genotipos de maíz morado reventón	27
Tabla 15.	Comparación de medias del volumen de la roseta para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón	28
Tabla 16.	Cuadrados medios del volumen de expansión de 256 genotipos de maíz morado reventón	29
Tabla 17.	Comparación de medias del volumen de expansión para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón	29
Tabla 18:	Relación de líneas sobresalientes seleccionadas por volumen de expansión y pericarpio pigmentado	35
Tabla 19:	Índice de estabilidad de 80 líneas seleccionadas por volumen de expansión y pericarpio pigmentado	34
Tabla 20:	Relación de 109 híbridos simples de granos morados y 12 testigos de granos amarillos	38
Tabla 21.	Análisis de varianza de siete caracteres evaluados en 121 genotipos de maíz reventón	40
Tabla 22.	Medias de seis caracteres evaluados en 109 híbridos de maíz morado reventón	43
Tabla 23.	Comparación de medias de volumen de expansión para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina	61
Tabla 24.	Comparación de medias de pigmentación del pericarpio para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina	64

Tabla 25.	Comparación de medias de rendimiento de grano para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina	67
Tabla 26.	Comparación de medias de porcentaje de granos expandidos para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina	70
Tabla 27.	Comparación de medias de volumen de una roseta para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina	73
Tabla 28.	Comparación de medias de altura de planta para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina	76



## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.	Tendencia de la importación de maíz reventón amarillo entre los años 2016 y 2020.	2
Figura 2.	Importación de maíz reventón amarillo según país de origen.	3
Figura 3.	Histograma de frecuencias de cuatro caracteres a partir de los datos de 256 líneas segregantes de maíz morado reventón.	32
Figura 4.	Coefficiente de correlación entre VE, PEG, PP y RG a partir de los datos de 256 líneas segregantes de maíz morado reventón.	33
Figura 5.	Índice de estabilidad de múltiples caracteres. Líneas estables (círculo rojo) y líneas inestables (círculo negro).	36
Figura 6.	Plantas de líneas de maíz morado reventón con mazorcas protegidas que contienen semillas de los híbridos simples.	37
Figura 7.	Mazorcas de un híbrido simple (lado izquierdo) y sobres conteniendo mazorcas de distintos híbridos en pleno secado (lado derecho).	39
Figura 8.	Matriz de correlación de Pearson para 6 caracteres evaluados en 109 HS de maíz morado reventón	42
Figura 9.	Granos y rosetas de cuatro de los 11 HS seleccionados.	46

## RESUMEN

Con el objetivo de desarrollar híbridos simples (HS) de maíz morado reventón a partir de dos razas nativas de maíces peruanos a través del fitomejoramiento, se evaluaron 256 líneas segregantes de la cruce Kculli x Confite, luego se seleccionaron las sobresalientes, con las que se obtuvieron HS que fueron evaluados en La Molina. Los ensayos para evaluar líneas y probar híbridos se instalaron bajo el diseño de Látice Simple 16x16 y 11x11, respectivamente. Las parcelas experimentales estuvieron conformadas de un surco con 12 plantas, dos plantas por golpe distanciados a 35 cm y 80 cm entre surcos. Hubo diferencias estadísticas entre ambientes, genotipos e interacción GxA para volumen de expansión (VE), pigmentación del pericarpio (PP), porcentaje de granos expandidos (PGE), volumen de la roseta (VR) y rendimiento de grano (RG). En Huánuco, las características evaluadas tuvieron los promedios más bajos y en La Molina-3 los promedios superaron a los de La Molina-1. Considerando el modo de segregación de los caracteres de valor VE y PP, se estableció el índice de selección que permitió identificar a 80 líneas, doce de las cuales resultaron ser las más estables. Del cruce de estas líneas con un probador se obtuvieron 109 HS de maíz morado reventón, que junto a 12 testigos fueron evaluados en La Molina. Finalmente, se desarrollaron 11 HS potenciales, que en promedio tuvieron 24.3 ml/g de VE, 47.4 por ciento de PP y 6.0 t/ha de RG.

**Palabras claves:** razas nativas, popcorn morado, antocianina, estabilidad, MTSI.

## ABSTRACT

With the objective of developing simple hybrids (HS) of purple popcorn from two native landraces of Peruvian maize through plant breeding, 256 segregating lines of the Kculli x Confite cross were evaluated, then the outstanding ones were selected, with which HS were obtained that were evaluated in La Molina. The trials to evaluate lines and test hybrids were installed under the Simple Lattice 16x16 and 11x11 design, respectively. The experimental plots had a row with 12 plants, two plants per plot spaced at 35 cm and 80 cm between rows. There were statistical differences between environments, genotypes and GxA interaction for expansion volume (VE), pericarp pigmentation (PP), percentage of expanded grains (PGE), rosette volume (VR) and grain yield (RG). In Huánuco, the evaluated traits had the lowest averages, and in La Molina-3 the averages exceeded those of La Molina-1. Considering the mode of segregation of the VE and PP value characters, a selection index was established that allowed the identification of 80 lines, twelve of which turned out to be the most stable. From the crossing of these lines with a tester, 109 HS of purple popcorn were obtained, which together with 12 checks were evaluated in La Molina. Finally, 11 promising HS were developed, which had an average of 24.3 ml/g of VE, 47.4 percent of PP and 6.0 t/ha of GR.

**Keywords:** landraces, purple popcorn, anthocyanin, stability, MTSI.

## I. INTRODUCCIÓN

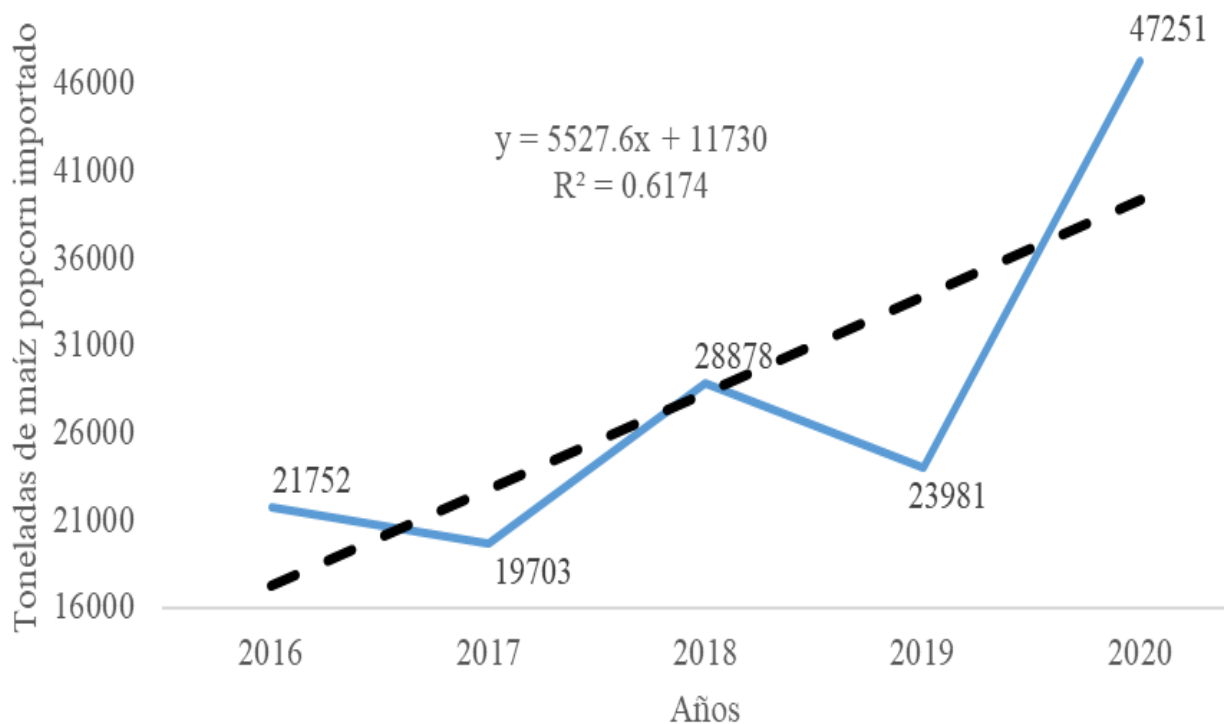
De las más de 50 razas de maíz que se encuentran en el Perú, la raza Kculli se caracteriza porque posee pigmentos antociánicos en la mazorca; mientras que los granos de la raza Confite, tienen la capacidad de reventar cuando se les somete a altas temperaturas, lo que permite la formación de rosetas o palomitas de maíz. A pesar de que se conoce que el maíz morado es bueno para la salud, en el Perú, el consumo de este producto es mayormente estacional, en verano, sin embargo, consumimos todo el año el maíz reventón sin antocianinas; desafortunadamente para nuestra diversidad y los agricultores de bajos recursos que cultivan maíces morados y reventadores nativos, no existen variedades mejoradas de maíces reventadores de buen rendimiento de grano que se cultiven en nuestro territorio, por ello, todo el maíz reventón que se consume es importado de Argentina, Brasil y Estados Unidos y cada vez en mayor cantidad. El volumen de importación de maíz reventón para el año 2017 fue de 17166472 kg, mientras que para el 2020 éste subió a 44901616 kg, incremento que representa el 261.6 por ciento (Koo 2022).

Los métodos de mejoramiento genético de plantas aplicados al maíz morado en el Perú han permitido la obtención de variedades mejoradas de libre polinización; sin embargo, estas no fueron practicados en las razas nativas de maíces reventadores, debido a ello, a pesar de contar con razas nativas de maíces reventones, el agricultor no lo siembra para el comercio porque sus rendimientos son bajos y no es rentable. Entonces, considerando la gran demanda interna por el maíz reventón, conociendo las propiedades del consumo de antocianinas y sabiendo la preferencia por el consumo de alientos nutraceuticos, como los colorantes naturales, a nivel mundial, el objetivo de esta investigación fue desarrollar híbridos simples de maíz morado reventón vía el fitomejoramiento a partir de dos razas nativas de maíces peruanos.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

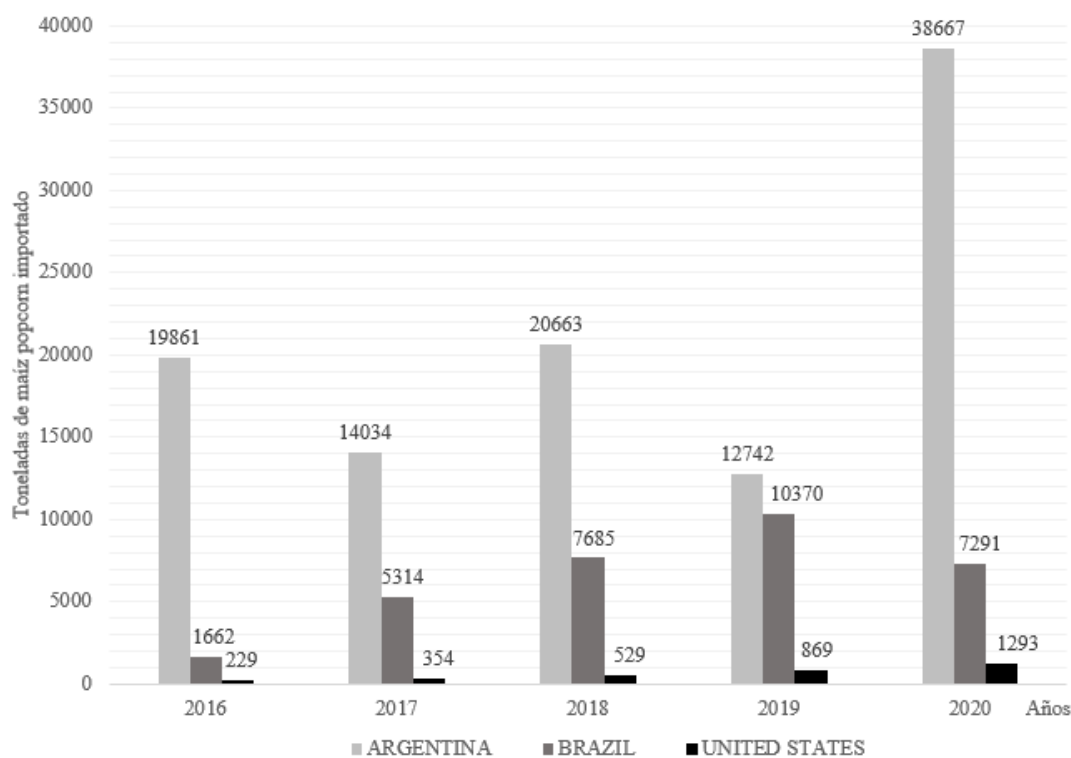
### 2.1 CONSUMO DE MAÍZ REVENTÓN

El maíz reventón (popcorn) es un tipo especial de maíz duro que fue seleccionado por los indios en las primeras civilizaciones occidentales. Los granos de maíz duro sometidos a altas temperaturas, ya sea en arena o en un recipiente calientes, revientan; las rosetas o palomitas son un bocadillo muy popular en todo el mundo. Hay variedades de maíz duro que han sido modificadas y mejoradas por un proceso de selección para obtener mayor expansión (Alexander 1988; Paliwal 2001). El consumo de maíz reventón en el Perú se ha incrementado notablemente, en especial en los últimos años, el ritmo de crecimiento fue de 5527.6 toneladas por año (Figura 1). Tres son los países desde donde el Perú importa maíz amarillo reventón, en orden descendente de volumen: Argentina, Brasil y Estados Unidos (Figura 2).



**Figura 1. Tendencia de la inportación de maíz reventón amarillo entre los años 2016 y 2020**

Fuente: SUNAT (2021)



**Figura 2. Importación de maíz reventón amarillo según país de origen**

Fuente: SUNAT (2021)

## 2.2 IMPORTANCIA DEL CONSUMO DEL MAÍZ MORADO

El maíz morado se caracteriza por la acumulación de pigmentos antociánicos en el pericarpio del grano y la coronta o marlo (Sevilla 1993). Las antocianinas, son flavonoides que son sintetizados por las plantas (Mosunova *et al.* 2020). Como metabolitos secundarios, no cumplen funciones esenciales en los vegetales (Kliebenstein *et al.* 2004), pero, participan en la respuesta frente a estreses bióticos y abióticos (Thakur *et al.* 2019); sin embargo, en el humano, la ingesta de antocianinas está relacionada con una baja incidencia de enfermedades crónicas como obesidad, infecciones, enfermedades neurológicas y cardiovasculares, cáncer, mejora la agudeza visual, actúa como agente antidiabético, control de lípidos y secreción de insulina, efectos vasoprotectores (Schulz y Chim 2019; Wang *et al.* 2021; Ochoa-Jiménez *et al.* 2019). Por ello, existe la tendencia en el consumidor de preferir los ingredientes novedosos, naturales y nutraceuticos, como los antioxidantes que se encuentran en muchos vegetales (Bilawal *et al.* 2021; Elder *et al.* 2019).

### **2.3 DIVERSIDAD DEL MAÍZ EN EL PERÚ**

En el Perú, la diversificación de las razas locales de maíz se inició hace 6700 (Grobman *et al.* 1961). Factores como diversas condiciones ecológicas, acumulación de mutantes, hibridación y selección, practicada por los antiguos productores de esta especie han permitido la formación de 52 razas de maíz (Salhuana 2004). En base al origen cronológico y procesos evolutivos del maíz en el Perú, se ha establecido seis grupos de razas: (1) Razas primitivas, (2) Razas derivadas de las primitivas, (3) Razas de reciente derivación, (4) Razas introducidas, (5) Razas incipientes y (6) Razas imperfectamente definidas. En el grupo (1) se encuentran las razas: Confite Morocho, Confite Puntigudo, Confite Puneño, Kculli y Enano (Grobman *et al.* 1961). Dos poblaciones de dos razas primitivas -Confite Puntigudo y Kculli-, se usaron en esta investigación.

#### **Confite Puntigudo**

Esta raza posee plantas bajas de 116 centímetros, la floración femenina ocurre a los 137 días en zonas altas, 115 días en zonas medias y 78 días a nivel del mar. Tiene en promedio 8.7 hojas por planta, sus mazorcas son medianas cilíndricas con 15.1 hileras por mazorca, tiene pocas brácteas que se abren a la madurez, sus granos son pequeños de tipo reventón con un extremo puntiagudo, alta frecuencia de pericarpio incoloro y coronta blanca mayormente, está raza se distribuye en toda la región andina del Perú, pero con mayor frecuencia en la parte Sur. El nombre Confite que significa palomita y Puntigudo que posee granos con el extremo en punta (Grobman *et al.* 1961).

#### **Kculli**

Posee plantas muy bajas de 92 cm de altura de planta, la floración femenina se presenta a los 137 días en zonas altas, tiene 9.5 hojas y granos siempre color púrpura oscuro. Las mazorcas son pequeñas y tienen 12 hileras, los cuales están irregularmente distribuidas. Los granos son largos de endospermo blanco, harinoso muy suave rara vez con aleurona púrpura. El pericarpio y la coronta presentan coloración morado oscuro. Se distribuye en la región andina centro-sur del Perú, especialmente en los departamentos de Junín, Huancavelica, Apurímac y Cusco, crece sin problemas entre 2300 y 3300 metros sobre el nivel del mar. El uso conocido generalizado del maíz Kculli es para colorear alimentos y preparar bebidas, especialmente la chicha –que

puede ser fermentadas o no- y la mazamorra morada. Kculli deriva del quechua qué significa negro (Grobman *et al.* 1961).

## 2.4 HERENCIA DE CARACTERES CUANTITATIVOS

La mayoría de los caracteres cuantitativos presentan variación continua porque son poligénicos, al estar bajo el control de muchos genes, principalmente de efectos aditivos (Nilsson-Ehle 1909; Klug *et al.* 2017; Zhang *et al.* 2018), así mismo, son multifactoriales y tienen alta influencia ambiental (Seidl *et al.* 2016).

### Herencia del color del grano en maíz

En el maíz, los colores del grano más comunes son amarillo, rojo, morado y blanco. Dos son las vías metabólicas responsables de estos colores, la de los carotenoides del color amarillo y la de la antocianina de los colores rojo y morado, el blanco se produce por falta de pigmentos en ambas vías. Para la síntesis de cada pigmento se requiere de la acción de numerosos genes (Holton y Cornish 1995; Selinger y Chandler 1999), tanto de los que son estructurales (que codifican enzimas) y de los reguladores (llamados activadores de la transcripción y que codifican proteínas responsables de la transcripción de genes estructurales). La activación de estos genes se regula en respuesta a la enorme diversidad de señales intrínsecas, ambientales (Chalker-Scott 1999) y diversos tipos de estreses que incluyen frío, calor, sal, sequía, heridas y deficiencia de nitrógeno y fósforo, lo que quizás indique que la síntesis de flavonoides es parte de una respuesta general al estrés en las plantas (Winkel-Shirley 2002), la temperatura juega un rol importante en la acumulación de la antocianina (Aguilar-Hernández *et al.* 2019). Los genes *Pr1*, *C1* y *R1* controlan la síntesis de antocianinas; sin embargo, se requieren otros genes que complementan esta vía metabólica que tiene múltiples pasos. El gen estructural *Pr1* codifica la proteína flavonoid 3'-hydroxylase, enzima responsable del color púrpura de la aleurona y el pericarpio (Žilić *et al.* 2012; Coe *et al.* 1988); el gen estructural *Y1* codifica la phytoene synthase, responsable del color amarillo que se acumula en el endospermo (Wurtzel *et al.* 2012; Coe *et al.* 1988). Los genes *C1* y *R1*, codifican activadores de la transcripción que regulan varios genes estructurales dentro de la vía de las antocianinas. Además de los genes *Pr1*, *C1* y *R1*, más de 20 genes, que comprenden genes estructurales y reguladores, deben estar presentes en al menos una dosis del alelo dominante para la síntesis de estos pigmentos, cuando el alelo recesivo *r1* o *c1* está presente como homocigoto recesivo, no se produce antocianina y el grano



es amarillo o blanco, según los genes presentes para la vía de los carotenoides (Coe *et al.* 1988). Cone (2007) identificó siete genes estructurales *c2*, *chi*, *pr1*, *fht1* (F3H), *a1*, *a2*, *bz1*, seis genes reguladores *c1*, *pl1*, *r1*, *b1*, *in1*, *pac1* y dos genes transportadores de pigmentos hacia las vacuolas, *bz2*, *ZmMrp4*. Las pelargonidinas predominan en los granos rojo-rosa y las antocianinas abundan en los granos de color púrpura oscuro (Peniche y Tiessen 2020) y se detectan a partir de los 21 días después de la floración femenina (DFF), con la máxima acumulación a los 29 DFF (Kim *et al.* 2020).

El modo de acción de estos genes es variable, por ejemplo, en los resultados de las siguientes autofecundaciones se observan proporciones distintas ***R1r1/Pr1Pr1/Y1Y1/C1C1*** 3/4 morados: 1/4 blanco (dominancia completa); ***R1r1/pr1pr1/y1y1/C1c1*** 9/16 rojos: 7/16 blancos (epistasia doble recesiva); ***R1r1/Pr1Pr1/Y1y1/C1C1*** 12/16 morados: 3/16 amarillo: 1/16 blanco (epistasia dominante simple), lo que evidencia la complejidad en el estudio y la mejora de esta característica (Ford, 2000). La variación en la intensidad de color en los granos morados parece ajustarse más a la expresión de un carácter cuantitativo (QTL) controlado por muchos genes, las herramientas moleculares modernas parecen confirmarlo (Chatham y Juvik 2021; Sa *et al.* 2020). Estas evidencias científicas indican que, en el maíz reventón, los atributos de valor tienen modo de herencia compleja, con mayor razón en maíces nativos poco conocidos.

### **Herencia del volumen de expansión del maíz reventón**

Los granos de buenos tipos de maíces reventones tienen un volumen de expansión de 30 a 40 veces su tamaño original (Rooney y Serna Saldívar 1987), a mayor volumen mejora la textura y la suavidad de las palomitas de maíz (Miranda *et al.* 2008); sin embargo, está condicionada por factores genéticos y ambientales (Bengosi *et al.* 2015). Para que haya una expansión óptima la temperatura de cocción debe ser de alrededor de 177°C (Watson 1988). A esta temperatura, el agua en el endospermo del grano pasa al estado de vapor, el cual proporciona la presión necesaria para hinchar el grano y reventar. El contenido de humedad es importante para obtener una buena expansión, lo que da lugar a que el envase y el almacenamiento de estos maíces requiera condiciones especiales y por ende mayores costos.

En el maíz reventón, el volumen de expansión (VE) es el principal carácter, pero el modo de herencia y el número de genes que controlan su expresión no están del todo dilucidados. Lu *et al.* (2003) mencionan que el VE está controlado por pocos genes, entre 3 a 5; sin embargo, 4

loci de caracteres cuantitativos han sido implicados (Babu *et al.* 2006). Dofing *et al.* (1991), señalan que los efectos genéticos dominantes son los más importantes; Da Silva *et al.* (2010) y Crumbaker *et al.* (1949) encontraron un predominio de dominancia parcial y aclaran que el volumen de expansión bajo, es parcialmente dominante sobre el volumen de expansión alto, que es recesivo (Bengosi *et al.* 2015); sin embargo, para la mayoría de autores, los genes con efectos genéticos aditivos son los responsables de su herencia (Pereira y Amaral Júnior 2001; Arnhold *et al.* 2010; Coan *et al.* 2019) y añaden que los efectos genéticos aditivos como dominantes son los más importantes. Ziegler (2001) menciona que son 4 o 5 genes de efectos mayores y muchos genes de efectos menores los que controlan la herencia de esta característica, lo que significa que el modo de herencia es del tipo cuantitativo. Los valores de heredabilidad también son variables, 0.73 para Lu *et al.* (2003), entre 0.62 y 0.96 para Ziegler (2001) y 0.34 para Rodvalho *et al.* (2014). En el maíz reventón, el rendimiento de grano (RG), que es un atributo cuantitativo controlado por muchos genes, no es una característica principal, desde que, si un genotipo tiene una mala expansión o mal sabor, no será importante así tenga alto rendimiento (Ziegler 2001).

### **Herencia del rendimiento de grano**

Los genes responsables del RG actúan de manera sobredominante (Da Silva *et al.* 2010; Pereira y Amaral Júnior 2001). Ramírez *et al.* (2020) evaluaron 42 accesiones de libre polinización, ocho variedades élites y un testigo comercial, para condiciones del municipio de Texcoco, Estado de México, el rendimiento promedio fue de 3.38 t/ha, el volumen de expansión (VE) de 2.73 cm<sup>3</sup>/g y 32.4 por ciento de granos expandidos (PGE); el testigo comercial obtuvo 19.33 cm<sup>3</sup>/g para VE y 72.5 por ciento para PGE (Ramírez *et al.* 2020). Para condiciones de Turquía, el VE de 12 genotipos comerciales de maíz reventón varió entre 18.50 cm<sup>3</sup>/g y 35.25 cm<sup>3</sup>/g (Soylu y Tekkanat 2007). La heredabilidad para el rendimiento de grano fue  $h^2 = 0.4$  (Rodvalho *et al.* 2014).

## **2.5 OBTENCIÓN DE LÍNEAS ENDOGÁMICAS**

Las líneas endogámicas de maíz son poblaciones artificiales con plantas homocigóticas idénticas o casi idénticas, siendo el método clásico de generación de líneas mediante la autopolinización. Las líneas endogámicas en maíz se pueden originar por: a) producto de cruzar endogámicamente plantas heterocigotas provenientes de poblaciones de polinización libre hasta

que se alcance la homocigosidad, o b) producto de cruzar endogámicamente poblaciones segregantes después de un cruzamiento entre dos líneas endogámicas. Al producir líneas endogámicas de maíz, todo el proceso de la autopolinización se mantiene bajo control (Russell y Hallauer 1980).

## **2.6 MAÍZ HÍBRIDO**

Un híbrido representa la primera generación (F<sub>1</sub>) de un cruzamiento entre dos genotipos diferentes. Como los híbridos de progenitores endocriados son los más comunes, se los conoce como híbridos convencionales; los híbridos hechos con progenitores no endocriados o mixtos no son tan populares por lo que se les llama híbridos no convencionales (Paliwal 1987; Vasal 1992).

Los tipos de híbridos de maíz han evolucionado a través de los años. En los países desarrollados la mayoría del área dedicado al maíz es sembrado con híbridos simples, mientras que una amplia variedad de tipos de híbridos desde convencionales hasta los no convencionales es sembrada en diferentes países subdesarrollados. A medida que las mejores líneas endocriadas son desarrolladas, la tendencia será producir híbridos de maíz convencionales como los híbridos dobles, triples y simples, en todas ellas, los progenitores son líneas endocriadas con diferentes grados de homocigosis (Vasal *et al.* 1996).

Debido a que el maíz es de polinización cruzada natural, las líneas endogámicas –que se obtienen por autofecundación artificial– generalmente son más pequeñas, poco vigorosas y de menor rendimiento de grano, en comparación con las plantas de maíz de libre polinización, esto se debe a la pérdida de vigor producto del fenómeno denominado “depresión endogámica”; sin embargo, cuando dos líneas endogámicas se cruzan para formar un híbrido, la semilla que se obtiene produce plantas muy vigorosas, cuyo rendimiento supera ampliamente al de los progenitores, este fenómeno se conoce como “vigor híbrido” o “heterosis”, valor que es muy apreciado por los agricultores (MacRobert *et al.* 2014).

### **Heterosis o vigor híbrido**

Percibido por Charles Darwin en muchas especies vegetales y redescubierto por East (1908) y Shull (1909) en el maíz, la heterosis o vigor híbrido es uno de los fenómenos más utilizados, no

solo en la agricultura sino también en la crianza de animales (Baranwal *et al.* 2012). La heterosis o vigor híbrido que se manifiesta en los híbridos, representa la superioridad en tamaño, biomasa y fertilidad, que caracteriza a la progenie del cruce entre padres de genotipos diferentes (Shull 1952; Wallace y Brown 1956; Hayes 1963). La base genética de la heterosis ha sido debatida durante casi cien años sin un consenso emergente (Duvick 1999; Birchler 2003; Crow 1948). Para explicar el fenómeno de heterosis se han formulado varias hipótesis: 1) la hipótesis de la dominancia explica la heterosis por la acción conjunta de múltiples loci con el alelo favorable siendo parcial o completamente dominante (Bruce 1910; Keeble *et al.* 1910; Jones 1917; Collins 1921); 2) en la hipótesis de sobredominancia, los alelos homocigóticos dominantes en un locus son diferentes a los alelos también dominantes en el mismo locus del otro progenitor, de manera que cuando los dos dominantes se juntan en el híbrido F<sub>1</sub>, ambos alelos puede interactuar para generar un fenotipo superior en comparación con las líneas homocigotas (Duvick 1999; Birchler 2003; Crow 1948); 3) la hipótesis de epistásis, atribuye la heterosis a las interacciones epistáticas entre genes no alélicos (Richey 1942; Schnell y Cockerham 1992); 4) en la hipótesis de pseudo-sobredominancia, el fenotipo superior en el híbrido F<sub>1</sub> puede atribuirse a una pequeña región cromosómica, que contiene dos o más loci diferentes que están ligados en fase de repulsión. La presencia de alelos superiores en el híbrido conduce a un mejor fenotipo debido a la complementación, dando la impresión de sobredominancia (Duvick 1999; Birchler 2003; Crow 1948).

### **Híbridos mejorados de maíz reventón**

Diversas experiencias sugieren que el desarrollo de variedades mejoradas de maíz reventón, sean híbridos o variedades de libre polinización, vía la mejora genética vegetal tuvo y tiene resultados muy prometedores, similares a los logrados con los maíces amarillos duros. En São Paulo, Brasil, entre los años 2003 y 2004 se evaluaron cinco híbridos, los cuales obtuvieron VE entre 25.8 y 31.8 ml/g y sus RG variaron entre 1.1 y 3.9 t/ha (Leonello *et al.* 2009). En 28 híbridos producto de cruzamientos dialélicos entre 8 líneas, hubo correlación positiva y significativas entre la divergencia genética detectada por los marcadores RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) y peso de grano, altura de planta, altura de mazorca y prolificidad, sin embargo, para capacidad de expansión, floración y porcentaje de heterosis, no se detectó correlación significativa con la divergencia genética. El RG estuvo entre 1.8 y 3.3 t/ha, y el VE entre 18.4 y 25.7 ml/g (Rinaldi *et al.* 2007). En Maringá, Brasil, se realizó una evaluación comparativa de 85 nuevos híbridos simples de maíz reventón. El RG varió entre 2.4

y 5.8 t/ha, y el VE osciló entre 8.1 y 29.3 ml/g (Júnior & Lidércio 2014). Entre los años 2009 y 2010 en la región de Guamá, noreste del estado de Pará, Brasil, 29 híbridos y 25 poblaciones experimentales fueron evaluados. Los híbridos rindieron entre 1.1 y 2.2 t/ha y el VE estuvo entre 25.7 y 31.4 ml/g, mientras que el RG de las poblaciones estuvieron entre 0.9 y 1.6 t/ha y el VE entre 26.2 y 32.3 ml/g (De Sousa *et al.* 2016). En el Norte del Estado de Río de Janeiro se evaluaron dos híbridos en tres densidades de siembra. Los híbridos rindieron 3.5 y 3.3 t/ha y el VE fue de 28.76 y 25.26 ml/g (Vitorazzi *et al.* 2017). En Florianópolis, Anchieta y Santa Catarina, Brasil, se probaron 15 variedades locales de maíz reventón, el RG varió de 0.5 a 2.9 t/ha y VE de 18.8 a 38.6 ml/g (Gongalves *et al.* 2019). Castro *et al.* (2022), evaluaron 45 híbridos y tres cultivares comerciales de maíz reventón en seis ambientes de Paraná y Mato Grosso, Brasil, entre los años 2016 y 2017. Los RG de los híbridos variaron entre 2.3 y 3.9, 0.8 y 2.6, 2.2 y 3.3 t/ha y el VE varió de 31 y 38, 30 y 38 y de 19 a 30 ml/g, así mismo, observaron correlaciones negativas entre RG y VE, también observaron que los ambientes favorables para RG no siempre fueron favorables para VE (Castro *et al.* 2022). En Buenos Aires, Argentina, el híbrido Basso 5802 fue evaluado en dos regímenes de humedad. El RG con riego fue de 8.1 t/ha y en seco fue 4.5 t/ha; los rendimientos de las siembras hechos en setiembre, octubre, noviembre y diciembre fueron 6.3, 5.9, 4.0 y 8.8 t/ha, respectivamente. En cuanto al VE, con riego alcanzó 43.5 ml/g y en seco fue 43.6 ml/g; el VE para las épocas de siembra de setiembre, octubre, noviembre y diciembre fueron 44.7, 44.9, 43.0 y 41.5 ml/g, respectivamente. Así mismo, se detectó una asociación negativa entre VE y RG por encima de los 4.0 t/ha (Gómez 2018). El maíz Pisingallo en La Paz, Bolivia rindió 1.1 t/ha de RG (Vargas y Quezada 2021). En Sudáfrica se evaluaron 119 híbridos simples experimentales más un testigo local, el VE varió de 14.7 a 25.8 ml/g, 15 híbridos superaron al testigo, quien tuvo un VE de 23.1 ml/g (Jele *et al.* 2014). Pop-1 es la primera variedad de maíz reventón de polinización abierta desarrollado en Pakistán, cuyo rendimiento de grano fue de 5.6 t/ha, en comparación al rendimiento de la variedad local Swat Popcorn que rindió 2.1 t/ha (Akbar *et al.* 2020).

## **2.7 INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE**

La alta variabilidad en las condiciones no controladas por el productor presenta el mayor riesgo para los agricultores de invertir en mejores prácticas de manejo en el cultivo de maíz. La optimización del genotipo para un determinado ambiente, así como el manejo óptimo del maíz, podrían disminuir los riesgos asociados con la productividad. El efecto de interacción genotipo

× ambiente (GE) es uno de los mayores desafíos en la identificación de cultivares con desempeño estable a través de ambientes y años. Khaldun *et al.* (2010), utilizando 11 genotipos híbridos en cuatro localidades de Bangladesh, evidenciaron que todos los genotipos mostraron diferentes respuestas de adaptabilidad en diferentes condiciones ambientales. Burak y Broccoli (2004), evaluaron catorce híbridos comerciales de maíz reventón en tres localidades durante dos años en la provincia de Buenos Aires, Argentina. La interacción genotipo x ambiente reveló ambientes favorables al rendimiento, pero simultáneamente desfavorables a la capacidad de expansión, así como genotipos estables para una de estas variables, pero inestables para la otra. Sin embargo, algunos ambientes y genotipos fueron simultáneamente favorables para ambos. Solo se encontró correlación negativa débil entre el rendimiento de grano y la capacidad de expansión, lo que sugiere que esta relación puede no ser muy fuerte en estos híbridos modernos. Silva *et al.* (2013), analizaron el comportamiento de 16 genotipos de maíz reventón: tres poblaciones provenientes de tres ciclos de selección (ciclos C3, C4 y C5), cinco híbridos simples, cinco variedades y tres híbridos comerciales, los cuales fueron evaluados en cinco ambientes del Brasil, norte y noroeste del estado de Río de Janeiro. Encontraron que la interacción genotipo x ambiente para el rendimiento de grano fue significativo, revelando así que el comportamiento del cultivar varía según el ambiente. Seyoum *et al.* (2019), evaluaron 10 genotipos de maíz (cinco de madurez temprana y cinco de madurez media), en cinco densidades de siembra (2, 5, 6, 7 y 9 plantas/m<sup>2</sup>) en siete ambientes en Etiopía. Sus resultados revelaron que, combinar el genotipo y la densidad apropiada es más efectivo que depender de la elección de genotipos solamente. Las densidades óptimas de plantas identificadas en este estudio son más altas que las densidades de plantas utilizadas actualmente por los agricultores. Esto indica que la necesidad de optimizar el manejo del cultivo, utilizando genotipos versátiles para aprovechar la variabilidad del clima y el uso de insumos de cada zona de cultivo, son los más importantes en la producción del maíz. Simon *et al.* (2020), evaluaron veintinueve genotipos, en Rio Verde y en Maringá y encontraron diferencias significativas entre los genotipos para todas las características evaluadas. La interacción genotipo-ambiente solo fue significativa para el diámetro medio de la mazorca, la prolificidad y el rendimiento de la mazorca, lo que indica el comportamiento diferenciado entre los genotipos en respuesta a las variaciones ambientales.

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

#### 3.1 UBICACIÓN DE LOS EXPERIMENTOS

El trabajo de investigación se llevó a cabo en tres fases. En la fase 1 (de febrero del 2019 a setiembre del 2020) se evaluaron 256 líneas S<sub>1</sub> en tres ambientes, en la fase 2 (de noviembre del 2020 a abril del 2021) se formaron los híbridos simples y en la fase 3 (de junio del 2021 a junio del 2022) se evaluaron 109 híbridos simples de maíz morado reventón.

Las características de los ambientes de evaluación fueron: La Molina-3

**Huánuco-2.** Parcela de la Universidad Nacional Hermilio Valdizán, Latitud: 09°55'15", Longitud: 76°18'35" y altitud de 1986 msnm.

**La Molina-1.** Parcela de la Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Latitud: 12°04'55", Longitud: 76°56'53" y altitud de 241 msnm, con dosis de fertilización de: 150-0-0 kg/ha de N-P-K.

**La Molina-3.** Parcela de la Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Latitud: 12°04'55", Longitud: 76°56'53" y altitud de 241 msnm, con dosis de fertilización de: 150-100-100 kg/ha de N-P-K.

La formación de los híbridos simples y su posterior evaluación, fueron realizados en La Molina, en el campo de la UNALM.

#### 3.2 INSUMOS Y EQUIPOS

- Semillas de 256 líneas S<sub>1</sub> de maíz morado reventón (Fase 1)
- Semillas de 121 genotipos de maíz reventón (Fase 3)
- Lápiz 2B
- Cordeles de siembra marcados
- 1800 costalillos
- 1800 bolsas de papel Kraft N°13
- Fertilizante compuesto (N-P-K)

- Insecticidas para el control de plagas
- Engrapadora y grapas
- Libreta de campo
- Cámara fotográfica
- Contados de granos
- Balanza
- Mochila para aplicación de insecticidas
- Plumón marcador permanente

### 3.3 MATERIAL GENÉTICO EXPERIMENTAL

En la fase 1, el material genético estuvo conformado por 256 líneas S<sub>1</sub>, pertenecientes a la primera generación de autofecundación, cuyo origen fue el siguiente: dos poblaciones nativas peruanas altamente heterocigotos pertenecientes a las razas Kculli y Confite, una con granos de pericarpio negro y no reventón (A, raza Kculli) se cruzó con otra de pericarpio incoloro y grano reventón (B, raza Confite), en la siguiente campaña, las semillas híbridas no convencionales (AxB) fueron sembradas, de los cuales, 1200 plantas fueron autofecundadas, en la cosecha, por defectos de la mazorca –pudrición o mal llenado– se eliminaron 400 mazorcas, finalmente, las 256 mejores mazorcas de grano negro fueron conservadas para los ensayos. Al final de los 3 ensayos, se seleccionaron 80 líneas. En la fase 2, estas 80 líneas selectas fueron cruzadas con un probador reventón de granos amarillos para obtener 109 híbridos simples, que se evaluaron en la fase 3, junto a 12 testigos –poblaciones de libre polinización– derivados de grano comercial de maíz reventón introducido.

### 3.4 CARACTERÍSTICAS DE LA PARCELA EXPERIMENTAL

La descripción de la parcela experimental, tanto para los experimentos de la fase 1 como de la fase 3, fue la siguiente:

**Características de una parcela experimental:**

Distancia entre surcos (cm)	= 80
Distancia entre golpes (cm)	= 35
Longitud de surco (m)	= 1.75
Nº de golpes/surco	= 6
Nº de surcos/parcela	= 1



Semillas por golpe	= 2
Plantas/golpe	= 2
Área de parcela (m <sup>2</sup> )	= 1.4
Densidad (plantas/ha)	= 71428

### 3.5 DISEÑO EXPERIMENTAL

Los 3 experimentos de la fase 1 se instalaron bajo el Diseño de Látice Simple 16x16 con 256 líneas S<sub>1</sub> y el experimento de la fase 3 bajo el Diseño de Látice Simple 11x11 con 121 genotipos.

#### Modelo aditivo lineal

El modelo aditivo lineal para el análisis de variancia de cada ambiente de la fase 1 fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + R_k + G_i + BI_{j(k)} + \varepsilon_{ijk}$$

$Y_{ijk}$  = observación correspondiente a la unidad experimental en la que se sembró la línea S<sub>1</sub>  $i$  en el bloque incompleto  $j$  y repetición completa  $k$ .

$\mu$  = media general.

$R_k$  = efecto de la repetición completa  $k$ .

$G_i$  = efecto de la línea S<sub>1</sub>  $i$ .

$BI_{j(k)}$  = efecto del bloque incompleto  $j$  en la repetición completa  $k$ .

$\varepsilon_{ijk}$  = efecto aleatorio o error asociado a la observación  $Y_{ijk}$ .

Para:

$i = 1, 2, 3, \dots, 256$  líneas S<sub>1</sub> de maíz morado reventón.

$j = 1, 2, 3, \dots, 16$  bloques incompletos por cada repetición completa.

$k = 1$  y  $2$  repeticiones completas.

El modelo aditivo lineal para el análisis de variancia combinado fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + R_{j(k)} + A_k + G_i + (GA)_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

$Y_{ijk}$  = observación correspondiente a la unidad experimental en la que se sembró la línea S<sub>1</sub>  $i$  en la repetición completa  $j$  en el ambiente  $k$ .

$\mu$  = media general.

$R_{j(k)}$  = efecto de la repetición completa  $j$  en el ambiente  $k$ .

$A_i$  = efecto del ambiente  $k$ .

$G_i$  = efecto de la línea  $S_1 i$ .

$GA_{ik}$  = efecto de la interacción de la línea  $S_1 i$  con el ambiente  $k$ .

$\varepsilon_{ijk}$  = efecto aleatorio o error asociado a la observación  $Y_{ijk}$ .

Para:

$i = 1, 2, 3, \dots, 256$  líneas  $S_1$  de maíz morado reventón.

$j = 1$  y  $2$  bloques completos.

$k = 1, 2, 3$  y  $4$  ambientes.

El modelo aditivo lineal para el análisis de variancia del experimento de la fase 3 fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + R_k + G_i + BI_{j(k)} + \varepsilon_{ijk}$$

$Y_{ijk}$  = observación correspondiente a la unidad experimental en la que se sembró el genotipo  $i$  en el bloque incompleto  $j$  y repetición completa  $k$ .

$\mu$  = media general.

$R_k$  = efecto de la repetición completa  $k$ .

$G_i$  = efecto del genotipo  $i$ .

$BI_{j(k)}$  = efecto del bloque incompleto  $j$  en la repetición completa  $k$ .

$\varepsilon_{ilk}$  = efecto aleatorio o error asociado a la observación  $Y_{ijk}$ .

Para:

$i = 1, 2, 3, \dots, 121$  genotipos de maíz reventón.

$j = 1, 2, 3, \dots, 11$  bloques incompletos por cada repetición completa.

$k = 1$  y  $2$  repeticiones completas.

## Análisis de variancia

En la Tabla 1 se muestra el esquema del análisis de variancia de los experimentos de las tres fases.

**Tabla 1. Esquema de los análisis de variancia según fase de investigación**

Análisis de variancia individual (fase 1)		Análisis de variancia combinado (fase 1)		Análisis de variancia individual (fase 3)	
Fuente de variación	GL	Fuente de variación	GL	Fuente de variación	GL
Repetición	1	Localidad	2	Repetición	1
Genotipo	255	Rep(Localidad)	3	Genotipo	120
BI(Repetición)	30	Genotipo	255	BI(Repetición)	20
Error	225	Loc* Genotipo	510	Error	100
		Error	765		

### 3.6 INSTALACIÓN Y MANEJO DEL EXPERIMENTO

La conducción de los experimentos de la fase 1 y 3 se realizaron de la siguiente manera: La siembra fue manual y se depositaron dos semillas por golpe, no se realizó el aporque. La fertilización fue fraccionada en dos partes: a los 10 dds se aplicó toda la fuente de P-K y la mitad del N, y la otra mitad del N a los 40 dds (6 hojas), la dosis N-P-K fue 160-80-80 kg/ha. El control de malezas se realizó de forma manual y una sola aplicación de Nicosulfuron; para el control de plagas se aplicó insecticidas.

### 3.7 CARACTERÍSTICAS EVALUADAS EN EXPERIMENTOS DE LAS FASES 1 Y 3

#### Antes de la cosecha

- **Días a la floración masculina (DFM):** se registró la fecha en la que más del 50 por ciento de las plantas tuvieron sus panojas con dehiscencia de polen.
- **Altura de planta (AP):** se midió en 6 plantas tomadas al azar por parcela, desde la base del tallo hasta la base de la panoja.
- **Número de plantas:** se contó el número total de plantas presentes en cada parcela un día antes de la cosecha.
- **Número de fallas:** el número de fallas por parcela está relacionada al número de golpes fallados. Considerando 2 plantas/golpe (0 fallas), 1 planta/golpe (0.5 fallas) y 0

plantas/golpe (1 falla). Con el número de fallas totales por parcela se halla el factor de corrección (f), magnitud que multiplicado por el peso registrado en el campo da como resultado el peso corregido por fallas.

### Después de la cosecha

- **Peso de campo (PC):** se pesaron todas las mazorcas cosechadas por parcela.
- **Pigmentación del pericarpio (PP):** en cada tratamiento (líneas S<sub>1</sub> o genotipo) se contó el número de mazorcas con granos completamente negros y se registró en porcentaje.
- **Peso de grano (PG):** se desgranó todas las mazorcas provenientes de cada parcela y luego se pesaron los granos.
- **Humedad de grano (HG):** después de haber desgranado, se tomó 100 g de granos para determinar la humedad de la misma.
- **Rendimiento de grano (RG):** con el fin de determinar los rendimientos de cada tratamiento en kilos por hectárea, se multiplicó el rendimiento promedio de cada parcela por el porcentaje de desgrane y por 0.971 considerado como coeficiente de contorno. Según la siguiente fórmula:

$$RG = PC * 0.971 * \%D * Fh * Ff * \frac{10000}{A}$$

Dónde:

- RG = Rendimiento de grano (kg/ha)
- PC = Peso total de mazorca cosechada en la parcela
- 0.971 = Factor de contorno
- % D = Porcentaje de desgrane (peso de grano PG / PC \* 100)
- A = Área de la parcela (m<sup>2</sup>)
- Fh = Factor de corrección por humedad

$$Fh = \frac{100 - \% \text{ humedad (H)}}{100 - 14}$$

- Ff = Factor de corrección por fallas

$$Ff = \frac{22 - 0,3 * F}{22 - F}$$

- **Volumen de expansión (VE):** La expansión se llevó a cabo siguiendo la metodología de Pordesimo *et al.* (1990), con modificaciones. Treinta gramos de grano (peso inicial) fueron

colocados en un sobre de papel kraft N° 10 para la cocción. Al final del período de reventado, se midió el volumen de los mismos en la probeta de 500 ml y se calculó el volumen de expansión de acuerdo a la fórmula:  $VE = (\text{volumen de granos reventados} / \text{peso inicial})$ . El método de expansión se ajustó a lo propuesto por Paraginski *et al.* (2016), la expansión se realizó en un horno microondas (Daewoo, 1000 W, modelo: KOR-32FCB), el tiempo de cocción varió entre 2 y 4 minutos, la expansión se interrumpió cuando hubo un intervalo de tiempo de 5 s entre la expansión de un grano y el siguiente. Los granos de todos los genotipos fueron secados hasta que el contenido de humedad alcance el 12 por ciento.

- **Porcentaje de granos expandidos (PGE):** Se obtuvo con la siguiente fórmula:  $GE = [(\text{total de granos expandidos}) / (\text{total de granos tostados})] * 100$
- **Volumen de la roseta (VR):**  $VR = (\text{Volumen de granos reventados}) / (\text{Número de granos reventados})$ .
- **Índice de estabilidad de múltiples caracteres MTSI**

Para estimar el índice de estabilidad de múltiples caracteres (MTSI) según Olivoto *et al.* 2019 y Olivoto *et al.* 2021, se utilizó la siguiente ecuación:

$$MTSI = \left[ \sum_{j=1}^f (F_{ij} - F_j) \right]^{1/2}$$

Donde MTSI es el índice de estabilidad de múltiples caracteres para el i-ésimo genotipo,  $F_{ij}$  es la j-ésima puntuación del i-ésimo genotipo y  $F_j$  es la j-ésima puntuación del ideotipo. El genotipo con el MTSI más bajo es, por tanto, más cercano al ideotipo, por lo tanto, tiene alto rendimiento medio y estabilidad para todas las variables estudiadas.

### **3.8 ANÁLISIS DE DATOS**

Se realizó utilizando el software estadístico R versión 4.0.4 (2021-02-15) de la R Foundation for Statistical Computing, y los paquetes agricolae versión 1.3-3 (Felipe de Mendiburu 2020), ggplot2 versión 3.3.3. (Wickham 2016) y performanceAnalytics versión 2.0.4 (Peterson *et al.* 2018). El análisis de estabilidad de los datos de los tres ensayos de la fase 1 se realizó utilizando los índices MTSI y WAASB del paquete metan versión 1.16.0 (Olivoto y Lúcio 2020).

### **3.9 RESUMEN METODOLÓGICO**

Se cruzaron dos poblaciones de las razas Kculli y Confite, en la progenie  $F_1$  ( $S_0$ ) de esta cruce se autofecundaron 1200 plantas, cuyas mazorcas, luego de descartar por mal llenado, pudrición, ausencia de pigmento morado y bajo volumen de expansión, dieron origen a 256 líneas  $S_1$  que se evaluaron en tres ambientes. Al final de esta etapa se analizó el modo de herencia de VE y PP que sirvió para identificar 80 líneas  $S_1$ . Estas líneas fueron cruzadas con un probador reventón de granos amarillos y se obtuvieron 109 HS que se evaluaron en La Molina, donde se determinó el VE, PP y RG, resultados que permitieron identificar 11 HS promisorios.

## IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### FASE 1: EVALUACIÓN DE 256 LÍNEAS S<sub>1</sub> DE MAÍZ MORADO REVENTÓN, SELECCIÓN DE LAS SOBRESALIENTES Y EVALUACIÓN DE SU ESTABILIDAD.

#### 4.1 ANÁLISIS DE VARIANZA DE LAS CARACTERÍSTICAS ESTUDIADAS EN LAS LÍNEAS

Según la prueba de Box, las varianzas de los errores son homogéneas si el cociente entre el cuadrado medio del error mayor y el cuadrado medio del error menor es inferior a cuatro. Al respecto, todos los resultados tuvieron valores menores a cuatro, excepto rendimiento de grano que tuvo 4.6, por lo que se concluye que siendo las variancias homogéneas es apropiado realizar el análisis de varianza combinado para todas las características.

**Tabla 2. Cuadrados medios del ANOVA combinado para siete caracteres en 256 genotipos de maíz morado reventón evaluados en tres localidades**

F. de variación	GL	CUADRADOS MEDIOS						
		VE	PP	RG	PGE	VR	AP	DFM
Localidad	2	135.4**	16786.7**	427.7**	2961.3**	0.8**	78.2**	17827.9**
Rep(Localidad)	3	0.9	14.4	0.1	10.8	0	1	276.2
Genotipo	255	7.7**	1381.3**	2.8**	711.8**	0.8**	0.1**	67.5**
Genotipo*Loc	510	2.8**	481.5**	1.7**	184.3**	0.5**	0.1**	23.0**
Error	765	0.2	9.4	0.1	19.9	0	0	15.9
Promedio		3	62.8	2.3	20	1.4	1.5	99.4
C. V. (%)		16.2	4.9	12.7	22.3	12.5	11.6	4

\*\*=Significación al 1 por ciento de probabilidad. DFM= días a floración masculina, AP= altura de planta (m), PP= pigmentación del pericarpio (%), RG= rendimiento de grano (t/ha), PGE= porcentaje de granos expandidos (%), VR= volumen de la roseta (ml/grano) y VE= volumen de expansión (ml/g)

Según la prueba de F, existen diferencias estadísticas altamente significativas entre localidades, genotipos (líneas S<sub>1</sub> de maíz morado reventón) e interacción genotipo\*localidad (Tabla 2). Del mismo modo, el efecto de los genotipos en promedio de localidades también fue distinto. El orden de mérito de los genotipos no es la misma en las tres localidades evaluadas, este comportamiento queda evidenciado en la interacción genotipo\*localidad que resultó altamente significativa, por lo que se realizó el ANOVA individual, es decir, por cada localidad.

**Tabla 3. Comparación de medias entre localidades en promedio de 256 genotipos**

Localidad	DFM	AP	PP	RG	PGE	VR	VE
La Molina-1	103.5 a	1.6 b	68.0 a	2.4 b	20.2 b	1.4 b	2.8 b
La Molina-3	102.1 b	1.8 a	63.8 b	3.1 a	22.4 a	1.5 a	3.5 a
Huánuco-2	92.6 c	1.1 c	56.6 c	1.3 c	17.6 c	1.4 b	2.5 c

DFM= días a floración masculina, AP= altura de planta (m), PP= pigmentación del pericarpio (%), RG= rendimiento de grano (t/ha), PGE= porcentaje de granos expandidos (%), VR= volumen de la roseta (ml/grano) y VE= volumen de expansión (ml/g). Misma letra al lado derecho de la variable respuesta, no difieren entre sí, Tukey 5 por ciento

Las tres localidades influenciaron de manera diferente para las siete variables (Tabla 3). En general en la localidad Huánuco-2, tuvieron los valores más bajos, esta respuesta posiblemente se relacione con el clima y el tipo de suelo. En cuanto al porcentaje de mazorcas con granos pigmentados (PP), La Molina-1 superó a La Molina-3 y éste a Huánuco-2, aparentemente la capacidad de pigmentación depende del ambiente de producción de los genotipos. Las respuestas del RG y VE fueron similares, es decir, el RG más bajo provino de Huánuco-2 al igual que VE, que también fue el más bajo, del mismo modo para RG el mayor valor se registró para La Molina-3 localidad en la que también fue superior para VE, estos resultados concuerdan con Burak y Broccoli (2004) y Scapim *et al.* (2010).

**Tabla 4. Cuadrados medios del ANOVA individual para días a floración masculina de 256 genotipos de maíz morado reventón**

F. de variación	GL	CUADRADOS MEDIOS		
		Huánuco-2	La Molina-1	La Molina-3
Repetición	1	21.9	741.1	65.4
Genotipo	255	38.7**	41.0**	33.9**
BI(Repetición)	30	22.4	19.2	9.3
Error	225	22.6	15.8	8.9
Promedio		92.6	103.5	102.1
C. V. (%)		5.1	3.8	2.9

\*\*=Significación al 1 por ciento de probabilidad

Existió diferencias estadísticas entre genotipos en las tres localidades (Tabla 4). Las plantas más precoces se registraron en Huánuco-2 (92.6 dds), mientras que en La Molina-1 y La Molina-3 tuvieron valores similares.



**Tabla 5. Comparación de medias de días a floración masculina para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón**

Número de orden	Huánuco-2			La Molina-1			La Molina-3		
	Genotipo	DFM	Sig.	Genotipo	DFM	Sig.	Genotipo	DFM	Sig.
1	50	108.49	a	8	120.81	A	13	114.05	a
2	210	106.01	ab	27	119.18	Ab	123	113.99	a
3	146	105.50	abc	239	117.00	Abc	20	113.44	ab
4	237	105.00	abcd	73	115.94	Abcd	26	113.06	abc
5	24	104.52	abcde	123	115.64	Abcd	32	112.05	abcde
6	227	104.49	abcde	26	115.46	Abcde	8	112.02	abcde
7	32	103.01	abcdef	17	115.11	Abcdef	79	111.98	abcd
8	242	102.99	abcdef	12	114.95	Abcdefg	17	111.93	abcd
9	122	102.02	abcdefg	22	113.62	Abcdefgh	180	110.42	abcde
10	161	100.50	abcdefgh	79	111.59	Bcdefghi	239	110.05	abcde
•	•	•	•	•	•	•	•	•	•
247	151	85.99	rst	213	96.44	TUVWXYZ	44	95.05	BC
248	236	83.01	stu	243	96.43	TUVWXYZ	145	95.02	C
249	186	83.01	stu	148	96.13	UVWXYZ	25	95.00	C
250	149	83.01	stu	44	96.11	UVWXYZ	41	95.00	C
251	52	82.99	stu	56	95.98	VWXYZ	124	95.00	C
252	75	82.98	stu	170	95.97	VWXYZ	78	94.98	C
253	254	82.98	stu	236	95.12	WXYZ	208	94.98	C
254	3	78.99	tu	247	95.00	XYZ	61	94.97	C
255	125	75.01	u	61	94.87	YZ	53	94.95	C
256	124	75.00	u	250	94.64	Z	70	94.92	C

DFM= días a floración masculina. Misma letra en columna sig, no difieren entre sí, Tukey 5 por ciento

La prueba de comparación de medias para días a floración masculina (DFM) muestra que este carácter presentó amplia variación. En Huánuco-2 se presentó desde los 75 hasta los 108.49 dds, en La Molina-1 de 94.64 a 120.81 dds y en La Molina-3 de 94.92 a 114.05 dds (Tabla 5).

**Tabla 6. Cuadrados medios del ANOVA individual para altura de planta de 256 genotipos de maíz morado reventón**

F. de variación	GL	CUADRADOS MEDIOS		
		Huánuco-2	La Molina-1	La Molina-3
Repetición	1	0.47	2.28	0.28
Genotipo	255	0.06**	0.08**	0.09**
BI(Repetición)	30	0.04	0.05	0.02
Error	225	0.03	0.03	0.02
Promedio		1.1	1.6	1.8
C. V. (%)		17.6	11.1	8.2

\*\*=Significación al 1 por ciento de probabilidad

El ANOVA individual para altura de planta evidenció la existencia de diferencias estadísticas altamente significativas entre genotipos y el promedio entre las zonas fue superior en La Molina comparado con Huánuco (Tabla 6), probablemente la menor altura de planta registrado en Huánuco se relacione con la tolerancia a bajas temperaturas en Huánuco donde varió de 5.4 a 13°C durante el ciclo del cultivo, mientras que en La Molina osciló entre 16.7 a 21.7°C. Se conoce que los genotipos con tolerancia al frío reducen la altura de planta como mecanismo de evasión, característica que está presente en las razas nativas peruanas de la sierra (BID-PROSIANDINO 1991).

**Tabla 7. Comparación de medias de altura de planta para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón**

Número de orden	Huánuco-2			La Molina-1			La Molina-3		
	Genotipo	AP	Sig.	Genotipo	AP	Sig.	Genotipo	AP	Sig.
1	54	1.65	a	239	2.20	a	98	2.46	A
2	2	1.62	ab	16	2.15	ab	42	2.46	Ab
3	163	1.61	ab	154	2.07	abc	58	2.41	Abc
4	97	1.58	abc	202	2.06	abc	142	2.31	Abcd
5	21	1.57	abc	104	2.02	abcd	93	2.27	Abcde
6	36	1.56	abcd	84	2.01	abcde	239	2.26	Abcdef
7	89	1.56	abcd	42	2.00	abcdef	51	2.22	Abcdefg
8	19	1.49	abcde	8	1.98	abcdefg	104	2.22	Abcdefgh
9	53	1.48	abcdef	135	1.98	abcdefg	95	2.22	Abcdefgh
10	205	1.48	abcdefg	142	1.96	abcdefgh	188	2.21	Abcdefghi
•	•	•	•	•	•	•	•	•	•
247	120	0.77	HIJKLMN	196	1.24	456789.+*	256	1.46	#\$%&^[:@
248	37	0.75	IJKLMN	128	1.20	56789.+*	246	1.42	\$\$%&^[:@
249	7	0.75	JKLMNO	1	1.14	6789.+*	5	1.40	%&^[:@
250	5	0.74	KLMNO	41	1.11	789.+*	201	1.37	&^[:@;
251	105	0.74	LMNO	124	1.08	89.+*	231	1.34	^[:@;
252	123	0.72	MNO	153	1.06	9.+*	14	1.33	[:@;
253	4	0.72	MNO	62	1.06	.+*	30	1.30	]:@;
254	26	0.71	NO	18	1.05	+*	87	1.28	:@;
255	6	0.68	O	30	1.04	-*	247	1.28	@;
256	34	0.52	P	22	1.04	*	21	1.10	;

AP= Altura de planta (m). Misma letra en columna sig, no difieren entre sí, Tukey 5 por ciento

La prueba de comparación de medias para altura de planta muestra amplia variación. En Huánuco-2, las plantas crecieron menos y el rango estuvo entre 0.52 y 1.65 m, en La Molina-1 varió de 1.04 a 2.20 m y en La Molina-3 de 1.10 a 2.46 m (Tabla 7).

**Tabla 8. Cuadrados medios del ANOVA individual para pigmentación del pericarpio de 256 genotipos de maíz morado reventón**

F. de variación	GL	CUADRADOS MEDIOS		
		Huánuco-2	La Molina-1	La Molina-3
Repetición	1	5.92	7.46	29.89
Genotipo	255	706.41**	805.88**	832.10**
BI(Repetición)	30	8.56	7.81	9.70
Error	225	8.60	11.54	8.19
Promedio		56.6	68.0	63.8
C. V. (%)		5.2	5.0	4.5

\*\*=Significación al 1 por ciento de probabilidad

La pigmentación del pericarpio también evidenció diferencias estadísticas altamente significativas entre genotipos (Tabla 8). La tendencia es a los valores superiores en condiciones de La Molina.

**Tabla 9. Comparación de medias del pericarpio pigmentado para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón**

Número de orden	Huánuco-2			La Molina-1			La Molina-3		
	Genotipo	PP	Sig.	Genotipo	PP	Sig.	Genotipo	PP	Sig.
1	247	100.00	a	247	100.00	a	158	100.00	a
2	136	100.00	a	230	100.00	a	144	100.00	a
3	183	100.00	a	169	100.00	a	41	99.98	a
4	86	100.00	a	16	100.00	a	161	99.97	a
5	67	100.00	a	4	99.72	a	254	99.95	a
6	130	100.00	a	137	99.62	a	123	99.92	a
7	30	96.67	a	69	99.56	a	71	99.84	a
8	250	96.67	a	234	99.49	a	13	99.81	a
9	125	96.67	a	229	99.11	a	16	99.80	a
10	43	89.34	b	17	99.06	a	178	99.76	a
•	•	•	•	•	•	•	•	•	•
248	26	20.66	;-?	135	31.53		165	23.41	
249	89	20.16	_?	142	31.02		228	22.33	
250	170	20.01	_?	148	28.83		19	21.39	
251	29	20.00	_?	105	26.00		195	19.40	
252	108	20.00	_?	233	22.87		47	17.25	
253	142	20.00	_?	236	19.81		96	13.43	
254	163	19.00	?	58	12.70		246	12.89	
255	19	10.00	!	205	12.68		190	8.35	
256	118	10.00	!	198	0.20		143	8.29	

PP= Pigmentación del pericarpio (%). Misma letra en columna sig, no difieren entre sí, Tukey 5 por ciento

La prueba de comparación de medias del porcentaje de mazorcas con granos pigmentados (PP) muestra también amplia variación. En Huánuco-2, el porcentaje de pigmentación varió de 10 a 100 por ciento, en La Molina-1 de 0.2 a 100 por ciento y en La Molina-3 de 8.29 a 100 por ciento (Tabla 9).

**Tabla 10. Cuadrados medios del ANOVA individual para rendimiento de grano de 256 genotipos de maíz morado reventón**

F. de variación	GL	CUADRADOS MEDIOS		
		Huánuco-2	La Molina-1	La Molina-3
Repetición	1	0.001	0.177	0.000
Genotipo	255	0.794**	1.931**	3.417**
BI(Repetición)	30	0.022	0.117	0.123
Error	225	0.026	0.105	0.120
Promedio		1.3	2.4	3.1
C. V. (%)		12.4	13.4	11.1

\*\*=Significación al 1 por ciento de probabilidad

También hubo respuestas estadísticas altamente significativas en rendimiento de grano entre genotipos, incrementándose en más de 100 por ciento en La Molina (Tabla 10).

**Tabla 11. Comparación de medias del rendimiento de grano para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón**

Número de orden	Huánuco-2			La Molina-1			La Molina-3		
	Genotipo	RG	Sig.	Genotipo	RG	Sig.	Genotipo	RG	Sig.
1	27	6.04	a	98	7.16	a	42	11.37	A
2	44	3.57	b	206	6.64	ab	98	9.24	B
3	147	3.38	bc	104	6.02	bc	142	6.99	c
4	21	3.11	cd	244	5.88	c	190	6.37	cd
5	88	3.03	de	198	5.59	cd	129	6.26	de
6	40	3.03	de	256	5.48	cd	11	6.20	de
7	30	2.92	def	95	5.39	cd	81	6.04	de
8	191	2.72	efg	135	5.02	d	104	5.78	def
9	200	2.69	fg	190	4.28	e	252	5.78	def
10	161	2.65	fg	164	4.26	ef	27	5.76	defg
•	•	•	•	•	•	•	•	•	•
247	159	0.52		224	1.18		59	1.17	
248	126	0.52		53	1.16		247	1.16	
249	125	0.51		219	1.15		161	1.11	
250	198	0.49		87	1.13		180	1.03	
251	77	0.49		191	1.13		238	0.97	

Continuación...

252	224	0.47	121	0.86	213	0.96
253	17	0.46	140	0.80	242	0.95
254	233	0.45	247	0.80	162	0.83
255	181	0.40	170	0.70	173	0.74
256	187	0.37	22	0.65	250	0.46

RG= Rendimiento de grano (t/ha). Misma letra en columna sig, no difieren entre sí, Tukey 5 por ciento

El promedio de rendimiento de grano muestra, según la prueba de comparación de medias, también hubo amplia variación (Tabla 11). En Huánuco-2, esta característica varió de 0.37 a 6.04 t/ha, en La Molina-1 de 0.65 a 7.16 t/ha y en La Molina-3 de 0.46 a 11.37 t/ha. Resultados similares fueron encontrados por Khaldun *et al.* (2010), Simon *et al.* (2020) y Silva *et al.* (2013), quienes indicaron que los genotipos muestran diferentes respuestas de adaptabilidad cuando son sembrados en diferentes condiciones ambientales, lo que altera la respuesta del rendimiento del grano.

**Tabla 12. Cuadrados medios para el porcentaje de granos expandidos de 256 genotipos de maíz morado reventón**

F. de variación	GL	CUADRADOS MEDIOS		
		Huánuco-2	La Molina-1	La Molina-3
Repetición	1	20.7	11.6	0.2
Genotipo	255	291.9**	347.2**	441.4**
BI(Repetición)	30	10.2	22.9	32.7
Error	225	13.2	25.7	20.0
Promedio		17.6	20.2	22.4
C. V. (%)		20.7	25.0	20.0

\*\*=Significación al 1 por ciento de probabilidad

El ANOVA individual para el porcentaje de granos expandidos evidenció la existencia de diferencias estadísticas altamente significativas entre genotipos, así mismo, en Huánuco esta variable registró el menor valor: sin embargo, en las tres localidades los valores de CV superaron el 20 por ciento, más que los CVs de las otras variables, esto es indicativo de que los datos de esta característica fueron más dispersos (Tabla 12), esto probablemente se debe a que son varios factores como humedad de cosecha, humedad de tostado, tiempo de tostado, método de tostado, etc., los que intervienen en la determinación del PGE.

**Tabla 13. Comparación de medias del porcentaje de granos expandidos para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón**

Número de orden	Huánuco-2			La Molina-1			La Molina-3		
	Genotipo	PGE	Sig.	Genotipo	PGE	Sig.	Genotipo	PGE	Sig.
1	152	72.71	a	43	88.74	a	29	91.28	a
2	79	62.61	b	109	86.49	a	43	84.72	a
3	51	60.70	bc	32	82.75	a	79	73.75	b
4	18	54.93	cd	2	72.20	b	31	73.14	bc
5	187	48.88	de	5	63.81	bc	144	72.92	bc
6	110	48.84	de	152	62.44	bc	109	71.58	bc
7	236	48.02	def	110	54.17	cd	51	71.25	bc
8	198	47.43	ef	96	52.47	de	32	66.59	bc
9	108	47.13	ef	238	49.81	def	84	64.92	bcd
10	19	44.22	efg	79	48.98	defg	89	64.60	cd
•	•	•	•	•	•	•	•	•	•
249	44	1.19		114	3.49		27	3.15	
250	239	1.08		155	3.41		75	2.79	
251	39	0.83		120	2.80		125	2.68	
252	230	0.72		206	2.47		28	2.63	
253	28	0.60		138	2.08		99	2.30	
254	27	0.45		249	2.07		40	1.72	
255	162	0.30		125	1.51		129	0.30	
256	121	0.28		169	1.36		147	0.00	

PGE= Porcentaje de granos expandidos (%). Misma letra en columna sig, no difieren entre sí, Tukey 5 por ciento

La prueba de comparación de medias del PGE muestra que este carácter presentó amplia variación, así, en Huánuco-2, varió de 0.28 a 72.71 por ciento, en La Molina-1 de 1.36 a 88.74 por ciento y en La Molina-3 de 0.00 a 91.28 por ciento (Tabla 13), explicado probablemente también por la segregación de las líneas y el efecto ambiental.

**Tabla 14. Cuadrados medios para el volumen de la roseta de 256 genotipos de maíz morado reventón**

F. de variación	GL	CUADRADOS MEDIOS		
		Huánuco-2	La Molina-1	La Molina-3
Repetición	1	0.039	0.057	0.023
Genotipo	255	0.438**	0.612**	0.804**
BI(Repetición)	30	0.024	0.048	0.035
Error	225	0.029	0.038	0.024
Promedio		1.4	1.4	1.5
C. V. (%)		12.4	14.1	10.6

\*\*=Significación al 1 por ciento de probabilidad

Existe diferencias estadísticas altamente significativas entre genotipos, así mismo, aparentemente, esta variable no depende mucho de las condiciones ambientales del cultivo y/o del tostado cuando se comparan los promedios de las tres localidades que tuvieron valores similares (Tabla 14).

**Tabla 15. Comparación de medias del volumen de la roseta para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón**

Número de orden	Huánuco-2			La Molina-1			La Molina-3		
	Genotipo	VR	Sig.	Genotipo	VR	Sig.	Genotipo	VR	Sig.
1	232	3.44	a	174	4.89	a	46	4.78	a
2	166	3.06	b	47	4.03	b	138	4.72	a
3	127	2.93	bc	127	3.72	bc	142	4.53	a
4	43	2.75	bcd	8	3.55	cd	99	3.37	b
5	64	2.74	bcde	65	3.47	cde	14	3.27	bc
6	51	2.66	cdef	131	3.18	def	122	3.15	bcd
7	177	2.56	defg	33	3.12	ef	69	3.11	bcd
8	188	2.41	efgh	249	3.04	f	22	3.09	bcd
9	206	2.40	efgh	113	2.53	g	166	3.03	cd
10	112	2.36	fghi	42	2.53	g	113	2.86	de
•	•	•	•	•	•	•	•	•	•
247	69	0.70		94	0.77		90	0.62	
248	192	0.65		73	0.77		236	0.60	
249	250	0.60		220	0.77		218	0.57	
250	218	0.56		62	0.73		234	0.57	
251	189	0.51		132	0.73		16	0.53	
252	44	0.51		133	0.70		17	0.48	
253	254	0.46		145	0.63		71	0.44	
254	98	0.45		182	0.58		62	0.41	
255	27	0.44		190	0.54		176	0.38	
256	162	0.26		218	0.52		8	0.28	

VR= Volumen de la roseta (ml). Misma letra en columna sig, no difieren entre sí, Tukey 5 por ciento

La prueba de comparación de medias para el VR muestra amplia variación en este carácter. En Huánuco-2, esta característica varió de 0.26 a 3.44 ml, en La Molina-1 de 0.52 a 4.89 ml y en La Molina-3 de 0.28 a 4.78 ml (Tabla 15). El volumen de una roseta de la mayoría de las líneas está por debajo del volumen comercial del híbrido de maíz reventón amarillo, el cual bordea los 4.1 ml (Ceylan y Karababa 2002); sin embargo, hubieron cinco genotipos que superaron al volumen de la roseta del grano comercial.

**Tabla 16. Cuadrados medios del volumen de expansión de 256 genotipos de maíz morado reventón**

F. de variación	GL	CUADRADOS MEDIOS		
		Huánuco-2	La Molina-1	La Molina-3
Repetición	1	1.31	0.30	0.96
Genotipo	255	7.49**	1.99**	3.77**
BI(Repetición)	30	0.32	0.17	0.16
Error	225	0.40	0.14	0.15
Promedio		2.5	2.8	3.5
C. V. (%)		24.8	13.4	11.0

\*\*=Significación al 1 por ciento de probabilidad

Al igual que para las demás variables, para el volumen de expansión las diferencias estadísticas entre genotipos fueron altamente significativas. Los mejores promedios se obtuvieron en los experimentos de La Molina (Tabla 16); sin embargo, estos valores están muy por debajo del VE de los maíces reventadores comerciales que están alrededor de los 25 ml/g (Ceylan y Karababa 2002) o incluso llegar a los 40 ml/g en algunas líneas (Junior *et al.* 2022).

Resultados parecidos fueron encontrados por Trejo (2020), quien también obtuvo valor bajo de VE de 5.9 ml/g en segregantes de la cruce de maíz reventón por maíces de granos dentados, los cuales tienen considerable endospermo duro, a diferencia del experimento en el que uno de los progenitores tuvo los granos con el endospermo amiláceo (no duro).

**Tabla 17. Comparación de medias del volumen de expansión para 20 de 256 genotipos de maíz morado reventón**

Número de orden	Huánuco-2			La Molina-1			La Molina-3		
	Genotipo	VE	Sig.	Genotipo	VE	Sig.	Genotipo	VE	Sig.
1	152	11.28	a	109	9.86	a	152	10.51	a
2	51	11.17	a	79	7.15	b	47	9.83	ab
3	122	10.94	ab	152	6.02	c	131	9.22	b
4	224	9.90	b	143	5.98	c	79	9.20	b
5	19	9.87	b	56	5.85	c	183	8.36	c
6	79	9.86	b	65	5.84	c	3	7.66	cd
7	169	8.34	c	136	5.79	cd	51	7.35	de
8	195	7.48	cd	201	5.74	cd	2	6.86	ef
9	108	7.31	cde	2	5.63	cd	56	6.61	efg
10	177	7.16	cde	32	5.55	cde	92	6.40	fgh
•	•	•	•	•	•	•	•	•	•



Continuación...

247	120	0.36	102	1.67	159	1.95 #
248	44	0.33	24	1.65	99	1.94 #
249	40	0.33	191	1.63	104	1.91
250	247	0.33	172	1.62	168	1.91
251	250	0.30	107	1.56	240	1.88
252	254	0.29	250	1.52	232	1.80
253	42	0.29	221	1.45	1	1.80
254	239	0.28	115	1.25	8	1.76
255	52	0.23	75	1.00	129	1.74
256	49	0.14	125	0.85	95	1.60

VE= Volumen de expansión (ml/g). Misma letra en columna sig, no difieren entre sí, Tukey 5 por ciento

La prueba de comparación de medias para el volumen de expansión para este carácter presentó amplia variación para cada ambiente. En Huánuco-2, esta característica varió de 0.14 a 11.28 ml/g, en La Molina-1 de 0.85 a 9.86 ml/g y en La Molina-3 de 1.60 a 10.51 ml/g (Tabla 17). Burak y Broccoli (2004) y Scapim *et al.* (2010), mencionaron que el volumen de expansión esta correlacionado negativamente con el rendimiento de grano, y que el primero es mucho más afectado en ambientes desfavorables. La enorme variación encontrada en todos los caracteres evaluados probablemente se debe a factores como: la distancia genética que existió entre los parentales que pertenecieron a dos razas de maíces nativos, la gran variación genética que existe en casi todos los loci en poblaciones alógamas de libre polinización en las que no se ha practicado fuerte presión de selección más que la que realiza el agricultor, la segregación de genes ligados como independientes que ocurre durante la meiosis, al modo de acción de los genes (Ford, 2000) y finalmente, a la influencia ambiental cuyo efecto es más evidente a medida que aumenta el número de genes que controla una característica (Chalker-Scott 1999).

#### 4.2 MODO DE SEGREGACIÓN DE LOS CARACTERES DE VALOR

El modo de herencia de los caracteres volumen de expansión (VE), porcentaje de granos expandidos (PGE), pigmentación del pericarpio (PP) y rendimiento de grano (RG), analizados a partir de los datos evaluados en las 256 líneas S<sub>1</sub>, parecen ser del tipo cuantitativo o poligénico debido a que sus histogramas de frecuencias mostraron variación continua en forma de campana (Figura 3), modo de segregación similar a lo propuesto por Nilsson-Ehle (1909), Klug *et al.* (2017) y Zhang *et al.* (2018) para estos tipos de características; sin embargo, en el histograma del pericarpio pigmentado, además de la distribución continua, se puede notar la presencia de tres modas, la primera alrededor de 57.5 por ciento, la segunda alrededor de 67.5

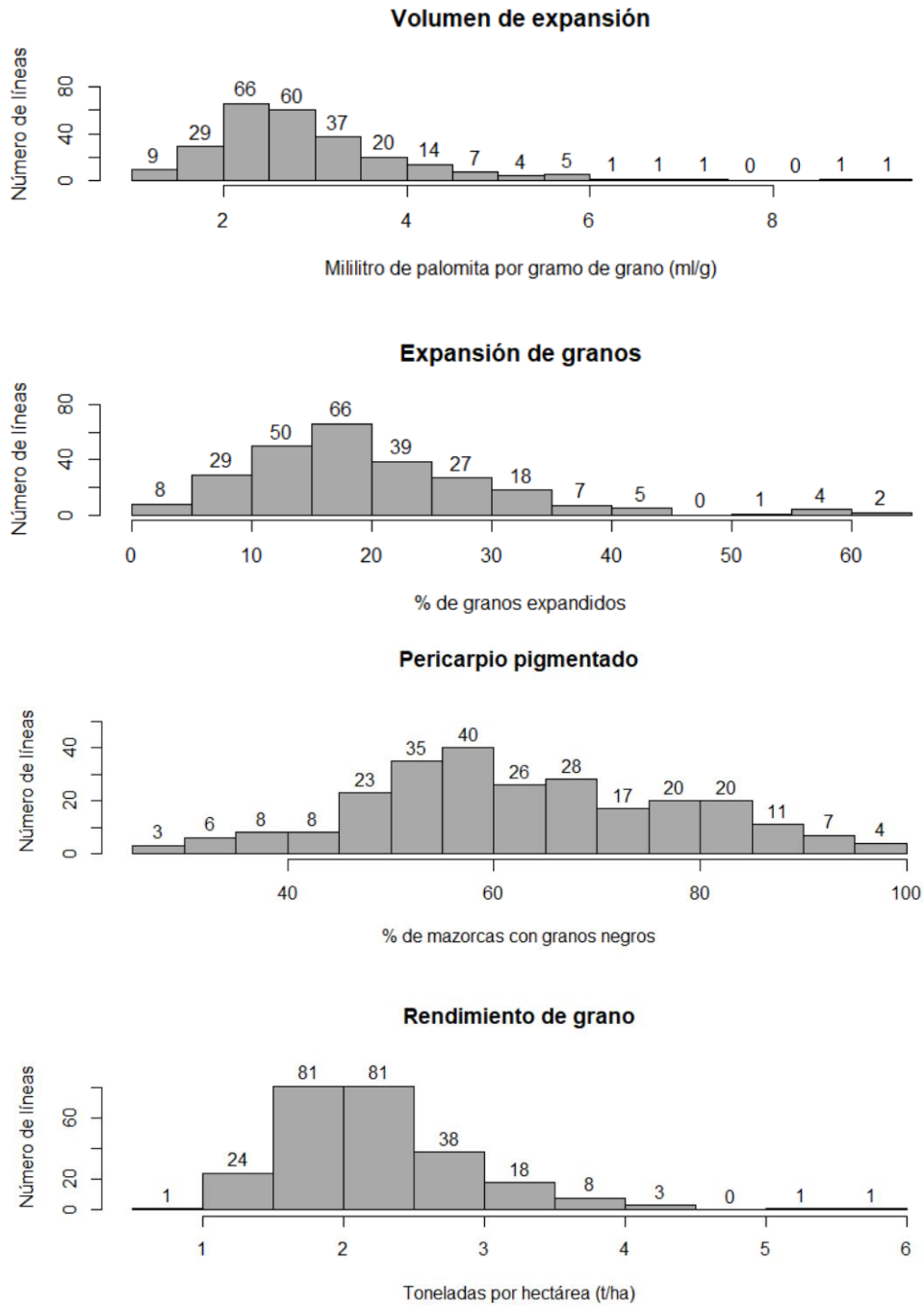
por ciento y la tercera alrededor de 80.0 por ciento sugieren la presencia de genes de efectos mayores que están segregando.

En relación al VE, las 256 líneas segregantes del cruce de poblaciones de las razas de maíces nativos peruanos, la raza Kculli con 0 de VE y la Confite con 25.7 ml/g de VE (resultados obtenidos en las siembras de los ensayos del 2019), en la generación S<sub>1</sub> (generación segregante) se observó valores bajos de VE, con una media de 2.97 ml/g, valor muy por debajo de la media de los parentales (12.85 ml/g), este modo de segregación con sesgo hacia el lado izquierdo de la campana es indicativo de que los genes con valores bajos son los que dominan, estos hallazgos son similares a los reportados por Crumbaker *et al.* (1949); sin embargo, la distribución continua indica la existencia de genes con efectos aditivos que también son importantes en el control de la herencia del VE, resultados similares fueron reportados por Pereira y Amaral Júnior (2001), Arnhold *et al.* (2010) y Coan *et al.* (2019).

El PGE varió de 2.1 a 62.3, mostrando también distribución continua, donde los progenitores tuvieron valores de 0 por ciento y 94 por ciento tanto en la raza Kculli y Confite, respectivamente, también se aprecia dominancia de genes con valores bajos debido a que el valor de 17.5 por ciento alrededor del cual están la mayoría de líneas está por debajo del promedio de los progenitores (47 por ciento); sin embargo, la distribución continua sugiere que hay varios genes con efectos aditivos que también están implicados en la herencia de este carácter.

En cuanto al PP, no fue del tipo cualitativo, sino que se asemejó más a la segregación de un atributo de herencia cuantitativa, como fue reportado por Chatham y Juvik (2021) y Sa *et al.* (2020); asimismo, en la Figura 3 se aprecia la forma de campana de la distribución y los datos de las líneas evaluadas que oscilaron de 25.4 por ciento a 98.3 por ciento de mazorcas con el pericarpio pigmentado. Al respecto, Ford (2000), encontró resultados diferentes los cuales se asemejaron más bien a proporciones clásicas mendelianas como 3/4 morados: 1/4 blanco (dominancia completa); 12/16 morados: 3/16 amarillo: 1/16 blanco (epistasia dominante simple), etc., esto probablemente se deba a que Ford trabajó con líneas no peruanas completamente homocigotas para los genes mayores que controlan el color negro del pericarpio o a que no existieron genes modificadores o intensificadores del color.

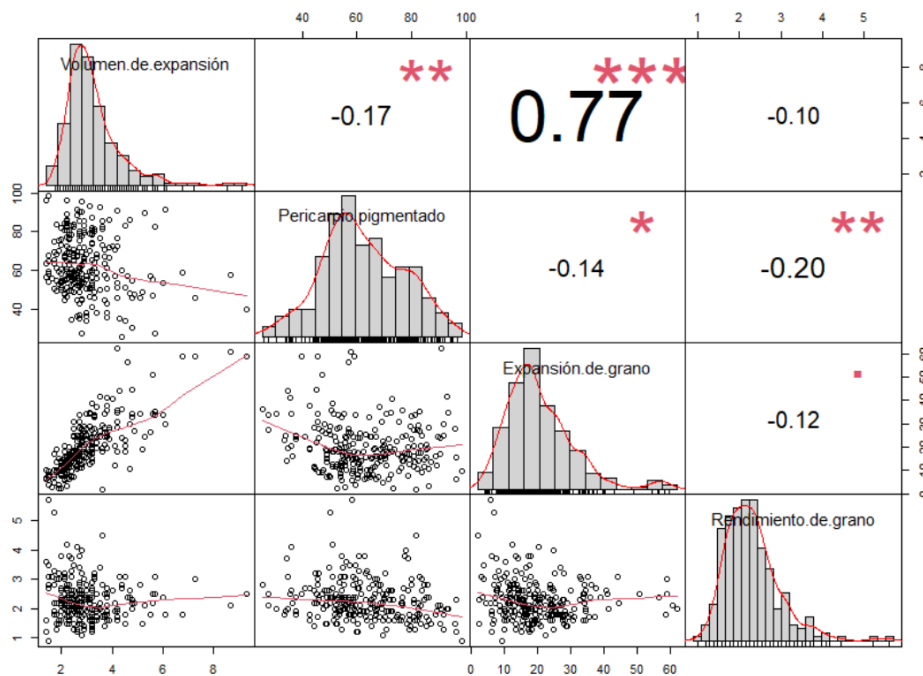
El modo de distribución continua también se encontró para el rendimiento de grano, los valores del RG en las líneas oscilaron entre 0.9 y 5.7 t/ha, con la media alrededor de 2.3 t/ha, valor que es inferior al promedio esperado de los parentales que fue de 3.75 t/ha, esta discrepancia es más probable que se deba a la pérdida de vigor que es común en poblaciones alógamas (Jones 1918), del mismo modo, la distribución en forma de campana indica que este atributo también está controlado por muchos genes de efectos aditivos (Figura 3).



**Figura 3. Histograma de frecuencias de cuatro caracteres a partir de los datos de 256 líneas segregantes de maíz morado reventón**

### 4.3 SELECCIÓN DE LÍNEAS S<sub>1</sub> DE MAÍZ MORADO REVENTÓN

El volumen de expansión es considerado un carácter de valor en las variedades de maíces reventadores, debido a que se paga al agricultor o productor por el peso y se vende al consumidor como volúmenes de la canchita tostada. Cuando se trata de obtener variedades de maíces reventadores y con pigmentos en los granos se debe considerar también la selección por PP además del VE, lo que implicaría disminución en la presión de selección. Considerando que la media del VE que fue de 2.97 ml/g, está muy por debajo del valor óptimo, se consideró darle mayor valor (0.9) y como el PP tiene la media de 62.8 por ciento relativamente cercano al ideal, se le asignó el valor de 0.1 en la ecuación del índice de selección, cuya fórmula fue:  $[IS=(0.9*VE)+(0.1*PP)]$  y que luego de aplicar la ecuación a las 256 líneas se identificaron a las 80 sobresalientes (Tabla 18), las que obtuvieron los mayores valores de ÍS y representaron la presión de selección del 31.3 por ciento.



**Figura 4. Coeficiente de correlación entre VE, PEG, PP y RG a partir de los datos de 256 líneas segregantes de maíz morado reventón**

Es de esperar que, si recombinamos las 80 líneas seleccionadas, en la siguiente generación el valor del VE se incremente, mientras que la del PP disminuya debido a que estos dos atributos en estas líneas mostraron estar correlacionados negativamente (Figura 4). También se

encontraron correlaciones negativas entre PP con PGE y RG, además del PEG con RG. La única correlación positiva fue entre VE y PGE.

**Tabla 18: Relación de líneas sobresalientes seleccionadas por volumen de expansión y pericarpio pigmentado**

N° de orden	Línea selecta	Volumen de expansión (ml/g)	Pericarpio pigmentado (%)	Índice de selección	N° de orden	Línea selecta	Volumen de expansión (ml/g)	Pericarpio pigmentado (%)	Índice de selección
1	183	6.1	91.7	14.6	41	48	3.9	71.7	10.7
2	136	5.3	89.5	13.7	42	3	6.0	53.3	10.7
3	79	8.7	57.6	13.6	43	121	3.1	79.2	10.7
4	122	5.7	82.7	13.4	44	46	3.2	78.6	10.7
5	43	4.2	90.8	12.9	45	162	2.9	81.0	10.7
6	169	4.7	86.2	12.8	46	56	5.6	55.4	10.6
7	144	3.5	92.8	12.4	47	126	3.6	73.0	10.6
8	131	4.5	83.2	12.4	48	125	2.2	86.3	10.6
9	152	9.3	39.6	12.3	49	101	2.5	83.6	10.6
10	237	3.9	86.3	12.2	50	17	2.9	79.4	10.6
11	86	3.1	93.4	12.1	51	115	2.2	85.4	10.6
12	71	2.8	95.8	12.1	52	68	2.4	83.4	10.5
13	109	6.8	59.0	12.0	53	4	2.5	82.3	10.5
14	64	3.6	85.6	11.8	54	117	3.7	70.8	10.4
15	41	3.2	87.1	11.6	55	54	2.7	80.0	10.4
16	16	2.8	90.4	11.6	56	147	2.2	84.3	10.4
17	30	2.2	96.4	11.6	57	244	2.8	77.8	10.3
18	249	2.7	90.5	11.5	58	97	2.7	79.0	10.3
19	234	3.6	82.5	11.5	59	123	3.2	74.3	10.3
20	141	2.6	91.5	11.5	60	189	2.1	84.4	10.3
21	27	3.6	81.5	11.4	61	124	2.3	80.8	10.2
22	35	4.2	76.5	11.4	62	11	2.7	77.6	10.2
23	247	1.5	98.3	11.2	63	73	2.2	82.3	10.2
24	231	2.9	85.5	11.2	64	167	3.9	66.4	10.2
25	51	7.3	45.7	11.2	65	218	3.2	73.5	10.2
26	38	2.6	88.5	11.2	66	212	2.0	82.0	10.0
27	238	3.3	81.3	11.1	67	161	3.7	66.9	10.0
28	13	3.2	82.2	11.1	68	114	1.8	83.8	10.0
29	5	3.3	79.9	11.0	69	177	4.4	60.2	10.0
30	178	2.7	85.3	11.0	70	214	2.2	80.7	10.0
31	130	4.2	72.3	11.0	71	254	2.1	80.9	10.0
32	158	2.9	83.0	10.9	72	69	2.4	78.5	10.0
33	250	1.4	96.2	10.9	73	216	2.3	78.1	9.9
34	134	4.0	72.7	10.9	74	90	2.7	75.3	9.9
35	111	3.2	80.6	10.9	75	32	4.6	56.9	9.9
36	59	3.2	78.9	10.8	76	128	3.4	68.2	9.9
37	57	3.5	76.4	10.8	77	112	4.8	54.3	9.8
38	242	4.1	70.7	10.8	78	160	3.1	70.1	9.8
39	77	2.2	88.9	10.8	79	2	5.6	47.1	9.8
40	65	5.5	56.8	10.7	80	139	3.4	66.6	9.8

#### 4.4 ÍNDICE DE ESTABILIDAD DE MÚLTIPLES CARACTERES MTSI DE LAS 80 LÍNEAS SELECTAS

El índice MTSI (Multi Trait Stability Index), propuesto por Olivoto y colaboradores en el 2019, es un nuevo método de fácil aplicación. Desde entonces ha permitido seleccionar genotipos estables en diferentes especies, tales como *Avena sativa*; Olivoto *et al.* 2021 y Yue *et al.* 2022 en híbridos de maíz; Hussain *et al.* (2021) en garbanzo; Padmaja *et al.* (2022) en mijo; Abdelghany *et al.* (2021) y Zuffo *et al.* (2020) en soya; Sharifi (2020) en arroz; Sellami *et al.* (2021) en lentejas; Nataraj *et al.* (2021) en soya y Benakanahalli *et al.* (2021) en *Cymopsis tetragonoloba*. En esta investigación se calculó el valor MTSI para cada línea (Tabla 19) y se estableció el valor de corte que fue de 5.89 a partir del cual se identificaron 12 líneas adicionales estables de un total de 80, las que se resaltan con puntos rojos en la Figura 5.

**Tabla 19: Índice de estabilidad de 80 líneas seleccionadas por volumen de expansión y pericarpio pigmentado**

OE	Línea selecta	MTSI‡	OE	Línea selecta	MTSI‡	OE	Línea selecta	MTSI‡	OE	Línea selecta	MTSI‡
1	<b>64</b>	<b>4.10</b>	21	68	6.20	41	4	6.84	61	57	7.32
2	<b>56</b>	<b>5.11</b>	22	3	6.23	42	97	6.87	62	73	7.32
3	<b>41</b>	<b>5.14</b>	23	144	6.29	43	178	6.90	63	147	7.39
4	<b>112</b>	<b>5.17</b>	24	121	6.29	44	250	6.95	64	189	7.44
5	<b>152</b>	<b>5.39</b>	25	109	6.37	45	183	6.98	65	162	7.54
6	<b>212</b>	<b>5.43</b>	26	59	6.40	46	136	6.99	66	51	7.67
7	<b>117</b>	<b>5.53</b>	27	158	6.43	47	134	7.01	67	167	7.68
8	<b>249</b>	<b>5.57</b>	28	122	6.46	48	123	7.05	68	169	7.70
9	<b>126</b>	<b>5.65</b>	29	114	6.49	49	90	7.06	69	71	7.84
10	<b>86</b>	<b>5.84</b>	30	13	6.52	50	231	7.07	70	38	7.86
11	<b>216</b>	<b>5.88</b>	31	177	6.54	51	17	7.10	71	242	7.93
12	<b>27</b>	<b>5.89</b>	32	16	6.55	52	43	7.11	72	32	7.98
13	247	5.90	33	214	6.57	53	139	7.13	73	111	8.07
14	65	5.92	34	35	6.57	54	46	7.14	74	234	8.34
15	160	5.97	35	131	6.56	55	69	7.22	75	77	8.44
16	124	6.01	36	125	6.69	56	79	7.23	76	237	8.57
17	161	6.03	37	2	6.70	57	115	7.26	77	141	9.14
18	238	6.04	38	5	6.75	58	54	7.27	78	30	9.21
19	244	6.07	39	101	6.77	59	130	7.30	79	218	9.47
20	48	6.16	40	254	6.77	60	11	7.31	80	128	9.63

OE = Orden de estabilidad, MTSI = índice de estabilidad de múltiples caracteres

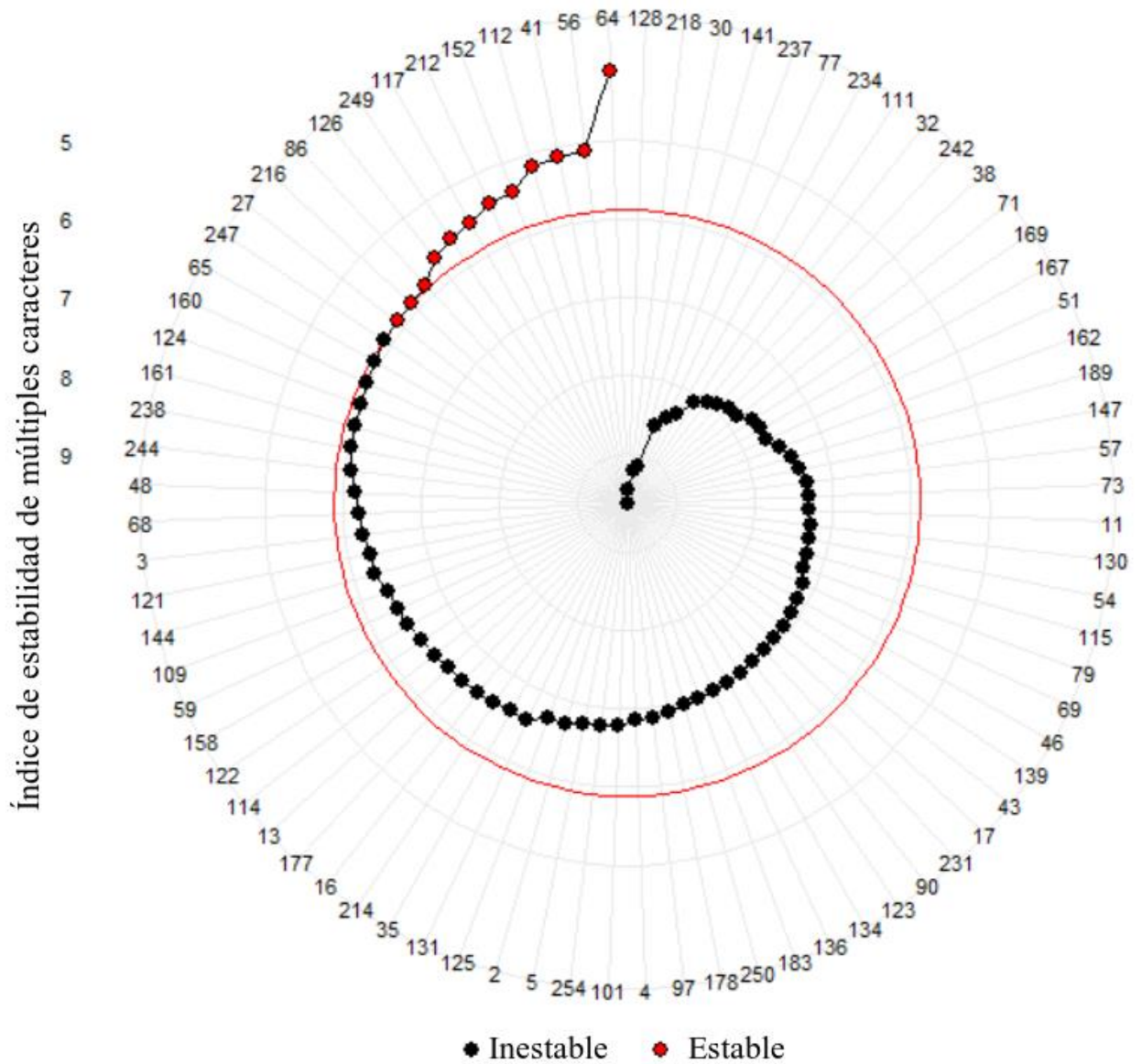


Figura 5. Índice de estabilidad de múltiples caracteres. Líneas estables (círculo rojo) y líneas inestables (círculo negro)



## **FASE 2: FORMACIÓN DE HÍBRIDOS SIMPLES**

Las 80 líneas S<sub>1</sub> seleccionadas en la fase 1 fueron sembradas en un lote de cruzamiento con un probador reventón de granos amarillos, cada línea tuvo 40 plantas (Figura 6).



**Figura 6. Plantas de líneas de maíz morado reventón con mazorcas protegidas que contienen semillas de los híbridos simples**

Al final de la campaña se obtuvo semillas -en suficiente cantidad para los ensayos- de 109 híbridos simples (Tabla 20), las que junto a 12 testigos fueron probados en la fase 3 de esta investigación.



**Tabla 20: Relación de 109 híbridos simples de granos morados y 12 testigos de granos amarillos**

N°	Híbrido	N°	Híbrido	N°	Híbrido	N°	Híbrido
<b>1</b>	HS001	<b>32</b>	HS032	<b>62</b>	HS062	<b>92</b>	HS092
<b>2</b>	HS002	<b>33</b>	HS033	<b>63</b>	HS063	<b>93</b>	HS093
<b>3</b>	HS003	<b>34</b>	HS034	<b>64</b>	HS064	<b>94</b>	HS094
<b>4</b>	HS004	<b>35</b>	HS035	<b>65</b>	HS065	<b>95</b>	HS095
<b>5</b>	HS005	<b>36</b>	HS036	<b>66</b>	HS066	<b>96</b>	HS096
<b>6</b>	HS006	<b>37</b>	HS037	<b>67</b>	HS067	<b>97</b>	HS097
<b>7</b>	HS007	<b>38</b>	HS038	<b>68</b>	HS068	<b>98</b>	HS098
<b>8</b>	HS008	<b>39</b>	HS039	<b>69</b>	HS069	<b>99</b>	HS099
<b>9</b>	HS009	<b>40</b>	HS040	<b>70</b>	HS070	<b>100</b>	HS100
<b>10</b>	HS010	<b>41</b>	HS041	<b>71</b>	HS071	<b>101</b>	HS101
<b>11</b>	HS011	<b>42</b>	HS042	<b>72</b>	HS072	<b>102</b>	HS102
<b>12</b>	HS012	<b>43</b>	HS043	<b>73</b>	HS073	<b>103</b>	HS103
<b>13</b>	HS013	<b>44</b>	HS044	<b>74</b>	HS074	<b>104</b>	HS104
<b>14</b>	HS014	<b>45</b>	HS045	<b>75</b>	HS075	<b>105</b>	HS105
<b>15</b>	HS015	<b>46</b>	HS046	<b>76</b>	HS076	<b>106</b>	HS106
<b>16</b>	HS016	<b>47</b>	HS047	<b>77</b>	HS077	<b>107</b>	HS107
<b>17</b>	HS017	<b>48</b>	HS048	<b>78</b>	HS078	<b>108</b>	HS108
<b>18</b>	HS018	<b>49</b>	HS049	<b>79</b>	HS079	<b>109</b>	HS109
<b>19</b>	HS019	<b>50</b>	HS050	<b>80</b>	HS080	110	T-1
<b>20</b>	HS020	<b>51</b>	HS051	<b>81</b>	HS081	111	T-2
<b>21</b>	HS021	<b>52</b>	HS052	<b>82</b>	HS082	112	T-3
<b>22</b>	HS022	<b>53</b>	HS053	<b>83</b>	HS083	113	T-4
<b>23</b>	HS023	<b>54</b>	HS054	<b>84</b>	HS084	114	T-5
<b>24</b>	HS024	<b>55</b>	HS055	<b>85</b>	HS085	115	T-6
<b>25</b>	HS025	<b>56</b>	HS056	<b>86</b>	HS086	116	T-7
<b>26</b>	HS026	<b>57</b>	HS057	<b>87</b>	HS087	117	T-8
<b>27</b>	HS027	<b>58</b>	HS058	<b>88</b>	HS088	118	T-9
<b>28</b>	HS028	<b>59</b>	HS059	<b>89</b>	HS089	119	T-10
<b>29</b>	HS029	<b>60</b>	HS060	<b>90</b>	HS090	120	T-11
<b>30</b>	HS030	<b>61</b>	HS061	<b>91</b>	HS091	121	T-12
<b>31</b>	HS031						

### **FASE 3: EVALUACIÓN DE 109 HÍBRIDOS SIMPLES DE MAÍZ MORADO REVENTÓN**

#### **4.5 COSECHA DE HÍBRIDOS SIMPLES**

La cosecha se realizó a los 145 días después de la siembra. Luego, las mazorcas sin brácteas fueron expuestas al sol para el secado final (Figura 7).



**Figura 7. Mazorcas de un híbrido simple (lado izquierdo) y sobres conteniendo mazorcas de distintos híbridos en pleno secado (lado derecho)**

#### **4.6 ANÁLISIS ESTADÍSTICO DE LAS VARIABLES EVALUADAS EN LOS HÍBRIDOS**

De acuerdo al análisis de varianza (Tabla 21) existe diferencias estadísticas entre los genotipos para todos los caracteres evaluados. Nótese que, con excepción del PP, el incremento en los híbridos fue del 545.0 por ciento, 128.7 por ciento, 306.6 por ciento, 161.4 por ciento, y 6.7 por ciento para VE, RG, PGE, VR y AP, respectivamente, en comparación a los valores obtenidos en las líneas (Tabla 2), es probable que este aumento se debe a la heterosis expresado en los híbridos simples.

**Tabla 21. Análisis de varianza de siete caracteres evaluados en 121 genotipos de maíz reventón**

Fuente de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios					
		VE	PP	RG	PGE	VR	AP
Repeticiones	1	0.11	10.65	2.59*	4.92	0.01	871.34*
Genotipos	120	30.62**	1427.75**	6.82**	132.84**	1.34**	861.12**
Bloques Inc.	20	2.61	24.03	0.65	51.82	0.2	224.21
Error	100	5.48	23.68	0.59	72.75	0.26	165.02
Promedio		19.35	28.6	5.26	81.32	3.66	1.62
C.V. (%)		12.1	17	14.6	10.5	13.9	7.9

VE: Volumen de expansión (ml/g), PP: Pericarpio pigmentado (%), RG: Rendimiento de grano (t/ha), PGE: Porcentaje de granos expandidos (%), VR: Volumen de una roseta (ml), AP: Altura de planta (cm)

El VE de los 121 genotipos evaluados en este ensayo varió entre 7.7 y 31.1 ml/g (Tabla 23, anexo), resultados similares fueron reportados por Júnior & Lidércio (2014) y Jele *et al.* (2014), quienes indicaron que esta amplia variación es posible debido a la mala aptitud combinatoria de algunas líneas quienes tuvieron valores bajos de VE y otras con buena aptitud quienes alcanzaron valores altos de VE. La prueba de comparación de medias para VE (Tabla 23, anexo) evidenció que hay combinaciones con valores que igualan e incluso superan al de los testigos, como por ejemplo el híbrido H021 quien logró 31.1 ml/g, valor alto a pesar de que sus progenitores derivan de la misma población segregante y coincide con lo reportado por Rinaldi *et al.* (2007), quienes no encontraron correlación entre la divergencia genética y el VE.

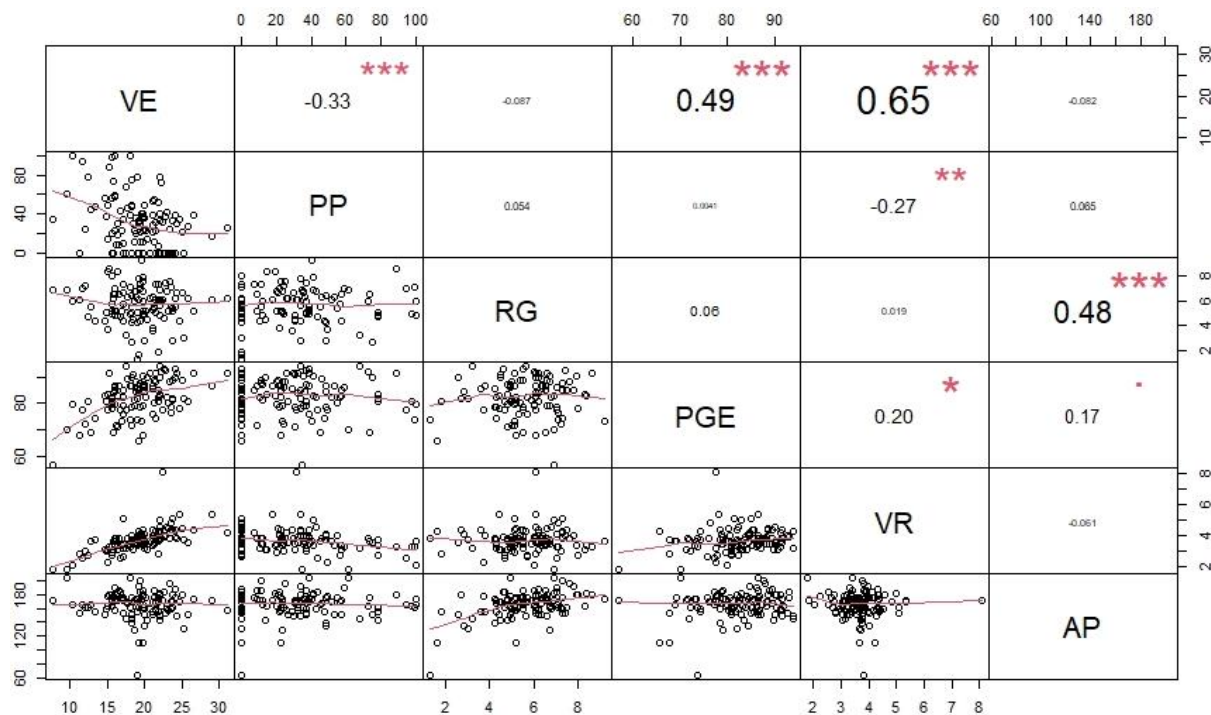
En relación al PP, la variación osciló entre 0 y 100 por ciento (Tabla 24, anexo), cinco híbridos tuvieron mazorcas con granos pigmentados en más del 90 por ciento; sin embargo, 26 híbridos presentaron menos del 10 por ciento de mazorcas con granos pigmentados. En este ensayo, los caracteres VE y PP mostraron correlación negativa muy significativa (Figura 8), esto posiblemente se debió a que el color negro del pericarpio proviene de una población con cero VE.

El rendimiento de grano varió entre 0.6 y 9.2 t/ha (Tabla 25, anexo). De los 109 híbridos evaluados, 98 presentaron RG superior a 4 t/ha, este valor es similar al RG de los híbridos comerciales de Argentina y Brasil; sin embargo, discrepan de los reportados por Rinaldi *et al.* (2007), Leonello *et al.* (2009), De Sousa *et al.* (2016), Vitorazzi *et al.* (2017), Schegoscheski *et al.* (2019), Gongalves *et al.* (2019), Akbar *et al.* (2020), Vargas y Quezada (2021) y Castro *et al.* (2022), probablemente debido a que los genes de alto rendimiento, que tienen las líneas S<sub>1</sub>

progenitores de los híbridos, proceden del maíz morado de rendimiento alto, así como también a la heterosis que muestran los híbridos entre progenitores morados (Huanuqueño *et al.*, 2019). En cuanto al PGE, éste varió de 55.3 a 94.0 por ciento (Tabla 26, anexo), 100 HS tuvieron valores similares a las del testigo.

El VE y PGE están correlacionados significativamente (Figura 8) y el VE depende del número de granos que se expanden después del tostado. El volumen de la roseta se obtuvo de la relación entre el volumen y el número de granos expandidos, en este experimento, este atributo varió de 1.78 a 8.08 ml/roseta (Tabla 27, anexo). El HS H106 con 8.08 ml superó a todos los genotipos, mientras que las rosetas de la raza Confite solo alcanzaron el volumen de 2.34 ml/roseta. En relación a la altura de la planta, en general las plantas de los maíces reventones son medianas a diferencia de los maíces amarillos duros que superan los 260 cm, en relación a la AP, solo siete HS tuvieron plantas más altas que las del testigo; sin embargo, no superaron los 205 cm (Tabla 28, anexo). Se debe considerar que, tratándose de plantas de baja estatura, aún se puede incrementar la densidad poblacional para mantener más de 71,428.6 plantas por hectárea, densidad que fue usado en este experimento.

Las correlaciones negativas significativas se encontraron entre los caracteres VE y PP; entre PP y VR, las correlaciones positivas fueron entre VE y PGE, VR; entre RG y AP y finalmente, entre PGE y VR (Figura 8). En esta investigación no se encontró correlación entre VE y RG, a diferencia de Castro *et al.* (2022) quienes reportaron correlaciones negativas entre RG y VE, esto indica que las relaciones entre los genes para los mismos caracteres no siempre son las mismas en todas las poblaciones de maíz, sino más bien, son características propias de las poblaciones.



VE: Volumen de expansión, PP: Pericarpio pigmentado, RG: Rendimiento de grano, PGE: Porcentaje de granos expandidos, VR: Volumen de una roseta y AP: Altura de planta. \*, \*\*, y \*\*\* representa significancia al 0.05, 0.01 y 0.001, respectivamente

**Figura 8. Matriz de correlación de Pearson para 6 caracteres evaluados en 109 HS de maíz morado reventón**

Para el cálculo del índice de selección (ÍS) que se muestran en la Tabla 22, se utilizaron solo respuestas de tres características principales VE, PP y RG, cuyos valores asignados fueron 0.5, 0.4 y 0.1, respectivamente, la fórmula fue:  $ÍS = (VE \cdot 0.5) + (PP \cdot 0.4) + (RG \cdot 0.1)$ . De acuerdo a los valores proporcionados por esta fórmula y con la presión de selección del 10 por ciento se identificaron 11 híbridos simples promisorios (Tabla 22, última columna en negrita), cuatro de los cuales se presentan en la Figura 9.

**Tabla 22. Medias de seis caracteres evaluados en 109 híbridos de maíz morado reventón**

Genotipo	VE	PP	RG	PGE	VR	AP	ÍS	Orden de selección
H021	31.1	25.8	6.2	91.2	4.15	157.3	1.47	<b>1</b>
H048	29.0	17.7	6.1	86.5	5.35	171.9	1.06	<b>2</b>
H087	22.2	72.4	6.0	91.9	3.83	163.4	1.03	<b>3</b>
H067	22.0	77.8	4.8	83.6	3.74	143.6	1.02	<b>4</b>
H033	26.5	38.6	5.1	91.7	4.37	172.5	1.00	<b>5</b>
H045	18.1	99.5	7.1	73.8	3.25	162.1	0.99	<b>6</b>
H104	25.8	26.8	6.2	80.8	3.57	150.6	0.81	<b>7</b>
H014	24.0	38.9	5.5	93.2	3.87	175.8	0.73	<b>8</b>
H074	22.9	42.3	6.8	82.2	4.53	160.1	0.72	<b>9</b>
H068	21.9	51.6	6.1	82.2	3.60	169.2	0.69	<b>10</b>
H105	24.3	30.0	6.6	91.5	3.78	149.7	0.69	<b>11</b>
H088	24.6	34.2	4.4	78.3	5.34	169.0	0.66	12
H012	22.7	37.2	7.4	92.7	4.03	153.3	0.66	13
H084	25.0	21.1	6.6	88.7	4.40	180.2	0.65	14
H099	18.9	78.3	5.0	81.6	3.35	154.2	0.65	15
H016	21.3	55.1	5.4	80.4	4.02	174.7	0.63	16
H020	21.1	53.0	6.3	86.5	3.32	151.9	0.63	17
H085	22.0	40.7	6.9	82.9	5.00	181.5	0.59	18
H082	16.0	100.0	4.8	79.7	3.64	172.9	0.59	19
H041	15.3	88.5	8.6	91.3	3.22	180.4	0.58	20
H007	23.4	25.1	7.6	88.0	3.83	195.2	0.57	21
H089	15.6	97.5	4.9	80.8	3.23	163.5	0.51	22
H106	22.4	31.2	6.1	77.5	8.08	170.6	0.44	23
H049	23.7	33.7	2.7	81.9	4.35	179.4	0.43	24
H008	19.6	40.5	9.2	73.5	3.61	173.4	0.42	25
H058	22.0	33.8	5.6	94.0	4.27	148.5	0.40	26
H080	19.8	40.8	7.9	90.4	3.35	179.2	0.37	27
H081	18.2	75.0	2.6	90.0	3.54	150.6	0.35	28
H023	21.1	38.8	5.3	76.0	3.82	169.3	0.34	29
H093	21.5	32.0	6.1	91.6	3.52	158.0	0.34	30
H047	15.7	73.7	6.5	69.1	3.64	175.0	0.26	31
H091	19.8	35.5	6.7	90.3	3.60	161.3	0.22	32
H071	18.3	48.2	6.4	86.6	3.96	176.0	0.20	33
H030	17.5	67.9	3.2	94.0	3.15	145.5	0.20	34
H042	24.1	0.0	6.2	89.6	4.34	188.3	0.20	35
H077	19.2	33.8	7.8	84.8	3.97	192.4	0.19	36
H019	19.7	37.3	6.0	78.9	3.92	184.7	0.19	37
H027	19.9	48.6	2.8	84.5	4.04	133.8	0.18	38

Continuación...

H050	23.5	0.0	7.1	76.3	4.82	168.6	0.17	39
<b>Testigo</b>	<b>25.4</b>	<b>0.0</b>	<b>3.2</b>	<b>88.1</b>	<b>3.99</b>	<b>161.5</b>	<b>0.16</b>	
H107	19.9	36.7	4.9	87.1	3.20	150.5	0.13	40
H094	21.4	23.4	5.0	88.3	3.86	168.4	0.12	41
H090	25.2	0.0	3.0	82.0	3.68	131.3	0.12	42
H076	23.8	0.0	5.4	88.6	4.34	170.3	0.10	43
H101	16.0	58.5	7.0	86.3	3.29	190.0	0.10	44
H028	21.9	7.0	7.3	84.8	4.13	175.5	0.09	45
H017	23.6	0.0	5.5	78.6	4.36	158.9	0.09	46
H006	11.6	93.9	7.0	77.4	2.55	165.0	0.09	47
H043	19.8	22.5	7.5	85.2	4.32	161.0	0.08	48
H065	23.7	0.0	5.1	81.4	5.11	160.7	0.08	49
H005	17.6	46.1	6.3	89.5	3.80	167.2	0.07	50
H038	21.0	29.3	3.6	85.6	4.39	155.6	0.07	51
H039	18.8	35.9	6.3	84.4	3.53	172.8	0.07	52
H064	18.3	48.6	4.2	78.6	3.75	139.2	0.07	53
H036	16.0	57.5	6.5	85.2	3.39	171.9	0.06	54
H083	19.2	32.4	6.1	83.8	3.87	160.2	0.06	55
H046	23.2	0.0	5.2	80.2	4.41	157.4	0.02	56
H013	20.2	22.5	5.2	82.5	3.57	174.7	-0.02	57
H026	21.0	21.6	3.8	86.4	3.95	154.2	-0.03	58
H032	19.3	21.8	7.0	78.7	4.11	183.0	-0.03	59
H100	10.4	100.0	6.0	79.8	2.05	165.5	-0.04	60
H092	20.0	23.8	4.9	86.3	3.40	160.7	-0.05	61
H022	21.2	11.3	5.5	88.8	3.43	184.8	-0.05	62
H109	22.1	0.0	6.1	90.0	4.56	179.2	-0.06	63
H057	15.6	56.1	5.7	82.3	2.76	169.2	-0.07	64
H054	19.8	22.5	5.2	67.7	3.68	110.9	-0.07	65
H053	21.4	0.0	7.3	74.4	4.25	160.0	-0.07	66
H097	19.3	30.3	4.3	78.7	3.41	167.2	-0.08	67
H073	18.0	38.3	4.9	86.5	3.42	204.2	-0.08	68
H051	22.6	0.0	4.6	93.0	3.89	183.7	-0.09	69
H018	18.7	23.4	6.7	79.0	3.71	129.6	-0.10	70
H034	17.2	35.3	6.6	79.1	3.46	173.1	-0.13	71
H040	18.8	20.0	6.7	88.4	3.41	164.1	-0.13	72
H035	19.4	11.0	7.3	87.8	3.78	200.1	-0.16	73
H010	18.4	30.8	4.5	90.7	3.05	169.5	-0.17	74
H015	16.8	43.1	4.7	77.4	2.55	182.5	-0.17	75
H096	20.3	13.9	4.5	89.9	3.08	143.5	-0.19	76
H059	12.3	77.8	4.7	80.8	2.68	161.6	-0.21	77
H063	20.7	0.0	6.2	91.4	3.67	159.6	-0.23	78

Continuación...

H062	14.7	56.8	4.4	82.9	3.04	151.6	-0.26	79
H086	19.8	11.7	4.8	87.4	3.77	164.3	-0.27	80
H037	18.7	12.1	5.9	81.2	3.41	170.6	-0.32	81
H003	16.4	19.4	8.4	82.9	3.35	181.9	-0.34	82
H102	21.9	0.0	1.8	80.8	2.82	155.3	-0.36	83
H029	15.1	48.8	3.7	77.6	2.23	176.7	-0.37	84
H066	16.4	30.8	4.8	71.2	3.09	171.9	-0.41	85
H052	16.9	23.7	5.1	73.0	3.37	172.5	-0.43	86
H069	19.7	0.0	4.9	86.8	3.42	178.4	-0.44	87
H024	14.9	37.1	5.0	80.9	2.95	159.5	-0.49	88
<b>Probador</b>	<b>21.3</b>	<b>0.0</b>	<b>0.7</b>	60.4	3.65	153.8	-0.51	
H075	13.4	47.2	4.3	74.3	3.69	155.8	-0.56	89
H055	15.9	22.7	5.1	86.7	3.82	158.1	-0.57	90
H072	19.0	0.0	4.2	85.5	3.81	173.3	-0.58	91
H009	15.1	14.3	8.3	83.2	3.05	162.9	-0.60	92
H098	16.6	8.5	6.5	86.4	3.81	185.1	-0.60	93
H108	17.2	0.0	7.3	85.1	5.10	153.5	-0.61	94
H079	12.7	45.0	5.5	68.9	3.66	165.4	-0.61	95
H044	18.3	0.0	5.0	71.9	3.76	144.3	-0.61	96
H025	17.2	10.2	4.3	82.5	3.13	171.8	-0.64	97
H060	15.6	19.7	5.1	79.5	2.89	163.0	-0.66	98
H031	9.6	61.0	6.9	70.2	1.78	203.7	-0.67	99
H002	17.4	0.0	5.5	77.7	3.17	169.2	-0.70	100
H004	17.1	0.0	5.7	75.8	2.65	176.0	-0.72	101
H011	19.1	0.0	1.6	65.7	4.22	110.7	-0.73	102
H056	16.2	8.8	5.1	71.7	3.85	174.1	-0.74	103
H001	15.6	0.0	8.0	78.0	2.73	179.0	-0.77	104
H070	18.9	0.0	1.3	73.8	3.82	63.6	-0.78	105
H103	15.7	0.0	6.2	84.2	3.10	176.9	-0.87	106
H095	12.1	23.9	7.2	72.3	3.03	162.0	-0.89	107
H061	7.7	34.3	6.9	56.9	1.85	172.0	-1.32	108
<b>Confite</b>	<b>14.0</b>	<b>0.0</b>	<b>2.5</b>	55.7	2.34	120.8	-1.32	
H078	11.3	0.0	6.1	67.7	2.78	153.0	-1.42	109

VE: Volumen de expansión (ml/g), PP: Pericarpio pigmentado (%), RG: Rendimiento de grano (t/ha), PGE: Porcentaje de granos expandidos (%), VR: Volumen de una roseta (ml), AP: Altura de planta (cm), ÍS: índice de selección





**Figura 9. Granos y rosetas de cuatro de los 11 HS seleccionados**

## V. CONCLUSIONES

1. El análisis combinado de tres ambientes y 256 líneas S<sub>1</sub> (genotipos) reveló diferencias estadísticas altamente significativas para ambientes, genotipos y la interacción GxA para los caracteres: días a floración masculina (DFM), altura de planta (AP), pericarpio pigmentado (PP), rendimiento de grano (RG), porcentaje de granos expandidos (PGE), volumen de la roseta (VR) y volumen de expansión (VE). En general, en Huánuco, las características evaluadas tuvieron los promedios más bajos, comparando con los experimentos de La Molina.
2. Los caracteres VE, PGE, PP y RG, presentaron segregación continua cuyos histogramas evidencian que la acción de alelos aditivos son los más importantes. Además de la distribución continua, en los caracteres VE, PGE y RG, se observó cierta dominancia de genes con valores bajos, mientras que para PP se notó la presencia de tres modas, los cuales indicarían la presencia de genes de efectos mayores, además de los aditivos. Considerando el modo de distribución de los caracteres de valor VE y PP, se estableció el índice de presión de selección de 31.25 por ciento, que permitió identificar a 80 líneas S<sub>1</sub> sobresalientes de las cuales doce resultaron ser las más estables.
3. Se generaron 109 híbridos simples (HS) de maíz morado reventón que se evaluaron en La Molina, el HS H021 con 31.1 ml/g de VE superó a todos los genotipos, incluidos los testigos y 67 HS superaron a la población original reventón de la raza Confite quien obtuvo 14.0 ml/g. Veintiún HS tuvieron más del 50 por ciento de las mazorcas con granos de pericarpio pigmentado. Los testigos y la población reventón de la raza Confite presentaron granos incoloros.
4. En relación al RG, 59 HS alcanzaron rendimientos de grano superior a 5.0 t/ha y superaron a los testigos que rindieron por debajo de 4 t/ha. La población original de la raza Confite rindió 2.5 t/ha y fue superada por el RG de 98 HS, quienes obtuvieron como mínimo 4.1 t/ha.
5. Se identificaron 11 híbridos simples promisorios, en base a las características principales VE, PP y RG, con una presión de selección del 10 por ciento.

## **VI. RECOMENDACIONES**

1. Evaluar la estabilidad de los 11 HS promisorios en condiciones de costa y sierra.
2. Catar las palomitas reventadas por: suavidad del pericarpio (cáscara), color, textura y sabor.
3. Determinar la capacidad antioxidante de las rosetas después del tostado.
4. Incrementar el nivel de homocigosis de los progenitores de los HS promisorios.
5. Desarrollar un paquete de manejo agronómico para los HS enfocado en densidades de siembra y dosis de fertilización.
6. Incorporar los 11 HS seleccionados en experimentos de producción sustentable.

## VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abdelghany, A. M., Zhang, S., Azam, M., Shaibu, A. S., Feng, Y., Qi, J., ... & Sun, J. 2021. Exploring the Phenotypic Stability of Soybean Seed Compositions Using Multi-Trait Stability Index Approach. *Agronomy*, 11(11), 2200.
- Aguilar-Hernández, A., Salinas-Moreno, Y., Ramírez-Díaz, J., Alemán-De la Torre, I., Bautista-Ramírez, E. & Flores-López, H. 2019. Anthocyanins and color in grain and cob of peruvian purple corn grown in Jalisco, Mexico. *Revista Mexicana Ciencias Agrícolas*, 10(5), 1071-1082.
- Akbar, W., Murtaza, G., Hussain, A., Hameed, R. A., Javed, H. M., Arshad, M., ... & Mehboob, A. 2020. Pop-1: First ever popcorn open pollinated variety in Pakistan.
- Alexander, D. E. 1988. Breeding special nutritional and industrial types. *Corn and corn improvement*, 18, 869-880.
- Arnhold, E., Viana, J. M. S., Mora, F., Miranda, G. V., & Silva, R. G. 2010. Inbreeding depression and genetic components in Brazilian populations of popcorn. *International Journal of Agriculture and Natural Resources*, 37(3), 125-132.
- Babu, R., Nair, S.K., Kumar, A., Rao, H.S., Verma, P., Gahalain, A., Singh, I.S. and Gupta, H.S. 2006. Mapping QTLs for popping ability in a popcorn× flint corn cross. *Theoretical and Applied Genetics*, 112(7), pp.1392-1399.
- Baranwal, V. K., Mikkilineni, V., Zehr, U. B., Tyagi, A. K., & Kapoor, S. 2012. Heterosis: emerging ideas about hybrid vigour. *Journal of experimental botany*, 63(18), 6309-6314.
- Benakanahalli, N. K., Sridhara, S., Ramesh, N., Olivoto, T., Sreekantappa, G., Tamam, N., ... & Abdelmohsen, S. A. 2021. A Framework for Identification of Stable Genotypes Based on MTSI and MGDII Indexes: An Example in Guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). *Agronomy*, 11(6), 1221.

- Bengosi, F.A.; Akira, M.; Viana, A.; Camargo, H.J.; Sandro, A.; Carlos, M.; Barth, R.J.; Dacal, M. 2015. Herança da capacidade de expansão em quatro cruzamentos de milho pipoca x milho comum. Universidade Estadual de Maringá (UEM), Brasil.
- BID-PROSIANDINO, I. I. C. A. 1991. XIII curso corto. Mejoramiento genético del maíz. Ed. 5. Ecuador. 180p.
- Bilawal, A., Ishfaq, M., Gantumur, M. A., Qayum, A., Shi, R., Fazilani, S. A., ... & Hou, J. 2021. A review of the bioactive ingredients of berries and their applications in curing diseases. *Food Bioscience*, 44, 101407.
- Birchler, J.A., Auger, D.L. and Riddle, N.C. 2003. In search of the molecular basis of heterosis. *The Plant Cell*, 15(10), pp.2236-2239.
- Bruce, A.B. 1910. The Mendelian theory of heredity and the augmentation of vigor. *Science*, 32(827), pp.627-628.
- Burak, R., & Broccoli, A. M. 2004. Effect of genotype x environment interactions in popcorn maize yield and grain quality. *Spanish Journal of Agricultural Research*, (1), 85-92.
- Castro, C. R., Scapim, C. A., Pinto, R. J. B., Ruffato, S., Zeffa, D. M., Ivamoto, S. T., ... & Gonçalves, S. R. D. T. 2022. Adaptability and stability analysis of new popcorn simple hybrids evaluated using additive main effects and multiplicative interaction Bayesian approaches. *Bragantia*, 81.
- Ceylan, M., & Karababa, E. 2002. Comparison of sensory properties of popcorn from various types and sizes of kernel. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 82(1), 127-133.
- Chalker-Scott, L. 1999. Environmental significance of anthocyanins in plant stress responses. *Photochemistry and photobiology*, 70(1), 1-9.
- Chatham, L. A., & Juvik, J. A. 2021. Linking anthocyanin diversity, hue, and genetics in purple corn. *G3*, 11(2), jkaa062.

- Coan, M. M. D., Pinto, R. J. B., Kuki, M. C., do Amaral Júnior, A. T., Figueiredo, A. S. T., Scapim, C. A., & Warburton, M. 2019. Inheritance study for popping expansion in popcorn vs. flint corn genotypes. *Agronomy Journal*, 111(5), 2174-2183.
- Coe Jr, E. H., Neuffer, M. G., & Hoisington, D. A. 1988. The genetics of corn. *Corn and corn improvement*, 18, 81-258.
- Collins, G.N. 1921. Dominance and vigor of first generation hybrids. *The American Naturalist*, 55(637), pp.116-133.
- Cone, K. C. 2007. Anthocyanin synthesis in maize aleurone tissue. In *Endosperm* (pp. 121-139). Springer, Berlin, Heidelberg.
- Crow, J.F. 1948. Alternative hypotheses of hybrid vigor. *Genetics*, 33(5), p.477.
- Crumbaker, D. E., Johnson, I. J., & Eldredge, J. C. 1949. Inheritance of popping volume and associated characters in crosses between popcorn and dent corn 1. *Agronomy journal*, 41(5), 207-212.
- Da Silva, V. Q. R., Júnior, A. A., Scapim, C. A., Júnior, S. F., & Gonçalves, L. S. A. 2010. Inheritance for economically important traits in popcorn from distinct heterotic groups by Hayman's diallel. *Cereal Research Communications*, 38(2), 272-284.
- De Sousa, H. M. V., Cámara, T. M. M., De Oliveira, N. N. S., & Da Silva, C. R. N. 2016. Desempenho agrônômico de genótipos de milho pipoca no nordeste do Estado do Pará. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 15(2), 305-317.
- Dofing, S. M., D'Croz-Mason, N., & Thomas-Compton, M. A. 1991. Inheritance of Expansion Volume and Yield in Two Popcorn× Dent Corn Crosses. *Crop Science*, 31(3), 715-718.
- Duvick, D. N. 1999. Heterosis: feeding people and protecting natural resources. *The genetics and exploitation of heterosis in crops*, 19-29.
- East, E.M. 1908. Inbreeding in corn. *Rep. Conn. Agric. Exp. Stn*, 1907, pp.419-428.

- Elder, A. S., Coupland, J. N., & Elias, R. J. 2019. Antioxidant activity of a winterized, acetic rye bran extract containing alkylresorcinols in oil-in-water emulsions. *Food chemistry*, 272, 174-181.
- Felipe de Mendiburu. 2020. agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research. R package version 1.3-3. <https://CRAN.R-project.org/package=agricolae>
- Ford, R. H. 2000. Inheritance of kernel color in corn: explanations & investigations. *The American Biology Teacher*, 181-188.
- Gómez, J. 2018. Efectos de la fecha de siembra, disponibilidad hídrica y densidad de siembra sobre la determinación del rendimiento y la calidad de maíz Pisingallo (*Zea mays* L. var. everta) (Master's thesis).
- Gongalves, G. M., Mayer, L. B., Souza, R. D., & Ogliari, J. B. 2019. Yield and popping expansion components in local popcorn varieties from Southern Brazil. *Acta Agronómica*, 68(3), 213-221.
- Grobman, A., Salhuana, W., & Sevilla, R. 1961. Races of maize in Peru, their origins, evolution and classification (No. SB191. M2 G75).
- Hayes H. K. 1963. A Professor's Story of Hybrid Corn. Burgess Publishing, Minneapolis, MN.
- Holton, T. A., & Cornish, E. C. 1995. Genetics and biochemistry of anthocyanin biosynthesis. *The Plant Cell*, 7(7), 1071.
- Huanuqueño H., Tobaru, J., Ramos, H., & Gutiérrez, K. 2019. Capacidad productiva y heterosis útil en híbridos no convencionales de maíz morado bajo condiciones de la Universidad Nacional Agraria La Molina. In *Anales Científicos* (Vol. 80, No. 1, pp. 181-189). Universidad Nacional Agraria La Molina.
- Hussain, T., Akram, Z., Shabbir, G., Manaf, A., & Ahmed, M. 2021. Identification of drought tolerant Chickpea genotypes through multi trait stability index. *Saudi Journal of Biological Sciences*.

- Jele, P., Derera, J., & Siwela, M. 2014. Assessment of popping ability of new tropical popcorn hybrids. *Australian Journal of Crop Science*, 8(6), 831-839.
- Jones, D. F. 1918. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 4(8), 246.
- Jones, D.F. 1917. Dominance of linked factors as a means of accounting for heterosis. *Genetics*, 2(5), p.466.
- Jones, D.F. 1918. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 4(8), p.246.
- Júnior, M., & Lidércio, J. 2014. Avaliação das características agrônômicas e de qualidade de híbridos de milho-pipoca para o norte do Paraná.
- Junior, C. V. D., Godoy, S., Gonela, A., Scapim, C. A., Grandis, A., Dos Santos, W. D., ... & Maria de Fátima, P. S. 2022. Biochemical composition of the pericarp cell wall of popcorn inbred lines with different popping expansion. *Current research in food science*, 5, 102-106.
- Keeble, F., Keeble, F., Pellew, C. and Pellew, C. 1910. The mode of inheritance of stature and of time of flowering in peas (*Pisum sativum*). *Journal of Genetics*, 1(01) 47-56.
- Khaldun, A. B. M., Salauddin, A., Uddin, M. S., Mondal, A. A., Haque, M. M., & Islam, M. A. 2010. Analysis of genotype environment interaction in hybrid popcorn genotypes (*Zea mays* L.) using multivariate technique. *SAARC Journal of Agriculture*, 8(1), 70-78.
- Kim, J. T., Yi, G., Chung, I. M., Son, B. Y., Bae, H. H., Go, Y. S., ... & Kim, S. L. 2020. Timing and pattern of anthocyanin accumulation during grain filling in purple waxy corn (*Zea mays* L.) suggest optimal harvest dates. *ACS omega*, 5(25), 15702-15708.
- Kliebenstein, D. J. 2004. Secondary metabolites and plant/environment interactions: a view through *Arabidopsis thaliana* tinged glasses. *Plant, Cell & Environment*, 27(6), 675-684.



- Klug, W. S., Cummings, M. R., Spencer, C. A. 2017. *Essentials of Genetics*. 7th Edition, Higher Education Press, Beijing, 446-464.
- Koo, W. 2022. *Agrodataperu*. Obtenido de Categoría: Maíz Reventón Pop Corn.
- Leonello, L. A. F., Cazetta, D. A., & Fornasieri Filho, D. 2009. Características agronômicas e qualidade comercial de cultivares de milho pipoca em alta população. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 31, 215-220.
- Lu, H. J., Bernardo, R., & Ohm, H. 2003. Mapping QTL for popping expansion volume in popcorn with simple sequence repeat markers. *Theoretical and applied genetics*, 106(3), 423-427.
- MacRobert, J. F., P. S. Setimela, J. Gethi y M. Worku. 2014. *Manual de producción de semilla de maíz híbrido*. México, D.F.: CIMMYT
- Miranda, G.V., De Souza, L.V., Galvão, J.C.C., Guimarães, L.J.M., De Melo, A.V. and Dos Santos, I.C. 2008. Genetic variability and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. *Euphytica*, 162(3), pp.431-440.
- Mosunova, O., Navarro-Muñoz, J. C., & Collemare, J. 2020. *The biosynthesis of fungal secondary metabolites: from fundamentals to biotechnological applications, reference module in life sciences*. Elsevier Inc.
- Nataraj, V., Bhartiya, A., Singh, C. P., Devi, H. N., Deshmukh, M. P., Verghese, P., ... & Gupta, S. 2021. WAASB-based stability analysis and simultaneous selection for grain yield and early maturity in soybean. *Agronomy Journal*, 113(4), 3089-3099.
- Nilsson-Ehle, H. 1909. *Kreuzungsuntersuchungen an hafer und weizen* (Vol. 5, No. 2). H. Ohlssons buchdruckerei.
- Ochoa-Jiménez, V. A., Tafolla-Arellano, J. C., Berumen-Varela, G., & Tiznado-Hernández, M. E. 2019. *Biotechnology of Horticultural Commodities*. In *Postharvest Technology of Perishable Horticultural Commodities* (pp. 695-708). Woodhead Publishing.

- Olivoto, T., & Lúcio, A. D. C. 2020. metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(6), 783-789.
- Olivoto, T., Lúcio, A. D., da Silva, J. A., Sari, B. G., & Diel, M. I. 2019. Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6), 2961-2969.
- Olivoto, T., Nardino, M., Meira, D., Meier, C., Follmann, D. N., de Souza, V. Q., ... & Baretta, D. 2021. Multi-trait selection for mean performance and stability in maize. *Agronomy Journal*, 113(5), 3968-3974.
- Padmaja, P. G., Kalaisekar, A., Tonapi, V. A., & Madhusudhana, R. 2022. A multi-season analysis of barnyard millet (*Echinochloa frumentacea*) germplasm lines for shoot fly resistance and multi-trait stability. *Plant Breeding*.
- Paliwal, R. L. 2001. El maíz en los trópicos: mejoramiento y producción (No. 28). Food & Agriculture Org.
- Paliwal, R.L. 1987. CIMMYT's expanded maize improvement program. In 2. Asian Regional Maize Workshop, Jakarta; East Java (Indonesia), 27 Apr-3 May 1986. CIMMYT.
- Paraginski, R. T., de Souza, N. L., Alves, G. H., Ziegler, V., de Oliveira, M., & Elias, M. C. 2016. Sensory and nutritional evaluation of popcorn kernels with yellow, white and red pericarps expanded in different ways. *Journal of Cereal Science*, 69, 383-391.
- Peniche, H. A., & Tiessen, A. 2020. Anthocyanin profiling of maize grains using DIESI-MSQD reveals that cyanidin-based derivatives predominate in purple corn, whereas pelargonidin-based molecules occur in red-pink varieties from Mexico. *Journal of agricultural and food chemistry*, 68(21), 5980-5994.
- Pereira, M. G., & Amaral Júnior, A. T. 2001. Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop breeding and Applied biotechnology*, 1(1).

- Peterson, B. G., Carl, P., Boudt, K., Bennett, R., Ulrich, J., Zivot, E., ... & Wuertz, D. 2018. Package 'performanceanalytics'. R Team Cooperation, 3, 13-14.
- Pordesimo, L. O., Anantheswaran, R. C., Fleischmann, A. M., Lin, Y. E., & Hanna, M. A. 1990. Physical properties as indicators of popping characteristics of microwave popcorn. *Journal of Food Science*, 55(5), 1352-1355.
- Ramírez, E. B., Varela, A. S., Téllez, L. C., Orozco, A. M., Sánchez, H. L., & Esquivel, G. E. 2020. Rendimiento y capacidad de expansión del grano de maíz en la raza Palomero Toluqueño. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 11(7), 1607-1618.
- Richey, F.D. 1942. Mock-dominance and hybrid vigor. *Science*, 96(2490), pp.280-281.
- Rinaldi, D. A., Pípolo, V. C., Gerage, A. C., Ruas, C. D. F., Fonseca Júnior, N. D. S., Souza, A. D., ... & Garbuglio, D. D. 2007. Correlação entre heterose e divergência genética estimadas por cruzamentos dialélicos e marcadores moleculares RAPD em populações de milho-pipoca. *Bragantia*, 66(2), 183-192.
- Rodvalho, M., Mora, F., Arriagada, O., Maldonado, C., Arnhold, E., & Scapim, C. A. 2014. Genetic evaluation of popcorn families using a Bayesian approach via the independence chain algorithm. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 14(4), 261-265.
- Rooney, L.W. & Serna-Saldívar, S.O. 1987. Food uses of whole corn and dry-milled fractions. In S.A. Watson & P.R. Ramstad, eds. *Corn: chemistry and technology*, p. 399-430. St Paul, MN, USA, American Association of cereal Chemists.
- Russell, W. A., & Hallauer, A. R. 1980. Corn. Hybridization of crop plants, 299-312.
- Sa, K. J., Choi, I. Y., & Lee, J. K. 2020. The comparative gene expression concern to the seed pigmentation in maize (*Zea mays* L.). *Genomics & Informatics*, 18(3).
- Salhuana, W. S. 2004. Programa Cooperativo de Investigaciones en Maíz (PCIM): logros y perspectivas: 50o aniversario. Universidad Nacional Agraria La Molina.

- Scapim, C. A., Pacheco, C. A. P., do Amaral Júnior, A. T., Vieira, R. A., Pinto, R. J. B., & Conrado, T. V. 2010. Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. *Euphytica*, 174(2), 209-218.
- Schegoscheski, I. F., Teixeira, A., Ferreira, G., Moreira, L. J., de Lima, V. J., Vivas, M., ... & Kamphorst, S. H. 2019. Genetic effects on the efficiency and responsiveness to phosphorus use in popcorn as estimated by diallel analysis. *PloS one*, 14(5), e0216980.
- Schnell, F.W. and Cockerham, C.C. 1992. Multiplicative vs. arbitrary gene action in heterosis. *Genetics*, 131(2), pp.461-469.
- Schulz, M., & Chim, J. F. 2019. Nutritional and bioactive value of Rubus berries. *Food Bioscience*, 31, 100438.
- Seidl, F., Linder, R., & Ehrenreich, I. M. 2016. Quantitative Trait Variation, Molecular Basis of.
- Selinger, D. A., & Chandler, V. L. 1999. A mutation in the pale aleurone color1 gene identifies a novel regulator of the maize anthocyanin pathway. *The Plant Cell*, 11(1), 5-14.
- Sellami, M. H., Pulvento, C., & Lavini, A. 2021. Selection of Suitable Genotypes of Lentil (*Lens culinaris* Medik.) under Rainfed Conditions in South Italy Using Multi-Trait Stability Index (MTSI). *Agronomy*, 11(9), 1807.
- Sevilla R. 1993. Mejoramiento genético del maíz en la Sierra del Perú. En: Actas de las Sesiones de Avances de Investigación. ANCYT. Tomo 1, N° 1. Marzo, 1993. Lima, Perú.
- Seyoum, S., Rachaputi, R., Fekybelu, S., Chauhan, Y., & Prasanna, B. 2019. Exploiting genotype x environment x management interactions to enhance maize productivity in Ethiopia. *European Journal of Agronomy*, 103, 165-174.
- Sharifi, P., Erfani, A., Abbasian, A., & Mohaddesi, A. 2020. Stability of some of rice genotypes based on WAASB and MTSI indices. *Iranian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 9(2), 1-11.

- Shull G. H. 1952. Beginnings of the heterosis concept. In *Heterosis*, J.W. Gowen (ed.), pp. 14–48. Iowa State University. Press, Ames, IA.
- Shull, G.H. 1909. A pure-line method in corn breeding. *Journal of Heredity*, (1), pp.51-58.
- Silva, T. R. D. C., Amaral Júnior, A. T. D., Gonçalves, L. S. A., Candido, L. S., Vittorazzi, C., & Scapim, C. A. 2013. Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35, 57-63.
- Simon, G. A., Scapim, C. A., Moraes, R. N. O., da Rocha Gomes, L. R., & Kuki, M. C. 2020. Genotype-environment interaction on baby corn production. *Semina: Ciências Agrárias*, 41(2), 383-394.
- Soylu, S., & Tekkanat, A. 2007. Interactions amongst kernel properties and expansion volume in various popcorn genotypes. *Journal of Food Engineering*, 80(1), 336-341.
- SUNAT. 2021. Reporte de Importaciones por Subpartida Nacional/País Origen. Recuperado de <https://www.sunat.gob.pe/operatividadaduanera/index.html>
- Thakur, M., Bhattacharya, S., Khosla, P. K., & Puri, S. 2019. Improving production of plant secondary metabolites through biotic and abiotic elicitation. *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants*, 12, 1-12.
- Trejo Pastor, V. 2020. Identificación de marcadores moleculares asociados con la capacidad de expansión en maíz palomero mediante análisis de segregantes en masa.
- Vargas, J., & Quezada, M. A. 2021. Rendimiento de cuatro variedades de maíz (*Zea Maíz L.*) Establecidas en la estación experimental Sapecho, Alto Beni-Bolivia. *Revista de Investigación e Innovación Agropecuaria y de Recursos Naturales*, 8(2), 38-45.
- Vasal, S.K., Cordova, H., Beck, D.L. and Edmeades, G.O. 1996. March. Choices among breeding procedures and strategies for developing stress-tolerant maize germplasm. In *Developing Drought and Low N-Tolerant Maize. Proceedings of a Symposium* (pp. 336-347).

- Vasal, S.K., Srinivasan, G., Beck, D.L., Crossa, J., Pandey, S. and De Leon, C. 1992. Heterosis and combining ability of CIMMYT's tropical late white maize germplasm. *Maydica*, 37(2), pp.217-223.
- Vitorazzi, C., Júnior, A. T. A., Candido, L. S., Freitas, I. L. D. J., & Silva, T. R. D. C. 2017. Arranjo populacional para a variedade UENF-14 de milho pipoca. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 16(3), 401-413.
- Wallace H. A. & Brown W. 1956. *Corn and its early fathers*. Michigan St. University Press, East Lansing, MI.
- Wang, Z., Sun, L., Fang, Z., Nisar, T., Zou, L., Li, D., & Guo, Y. 2021. *Lycium ruthenicum* Murray anthocyanins effectively inhibit  $\alpha$ -glucosidase activity and alleviate insulin resistance. *Food Bioscience*, 41, 100949.
- Watson, S.A. 1988. Corn marketing, processing, and utilization. In G.F. Sprague & J.W. Dudley, eds. *Corn and corn improvement*, p. 882-940. Madison, WI, USA, American Society of Agronomy.
- Wickham, H. 2016. *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York, 2016. <https://ggplot2.tidyverse.org>
- Winkel-Shirley, B. 2002. Biosynthesis of flavonoids and effects of stress. *Current opinion in plant biology*, 5(3), 218-223.
- Wurtzel, E. T., Cuttriss, A., & Vallabhaneni, R. 2012. Maize provitamin A carotenoid, current resources, and future metabolic engineering challenges. *Frontiers in Plant Science*, 3, 29.
- Yue, H., Wei, J., Xie, J., Chen, S., Peng, H., Cao, H., ... & Jiang, X. 2022. A Study on Genotype-by-Environment Interaction Analysis for Agronomic Traits of Maize Genotypes Across Huang-Huai-Hai Region in China. *Phyton*, 91(1), 57.

- Zhang, T., Jia, X., & Xu, Z. 2018. An Alternative Analysis on Nilsson-Ehle's Hybridization Experiment in Wheat—Theory of Dual Multiple Factors and Three Normal Distributions on Quantitative Inheritance (Continuation). *Applied Mathematics*, 9(08), 1005.
- Ziegler, K.E. 2001. Popcorn. In: Hallauer, A.R., (editor) *Specialty Corns*. CRC Press, USA. p.199-234.
- Žilić, S., Serpen, A., Akıllıoğlu, G., Gökmen, V., & Vančetović, J. 2012. Phenolic compounds, carotenoids, anthocyanins, and antioxidant capacity of colored maize (*Zea mays* L.) kernels. *Journal of Agricultural and food chemistry*, 60(5), 1224-1231.
- Zuffo, A. M., Steiner, F., Aguilera, J. G., Teodoro, P. E., Teodoro, L. P. R., & Busch, A. 2020. Multi-trait stability index: A tool for simultaneous selection of soya bean genotypes in drought and saline stress. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 206(6), 815-822.

## VIII. ANEXOS

**Tabla 23. Comparación de medias de volumen de expansión para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina**

Genotipo	Volumen de expansión (ml/g)	Significación estadística
H021	31.1	a
H048	29.0	ab
Testigo_7	26.8	bc
H033	26.5	bcd
H104	25.8	bcde
<b>Testigo_comercial</b>	<b>25.4</b>	bcdef
H090	25.2	bcdefg
H084	25.0	bcdefgh
H088	24.6	cdefghi
H105	24.3	cdefghij
H042	24.1	cdefghijk
Testigo_6	24.1	cdefghijkl
H014	24.0	cdefghijkl
H076	23.8	cdefghijklm
H065	23.7	cdefghijklm
H049	23.7	cdefghijklm
H017	23.6	cdefghijklmn
H050	23.5	cdefghijklmno
Testigo_1	23.4	cdefghijklmnop
H007	23.4	cdefghijklmnopq
H046	23.2	cdefghijklmnopqr
H074	22.9	cdefghijklmnopqrs
H012	22.7	cdefghijklmnopqrst
H051	22.6	defghijklmnopqrst
Testigo_2	22.5	defghijklmnopqrstu
H106	22.4	defghijklmnopqrstuv
H087	22.2	efghijklmnopqrstuvw
H109	22.1	efghijklmnopqrstuvw
H058	22.0	efghijklmnopqrstuvw
H085	22.0	efghijklmnopqrstuvw
H067	22.0	efghijklmnopqrstuvw
H068	21.9	efghijklmnopqrstuvw
H102	21.9	efghijklmnopqrstuvw
H028	21.9	efghijklmnopqrstuvw
H093	21.5	fghijklmnopqrstuvw
H053	21.4	fghijklmnopqrstuvw



Continuación...

H094	21.4	fghijklmnopqrstuvwxyz
<b>Probador</b>	<b>21.3</b>	fghijklmnopqrstuvwxyz
H016	21.3	fghijklmnopqrstuvwxyz
H022	21.2	ghijklmnopqrstuvwxyz
H020	21.1	ghijklmnopqrstuvwxyz
H023	21.1	ghijklmnopqrstuvwxyzA
H038	21.0	hijklmnopqrstuvwxyzAB
H026	21.0	hijklmnopqrstuvwxyzAB
H063	20.7	ijklmnopqrstuvwxyzABC
H096	20.3	ijklmnopqrstuvwxyzABCD
H013	20.2	jklmnopqrstuvwxyzABCDE
H092	20.0	klmnopqrstuvwxyzABCDEF
H027	19.9	lmnopqrstuvwxyzABCDEF
H107	19.9	mnopqrstuvwxyzABCDEF
H043	19.8	mnopqrstuvwxyzABCDEFG
H054	19.8	mnopqrstuvwxyzABCDEFG
H091	19.8	mnopqrstuvwxyzABCDEFGH
H080	19.8	mnopqrstuvwxyzABCDEFGHI
Testigo_4	19.8	mnopqrstuvwxyzABCDEFGHI
H086	19.8	mnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJ
H069	19.7	mnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJK
H019	19.7	mnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H008	19.6	mnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
Testigo_5	19.5	nopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H035	19.4	opqrstuvwxyzABCDEFGHIJKLM
H032	19.3	pqrstuvwxyzABCDEFGHIJKLM
H097	19.3	pqrstuvwxyzABCDEFGHIJKLM
H077	19.2	qrstuvwxyzABCDEFGHIJKLMN
Testigo_9	19.2	qrstuvwxyzABCDEFGHIJKLMNO
H083	19.2	rstuvwxyzABCDEFGHIJKLMNO
H011	19.1	rstuvwxyzABCDEFGHIJKLMNO
H072	19.0	stuvwxyzABCDEFGHIJKLMNOP
H099	18.9	stuvwxyzABCDEFGHIJKLMNOP
H070	18.9	stuvwxyzABCDEFGHIJKLMNOP
H040	18.8	stuvwxyzABCDEFGHIJKLMNOP
H039	18.8	stuvwxyzABCDEFGHIJKLMNOP
H037	18.7	tuvwxyzABCDEFGHIJKLMNOP
H018	18.7	tuvwxyzABCDEFGHIJKLMNOP
H010	18.4	uvwxyzABCDEFGHIJKLMNOP
H044	18.3	vxyzABCDEFGHIJKLMNOP
H064	18.3	vxyzABCDEFGHIJKLMNOPQ
H071	18.3	vxyzABCDEFGHIJKLMNOPQ
H081	18.2	wxyzABCDEFGHIJKLMNOPQ

Continuación...

Testigo_8	18.1	wxyzABCDEFGHJKLMNOPQ
H045	18.1	wxyzABCDEFGHJKLMNOPQ
H073	18.0	wxyzABCDEFGHJKLMNOPQ
H005	17.6	xyzABCDEFGHJKLMNOPQR
H030	17.5	xyzABCDEFGHJKLMNOPQR
H002	17.4	xyzABCDEFGHJKLMNOPQR
H025	17.2	xyzABCDEFGHJKLMNOPQR
H108	17.2	yzABCDEFGHJKLMNOPQR
H034	17.2	zABCDEFGHJKLMNOPQR
H004	17.1	zABCDEFGHJKLMNOPQR
H052	16.9	ABCDEFGHJKLMNOPQR
H015	16.8	BCDEFGHJKLMNOPQRS
Testigo_3	16.7	CDEFGHJKLMNOPQRS
H098	16.6	CDEFGHJKLMNOPQRS
H003	16.4	DEFGHIJKLMNOPQRST
H066	16.4	DEFGHIJKLMNOPQRST
H056	16.2	DEFGHIJKLMNOPQRSTU
H036	16.0	EFGHIJKLMNOPQRSTU
H101	16.0	FGHIJKLMNOPQRSTU
H082	16.0	FGHIJKLMNOPQRSTU
H055	15.9	FGHIJKLMNOPQRSTU
H103	15.7	GHIJKLMNOPQRSTUV
H047	15.7	HIJKLMNOPQRSTUV
H089	15.6	HJKLMNOPQRSTUV
H060	15.6	IKLMNOPQRSTUVWXYZ
H001	15.6	LMNOPQRSTUVWXYZ
H057	15.6	LMNOPQRSTUVWXYZ
H041	15.3	MNOPQRSTUVWXYZ
H029	15.1	NOPQRSTUVWXYZ
H009	15.1	NOPQRSTUVWXYZ
H024	14.9	OPQRSTUVWXYZ
H062	14.7	PQRSTUVWXYZ
<b>Confite</b>	<b>14.0</b>	<b>QRSTUVWXYZ</b>
H075	13.4	RSTUVWXY
H079	12.7	STUVWXY
H059	12.3	TUVWXY
H095	12.1	UVWXY
H006	11.6	VWXYZ
H078	11.3	WXYZ
H100	10.4	XYZ
H061	7.7	Z

DMS = Diferencia Mínima Significativa; Promedios con letras iguales en columna Significación estadística no difieren estadísticamente (Tukey,  $p > 0.05$ )

**Tabla 24. Comparación de medias de pigmentación del pericarpio para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina**

Genotipo	Pigmentación del pericarpio (%)	Significación estadística
H100	100.0	a
H082	100.0	a
H045	99.5	a
H089	97.5	ab
H006	93.9	ab
H041	88.5	b
H099	78.3	c
H067	77.8	c
H059	77.8	c
H081	75.0	cd
H047	73.7	cd
H087	72.4	cd
H030	67.9	de
H031	61.0	ef
H101	58.5	efg
H036	57.5	fgh
H062	56.8	fghi
H057	56.1	fghi
H016	55.1	fghij
H020	53.0	fghijk
H068	51.6	fghijkl
H029	48.8	ghijklm
H027	48.6	hijklm
H064	48.6	hijklm
H071	48.2	hijklmn
H075	47.2	ijklmno
H005	46.1	jklmnop
H079	45.0	klmnopq
H015	43.1	lmnopqr
H074	42.3	lmnopqr
H080	40.8	mnopqrs
H085	40.7	mnopqrs
H008	40.5	mnopqrs
H014	38.9	nopqrst
H023	38.8	nopqrst
H033	38.6	nopqrst
H073	38.3	opqrst
H019	37.3	pqrst
H012	37.2	pqrst

Continuación...

H024	37.1	pqrst
H107	36.7	pqrst
H039	35.9	qrstu
H091	35.5	qrstu
H034	35.3	rstuv
H061	34.3	rstuvw
H088	34.2	rstuvw
H077	33.8	rstuvw
H058	33.8	rstuvw
H049	33.7	rstuvw
H083	32.4	stuvwx
H093	32.0	stuvwxy
H106	31.2	stuvwxyz
H066	30.8	tuvwxyz
H010	30.8	tuvwxyz
H097	30.3	tuvwxyzA
H105	30.0	tuvwxyzA
H038	29.3	tuvwxyzAB
H104	26.8	uvwxyzABC
H021	25.8	vwxyzABC
H007	25.1	wxyzABC
H095	23.9	xyzABCD
H092	23.8	xyzABCD
H052	23.7	xyzABCD
H018	23.4	xyzABCDE
H094	23.4	xyzABCDE
H055	22.7	yzABCDE
H054	22.5	yzABCDE
H043	22.5	yzABCDE
H013	22.5	yzABCDE
H032	21.8	zABCDEF
H026	21.6	zABCDEF
H084	21.1	ABCDEFGH
H040	20.0	BCDEFGH
H060	19.7	BCDEFGHI
H003	19.4	CDEFGHI
H048	17.7	CDEFGHIJ
H009	14.3	DEFGHIJK
H096	13.9	EFGHIJK
H037	12.1	FGHIJK
H086	11.7	GHIJK
H022	11.3	HIJK
H035	11.0	HIJK

Continuación...

H025	10.2	IJK
H056	8.8	JKL
H098	8.5	JKL
H028	7.0	KL
Testigo_1	5.6	KL
Testigo_4	0.0	L
H044	0.0	L
H108	0.0	L
H102	0.0	L
Testigo_7	0.0	L
H051	0.0	L
Testigo_2	0.0	L
Testigo_3	0.0	L
<b>Testigo_comercial</b>	<b>0.0</b>	L
H103	0.0	L
H065	0.0	L
H046	0.0	L
H001	0.0	L
H017	0.0	L
H109	0.0	L
<b>Probador</b>	<b>0.0</b>	L
H063	0.0	L
H072	0.0	L
Testigo_9	0.0	L
Testigo_6	0.0	L
<b>Confite</b>	<b>0.0</b>	L
H002	0.0	L
H070	0.0	L
Testigo_5	0.0	L
H069	0.0	L
H076	0.0	L
H004	0.0	L
H050	0.0	L
H011	0.0	L
H078	0.0	L
Testigo_8	0.0	L
H053	0.0	L
H042	0.0	L
H090	0.0	L

---

DMS = Diferencia Mínima Significativa; Promedios con letras iguales en columna Significación estadística no difieren estadísticamente (Tukey,  $p > 0.05$ )

**Tabla 25. Comparación de medias de rendimiento de grano para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina**

Genotipo	Rendimiento de grano (t/ha)	Significación estadística
H008	9.2	a
H041	8.6	ab
H003	8.4	abc
H009	8.3	abc
H001	8.0	abcd
H080	7.9	abcde
H077	7.8	abcdef
H007	7.6	bcdefg
H043	7.5	bcdefgh
H012	7.4	bcdefghi
H053	7.3	bcdefghi
H035	7.3	bcdefghi
H028	7.3	bcdefghi
H108	7.3	bcdefghi
H095	7.2	bcdefghij
H045	7.1	bcdefghijk
H050	7.1	bcdefghijk
H032	7.0	cdefghijkl
H101	7.0	cdefghijklm
H006	7.0	cdefghijklmn
H031	6.9	cdefghijklmno
H061	6.9	cdefghijklmno
H085	6.9	cdefghijklmno
H074	6.8	defghijklmnop
H018	6.7	defghijklmnop
H040	6.7	defghijklmnop
H091	6.7	defghijklmnopq
H105	6.6	defghijklmnopqr
H084	6.6	defghijklmnopqr
H034	6.6	defghijklmnopqr
H098	6.5	defghijklmnopqrs
H036	6.5	defghijklmnopqrst
H047	6.5	defghijklmnopqrst
H071	6.4	defghijklmnopqrstu
H005	6.3	efghijklmnopqrstuv
H020	6.3	fghijklmnopqrstuvw
H039	6.3	fghijklmnopqrstuvw
H042	6.2	ghijklmnopqrstuvwxy
H063	6.2	ghijklmnopqrstuvwxy

Continuación...

H021	6.2	ghijklmnopqrstuvwxyz
H104	6.2	ghijklmnopqrstuvwxyz
H103	6.2	ghijklmnopqrstuvwxyz
H068	6.1	ghijklmnopqrstuvwxyz
H106	6.1	ghijklmnopqrstuvwxyz
H083	6.1	ghijklmnopqrstuvwxyz
H109	6.1	ghijklmnopqrstuvwxyz
H078	6.1	ghijklmnopqrstuvwxyz
H093	6.1	ghijklmnopqrstuvwxyz
H048	6.1	ghijklmnopqrstuvwxyz
H100	6.0	hijklmnopqrstuvwxyzA
H087	6.0	hijklmnopqrstuvwxyzA
H019	6.0	ijklmnopqrstuvwxyzAB
H037	5.9	ijklmnopqrstuvwxyzABC
H057	5.7	jklmnopqrstuvwxyzABCD
H004	5.7	klmnopqrstuvwxyzABCD
H058	5.6	klmnopqrstuvwxyzABCD
H017	5.5	klmnopqrstuvwxyzABCD
H002	5.5	lmnopqrstuvwxyzABCD
H014	5.5	lmnopqrstuvwxyzABCD
H079	5.5	lmnopqrstuvwxyzABCDE
H022	5.5	mnopqrstuvwxyzABCDE
H076	5.4	nopqrstuvwxyzABCDE
H016	5.4	opqrstuvwxyzABCDE
H023	5.3	pqrstuvwxyzABCDEF
H046	5.2	qrstuvwxyzABCDEF
H054	5.2	qrstuvwxyzABCDEF
H013	5.2	rstuvwxyzABCDEFGH
H065	5.1	rstuvwxyzABCDEFGH
H056	5.1	rstuvwxyzABCDEFGH
H055	5.1	rstuvwxyzABCDEFGH
H052	5.1	rstuvwxyzABCDEFGH
H033	5.1	rstuvwxyzABCDEFGH
H060	5.1	rstuvwxyzABCDEFGH
H099	5.0	stuvwxyzABCDEFGH
H024	5.0	tuvwxyzABCDEFGH
H044	5.0	uvwxyzABCDEFGH
H094	5.0	uvwxyzABCDEFGH
H092	4.9	uvwxyzABCDEFGH
H073	4.9	uvwxyzABCDEFGH
H069	4.9	vxyzABCDEFGH
H107	4.9	vxyzABCDEFGH
H089	4.9	vxyzABCDEFGH

Continuación...

H067	4.8	vwxyzABCDEFGH
H082	4.8	wxyzABCDEFGH
H086	4.8	wxyzABCDEFGH
H066	4.8	wxyzABCDEFGH
H015	4.7	xyzABCDEFGH
H059	4.7	yzABCDEFGHI
H051	4.6	zABCDEFGHI
H010	4.5	ABCDEFGHI
H096	4.5	BCDEFGHIJ
H062	4.4	CDEFGHIJ
H088	4.4	DEFGHIJ
H075	4.3	DEFGHIJK
H097	4.3	DEFGHIJK
H025	4.3	DEFGHIJK
H072	4.2	DEFGHIJKL
H064	4.2	DEFGHIJKL
Testigo_9	4.0	EFGHIJKLM
H026	3.8	FGHIJKLM
H029	3.7	GHIJKLM
H038	3.6	HIJKLM
<b>Testigo_comercial</b>	<b>3.2</b>	IJKLMN
H030	3.2	IJKLMN
H090	3.0	JKLMNO
H027	2.8	KLMNOP
H049	2.7	LMNOP
H081	2.6	MNOPQ
<b>Confite</b>	<b>2.5</b>	MNOPQ
H102	1.8	NOPQR
Testigo_7	1.8	NOPQR
Testigo_4	1.7	NOPQR
Testigo_5	1.7	NOPQR
Testigo_1	1.6	OPQR
H011	1.6	OPQR
Testigo_3	1.5	OPQR
H070	1.3	PQR
Testigo_6	1.1	QR
Testigo_2	0.8	R
<b>Probador</b>	<b>0.7</b>	R
Testigo_8	0.6	R

DMS = Diferencia Mínima Significativa; Promedios con letras iguales en columna Significación estadística no difieren estadísticamente (Tukey,  $p > 0.05$ )



**Tabla 26. Comparación de medias de porcentaje de granos expandidos para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina**

Genotipo	Porcentaje de granos expandidos (%)	Significación estadística
H058	94.0	a
H030	94.0	a
H014	93.2	ab
H051	93.0	ab
H012	92.7	abc
H087	91.9	abcd
H033	91.7	abcd
H093	91.6	abcd
H105	91.5	abcd
H063	91.4	abcd
H041	91.3	abcd
H021	91.2	abcd
H010	90.7	abcde
H080	90.4	abcde
H091	90.3	abcde
H081	90.0	abcdef
H109	90.0	abcdefg
H096	89.9	abcdefg
H042	89.6	abcdefg
H005	89.5	abcdefg
H022	88.8	abcdefgh
H084	88.7	abcdefgh
H076	88.6	abcdefgh
H040	88.4	abcdefghi
H094	88.3	abcdefghi
<b>Testigo_comercial</b>	88.1	abcdefghi
H007	88.0	abcdefghi
H035	87.8	abcdefghij
Testigo_5	87.7	abcdefghij
H086	87.4	abcdefghijk
H107	87.1	abcdefghijk
H069	86.8	abcdefghijk
H055	86.7	abcdefghijk
H071	86.6	abcdefghijk
H048	86.5	abcdefghijk
H073	86.5	abcdefghijk
H020	86.5	abcdefghijkl
H026	86.4	abcdefghijkl
H098	86.4	abcdefghijkl

Continuación...

H092	86.3	abcdefghijkl
H101	86.3	abcdefghijkl
H038	85.6	abcdefghijkl
H072	85.5	abcdefghijkl
H036	85.2	abcdefghijklm
H043	85.2	abcdefghijklm
H108	85.1	abcdefghijklm
H028	84.8	abcdefghijklm
H077	84.8	abcdefghijklm
H027	84.5	abcdefghijklm
H039	84.4	abcdefghijklm
H103	84.2	abcdefghijklmn
H083	83.8	abcdefghijklmno
H067	83.6	abcdefghijklmno
H009	83.2	abcdefghijklmno
H085	82.9	abcdefghijklmno
H062	82.9	abcdefghijklmno
H003	82.9	abcdefghijklmno
H013	82.5	abcdefghijklmno
H025	82.5	abcdefghijklmno
H057	82.3	abcdefghijklmnop
H074	82.2	abcdefghijklmnop
H068	82.2	abcdefghijklmnop
H090	82.0	abcdefghijklmnop
H049	81.9	abcdefghijklmnop
H099	81.6	abcdefghijklmnop
H065	81.4	abcdefghijklmnop
H037	81.2	abcdefghijklmnop
H024	80.9	abcdefghijklmnopq
H102	80.8	abcdefghijklmnopq
H104	80.8	abcdefghijklmnopq
H059	80.8	abcdefghijklmnopq
H089	80.8	abcdefghijklmnopq
H016	80.4	abcdefghijklmnopq
H046	80.2	abcdefghijklmnopq
H100	79.8	abcdefghijklmnopq
H082	79.7	abcdefghijklmnopq
H060	79.5	abcdefghijklmnopq
H034	79.1	abcdefghijklmnopq
H018	79.0	abcdefghijklmnopq
H019	78.9	abcdefghijklmnopq
H032	78.7	abcdefghijklmnopq
H097	78.7	abcdefghijklmnopq

Continuación...

H017	78.6	abcdefghijklmnpq
H064	78.6	abcdefghijklmnpq
Testigo_7	78.4	abcdefghijklmnpqr
H088	78.3	abcdefghijklmnpqr
H001	78.0	abcdefghijklmnpqr
Testigo_2	78.0	abcdefghijklmnpqr
H002	77.7	bcdefghijklmnpqr
H029	77.6	bcdefghijklmnpqr
Testigo_9	77.6	bcdefghijklmnpqr
H106	77.5	bcdefghijklmnpqr
H015	77.4	bcdefghijklmnpqr
H006	77.4	bcdefghijklmnpqr
Testigo_6	77.2	bcdefghijklmnpqr
Testigo_3	76.4	cdefghijklmnopqrs
H050	76.3	defghijklmnopqrs
H023	76.0	defghijklmnopqrs
H004	75.8	defghijklmnopqrs
H053	74.4	efghijklmnopqrs
H075	74.3	efghijklmnopqrs
H070	73.8	fghijklmnopqrs
H045	73.8	fghijklmnopqrs
H008	73.5	ghijklmnopqrs
H052	73.0	hijklmnopqrst
H095	72.3	ijklmnopqrstu
H044	71.9	ijklmnopqrstu
H056	71.7	jklmnopqrstu
H066	71.2	klmnopqrstuv
H031	70.2	lmnopqrstuv
H047	69.1	mnopqrstuv
H079	68.9	mnopqrstuv
H054	67.7	nopqrstuv
H078	67.7	opqrstuv
H011	65.7	pqrstuv
Testigo_4	64.8	qrstuv
Testigo_8	62.2	rstuv
<b>Probador</b>	60.4	stuv
H061	56.9	tuv
<b>Confite</b>	55.7	uv
Testigo_1	55.3	v

DMS = Diferencia Mínima Significativa; Promedios con letras iguales en columna Significación estadística no difieren estadísticamente (Tukey,  $p > 0.05$ )

**Tabla 27. Comparación de medias de volumen de una roseta para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina**

Genotipo	Volumen de una roseta (ml)	Significación estadística
H106	8.08	a
Testigo_6	6.51	b
H048	5.35	c
H088	5.34	c
H065	5.11	cd
H108	5.10	cd
H085	5.00	cde
H050	4.82	cdef
H109	4.56	cdefg
H074	4.53	cdefgh
H046	4.41	cdefghi
H084	4.40	cdefghij
H038	4.39	cdefghijk
H033	4.37	cdefghijkl
H017	4.36	cdefghijklm
H049	4.35	defghijklm
H042	4.34	defghijklmn
H076	4.34	defghijklmno
H043	4.32	defghijklmnop
H058	4.27	defghijklmnopq
H053	4.25	defghijklmnopqr
H011	4.22	defghijklmnopqrs
H021	4.15	defghijklmnopqrst
H028	4.13	defghijklmnopqrstu
H032	4.11	efghijklmnopqrstuv
H027	4.04	efghijklmnopqrstuvw
Testigo_7	4.03	efghijklmnopqrstuvwxy
H012	4.03	efghijklmnopqrstuvwxy
H016	4.02	efghijklmnopqrstuvwxyz
<b>Testigo_comercial</b>	3.99	fghijklmnopqrstuvwxyzA
H077	3.97	fghijklmnopqrstuvwxyzA
H071	3.96	fghijklmnopqrstuvwxyzA
H026	3.95	fghijklmnopqrstuvwxyzA
H019	3.92	fghijklmnopqrstuvwxyzAB
Testigo_4	3.89	fghijklmnopqrstuvwxyzAB
H051	3.89	fghijklmnopqrstuvwxyzAB
H014	3.87	fghijklmnopqrstuvwxyzAB
H083	3.87	fghijklmnopqrstuvwxyzAB
Testigo_1	3.86	fghijklmnopqrstuvwxyzABC

Continuación...

H094	3.86	fghijklmnopqrstuvwxyzABC
H056	3.85	fghijklmnopqrstuvwxyzABC
H087	3.83	fghijklmnopqrstuvwxyzABC
H007	3.83	ghijklmnopqrstuvwxyzABC
H070	3.82	ghijklmnopqrstuvwxyzABC
H023	3.82	ghijklmnopqrstuvwxyzABC
H055	3.82	ghijklmnopqrstuvwxyzABC
H098	3.81	ghijklmnopqrstuvwxyzABC
H072	3.81	ghijklmnopqrstuvwxyzABCD
H005	3.80	ghijklmnopqrstuvwxyzABCD
H035	3.78	ghijklmnopqrstuvwxyzABCD
H105	3.78	ghijklmnopqrstuvwxyzABCD
H086	3.77	ghijklmnopqrstuvwxyzABCD
H044	3.76	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDE
H064	3.75	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEF
H067	3.74	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFG
H018	3.71	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGH
H075	3.69	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGH
H054	3.68	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGH
H090	3.68	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGH
H063	3.67	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGH
H079	3.66	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHI
<b>Probador</b>	3.65	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHI
H047	3.64	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJ
H082	3.64	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJ
H008	3.61	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJ
H068	3.60	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJ
H091	3.60	ghijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJK
H013	3.57	hijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJK
H104	3.57	hijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJK
H081	3.54	ijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJK
H039	3.53	ijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJK
H093	3.52	ijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H034	3.46	ijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H022	3.43	ijklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H073	3.42	jklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H069	3.42	jklmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H040	3.41	klmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H097	3.41	klmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H037	3.41	lmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H092	3.40	lmnopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H036	3.39	mnpqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H052	3.37	nopqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL

Continuación...

H099	3.35	npqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H080	3.35	npqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H003	3.35	opqrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
H020	3.32	qrstuvwxyzABCDEFGHIJKL
Testigo_2	3.30	qrstuvwxyzABCDEFGHIJKLM
H101	3.29	rstuvwxyzABCDEFGHIJKLM
H045	3.25	stuvwxyzABCDEFGHIJKLM
H089	3.23	stuvwxyzABCDEFGHIJKLM
H041	3.22	tuvwxyzABCDEFGHIJKLM
H107	3.20	tuvwxyzABCDEFGHIJKLMN
H002	3.17	tuvwxyzABCDEFGHIJKLMN
H030	3.15	uvwxyzABCDEFGHIJKLMN
H025	3.13	vwxyzABCDEFGHIJKLMN
H103	3.10	wxyzABCDEFGHIJKLMN
H066	3.09	wxyzABCDEFGHIJKLMN
H096	3.08	wxyzABCDEFGHIJKLMN
H010	3.05	xyzABCDEFGHIJKLMN
H009	3.05	yzABCDEFGHIJKLMN
H062	3.04	zABCDEFGHIJKLMNO
H095	3.03	ABCDEFGHIJKLMNO
H024	2.95	BCDEFGHIJKLMNO
H060	2.89	CDEFGHIJKLMNO
H102	2.82	DEFGHIJKLMNOP
Testigo_5	2.79	EFGHIJKLMNOP
H078	2.78	FGHIJKLMNOP
Testigo_3	2.77	GHIJKLMNOP
Testigo_9	2.77	GHIJKLMNOP
H057	2.76	GHIJKLMNOP
H001	2.73	HIJKLMNO PQ
H059	2.68	IJKLMNO PQ
H004	2.65	JKLMNO PQ
Testigo_8	2.62	KLMNO PQ
H006	2.55	LMNO PQ
H015	2.55	LMNO PQ
<b>Confite</b>	2.34	MNO PQ
H029	2.23	NO PQ
H100	2.05	OPQ
H061	1.85	PQ
H031	1.78	Q

DMS = Diferencia Mínima Significativa; Promedios con letras iguales en columna Significación estadística no difieren estadísticamente (Tukey,  $p > 0.05$ )

**Tabla 28. Comparación de medias de altura de planta para 121 genotipos de maíz reventón evaluados en La Molina**

Genotipo	Altura de planta (cm)	Significación estadística
H073	204.2	a
H031	203.7	a
H035	200.1	ab
H007	195.2	abc
H077	192.4	abcd
H101	190.0	abcde
H042	188.3	abcdef
H098	185.1	abcdefg
H022	184.8	abcdefgh
H019	184.7	abcdefgh
H051	183.7	abcdefghi
H032	183.0	abcdefghij
H015	182.5	abcdefghij
H003	181.9	abcdefghij
H085	181.5	abcdefghijk
H041	180.4	abcdefghijkl
H084	180.2	abcdefghijkl
H049	179.4	abcdefghijklm
H080	179.2	abcdefghijklm
H109	179.2	abcdefghijklm
H001	179.0	abcdefghijklmn
H069	178.4	abcdefghijklmn
H103	176.9	bcdefghijklmno
H029	176.7	bcdefghijklmno
H071	176.0	bcdefghijklmnop
H004	176.0	bcdefghijklmnop
H014	175.8	bcdefghijklmnop
H028	175.5	bcdefghijklmnopq
H047	175.0	bcdefghijklmnopq
H013	174.7	bcdefghijklmnopq
H016	174.7	bcdefghijklmnopq
H056	174.1	bcdefghijklmnopqr
H008	173.4	cdefghijklmnopqr
H072	173.3	cdefghijklmnopqr
H034	173.1	cdefghijklmnopqr
H082	172.9	cdefghijklmnopqr
H039	172.8	cdefghijklmnopqr
H052	172.5	cdefghijklmnopqr
H033	172.5	cdefghijklmnopqr
H061	172.0	cdefghijklmnopqr

Continuación...

H066	171.9	cdefghijklmnopqr
H048	171.9	cdefghijklmnopqr
H036	171.9	cdefghijklmnopqr
H025	171.8	cdefghijklmnopqr
H037	170.6	cdefghijklmnopqrs
H106	170.6	cdefghijklmnopqrs
H076	170.3	cdefghijklmnopqrs
H010	169.5	cdefghijklmnopqrst
H023	169.3	cdefghijklmnopqrst
H057	169.2	cdefghijklmnopqrst
H002	169.2	cdefghijklmnopqrst
H068	169.2	cdefghijklmnopqrst
H088	169.0	defghijklmnopqrst
H050	168.6	defghijklmnopqrstu
H094	168.4	defghijklmnopqrstu
H005	167.2	defghijklmnopqrstu
H097	167.2	defghijklmnopqrstu
H100	165.5	efghijklmnopqrstu
H079	165.4	efghijklmnopqrstu
H006	165.0	efghijklmnopqrstu
H086	164.3	efghijklmnopqrstuv
H040	164.1	efghijklmnopqrstuv
H089	163.5	fghijklmnopqrstuv
H087	163.4	fghijklmnopqrstuv
H060	163.0	fghijklmnopqrstuv
H009	162.9	fghijklmnopqrstuv
H045	162.1	ghijklmnopqrstuv
H095	162.0	ghijklmnopqrstuv
H059	161.6	ghijklmnopqrstuv
<b>Testigo_comercial</b>	161.5	ghijklmnopqrstuv
H091	161.3	ghijklmnopqrstuv
H043	161.0	ghijklmnopqrstuv
H092	160.7	ghijklmnopqrstuv
H065	160.7	ghijklmnopqrstuv
H083	160.2	ghijklmnopqrstuv
H074	160.1	ghijklmnopqrstuv
H053	160.0	ghijklmnopqrstuv
H063	159.6	ghijklmnopqrstuvw
H024	159.5	ghijklmnopqrstuvw
H017	158.9	hijklmnopqrstuvw
H055	158.1	ijklmnopqrstuvw
H093	158.0	ijklmnopqrstuvw
H046	157.4	jklmnopqrstuvw



Continuación...

H021	157.3	jklmnopqrstuvw
H075	155.8	klmnopqrstuvw
H038	155.6	klmnopqrstuvwxy
H102	155.3	lmnopqrstuvwxy
Testigo_3	154.5	lmnopqrstuvwxy
H026	154.2	mnpqrstuvwxy
H099	154.2	mnpqrstuvwxy
Testigo_5	153.9	mnpqrstuvwxy
<b>Probador</b>	153.8	mnpqrstuvwxy
H108	153.5	mnpqrstuvwxy
H012	153.3	mnpqrstuvwxy
H078	153.0	nopqrstuvwxy
H020	151.9	opqrstuvwxy
H062	151.6	opqrstuvwxy
H081	150.6	pqrstuvwxy
H104	150.6	pqrstuvwxy
H107	150.5	pqrstuvwxy
H105	149.7	qrstuvwxy
H058	148.5	rstuvwxy
Testigo_9	148.1	rstuvwxy
H030	145.5	stuvwxyz
H044	144.3	tuvwxyz
H067	143.6	tuvwxyz
H096	143.5	tuvwxyz
Testigo_1	142.7	uvwxyzA
H064	139.2	vwxyzAB
H027	133.8	wxyzABC
Testigo_8	133.5	wxyzABC
H090	131.3	xyzABC
H018	129.6	yzABC
<b>Confite</b>	120.8	zABC
Testigo_6	117.4	ABC
Testigo_4	117.0	ABC
Testigo_2	115.8	BC
H054	110.9	C
H011	110.7	C
Testigo_7	109.7	C
H070	63.6	D

DMS = Diferencia Mínima Significativa; Promedios con letras iguales en columna Significación estadística no difieren estadísticamente (Tukey,  $p > 0.05$ )