



***“DETERMINACION DE LA VARIABILIDAD GENETICA EN
RENDIMIENTO Y COMPONENTES EN LA VARIEDAD DE MAIZ
MORADO PMV-581 EN EL DISTRITO DE MONSEFU 2019”***

TESIS

Para optar el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO

PRESENTADO POR

BUSTIOS AHUMADA MAX JUNIOR CÓDIGO 091505-D

BUSTAMANTE DIAZ CARLOS MARTIN CÓDIGO 120010-D

ASESOR

Ing. MSc GILBERTO CHAVEZ SANTA CRUZ

LAMBAYEQUE - PERU

2021

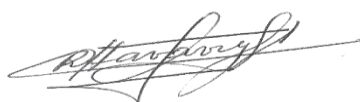
TESIS

“DETERMINACION DE LA VARIABILIDAD GENETICA EN RENDIMIENTO Y COMPONENTES EN LA VARIEDAD DE MAIZ MORADO PMV-581 EN EL DISTRITO DE MONSEFU 2019”

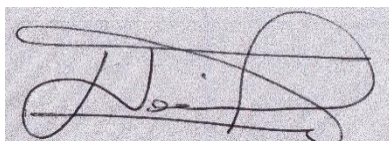
Para optar el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO

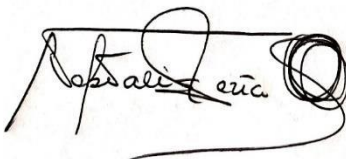
Aprobado por el siguiente Jurado:



.....
Dr. Ricardo Chavarry Flores
Presidente de jurado



.....
Dr. Jose Avencio Neciosup Gallardo
Secretario



.....
Ing. Neptalí Peña Orrego
Vocal



.....
Ing. MSc GILBERTO CHAVEZ SANTACRUZ
Patrocinador

INDICE GENERAL

	Página
I. INTRODUCCIÓN	1
Objetivo	2
Objetivos específicos	2
II. REVISION DE LITERATURA	3
2.1. Marco teórico	3
2.1.1. Taxonomía del maíz	3
2.1.2. Origen histórico y distribución del maíz morado	4
2.1.3. Morfología de la planta	5
2.1.4. Fases fenológicas o desarrollo del maíz	6
2.1.5. Razas y variedades nativas de maíz morado	7
2.1.6. Genética de la Antocianina	9
2.1.7. Heredabilidad	10
2.1.8. Condiciones de clima para el maíz morado	11
2.1.9. Condiciones de suelo	13
2.1.10. Prácticas culturales	15
2.1.11. Composición Química y beneficios	15
2.1.12. Propiedades alimenticias	16
2.1.13. Importancia y componentes benéficos	18
	19
2.1.14. Maíz morado y los radicales libres	

III.	MATERIALES Y METODOS	22
3.1.	Ubicación del trabajo experimental	22
3.2.	Tipo de investigación	22
3.3.	Hipótesis	22
3.4.	Metodología	22
3.4.1.	Diseño de contrastación de hipótesis	22
3.4.2.	Localidades de siembra y material genético	22
3.4.3.	Diseño experimental	23
3.4.4.	Características del campo experimental	23
3.4.5.	Determinación de las características físicas-químicas del suelo	24
3.4.6.	Registro de datos meteorológicos.	25
3.4.7.	Manejo y conducción del trabajo.	28
3.5.	Características registradas	29
3.5.1.	Días al 50% de floración masculina	29
3.5.2.	Días al 50% de floración femenina	29
3.5.3.	Días a la madurez fisiológica	29
3.5.4.	Altura de planta	29
3.5.5.	Longitud de mazorca	29
3.5.6.	Diámetro de mazorca	29
3.5.7.	Número de hileras por mazorca	29
3.5.8.	Número de granos por hilera	30
3.5.10.	Índice de mazorca	30
3.5.11.	Peso de 1000 granos	30
3.5.12.	Rendimiento de grano	30
3.5.13.	Rendimiento de mazorcas	30
3.5.14.	Rendimiento de coronta	30
3.5.15.	Contenido de antocianina	31
3.6.	Análisis estadístico	32

IV.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	34
4.1.	Análisis de Varianza de las características	34
4.2.	ATRIBUTOS ESTUDIADOS	34
4.2.1.	Días al 50% de floración masculino	34
4.2.2.	Días al 50% de floración femenina	36
4.2.3.	Días a la madurez fisiológica	41
4.2.4.	Altura de planta	44
4.2.5.	Longitud de mazorca	44
4.2.6.	Diámetro de mazorca	47
4.2.7.	Número de hileras por mazorca	47
4.2.8.	Número de granos por hilera	52
4.2.9.	Índice de mazorca	55
4.2.10.	Materia seca total	55
4.2.11.	Peso de 1000 granos	60
4.2.12.	Rendimiento de grano	65
4.2.13.	Rendimiento de mazorcas	68
4.2.14.	Rendimiento de coronta	71
4.2.15.	Contenido de Antocianina	74
4.3.	Análisis multivariado	74
4.3.1.	Análisis de clúster	74
4.3.2.	Matriz de correlaciones	77
V.	CONCLUSIONES	79
VI.	RECOMENDACIONES	81
VII.	REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS	84
VIII.	ANEXO	88

RESUMEN

El objetivo del presente trabajo de tesis fue determinar la heredabilidad de las características evaluadas de 30 líneas S0, en maíz morado y calcular la varianza genética y fenotípica en 30 familias ubicado en el fundo “El Choloque”, propiedad de la Sra. Lupita , distrito y provincia de Chiclayo durante los meses de Abril a agosto 2019 en suelos de paisaje llanura aluvial, para lo cual se cogieron 30 familias de medios hermanos el ensayo de rendimiento con cuatro repeticiones y se condujeron en un ensayo de rendimiento bajo el diseño experimental de bloques completos al azar, se evaluaron los principales componentes de rendimiento y se calcularon los cuadrados medios de genotipos y del error y comparados con los esperados cuadrados medios, formándose ecuaciones simples, para despejar la variabilidad genética de cada atributo, se estimó la varianza fenotípica, con los cuales se calculó la heredabilidad, se encontró Los resultados de la variabilidad genética y su correspondiente valor de heredabilidad destacan: Aspecto de planta con 0.065 grados con 76.47 %, tinción de la panca con 0.0275 grados y 47.83 %, respectivamente, valores fundamentales para fines de avance por selección para rendimiento y concentración de alelos para pigmentación morada, respectivamente, Los cuadrados medios para aspecto de planta y tinción de brácteas fueron: 0.28 y 0.14 unidades en aspecto fenotípico² y unidades en la escala de color de mazorca², respectivamente. Los valores del diferencial fueron: para rendimiento 0.95, para tinción de coronta 0.38, para diámetro de tallo 0.63, área foliar 20.48 y 1.01 para prolificidad. Los valores del ciclo 0 C0), Ciclo 1 estimado (C1) y los porcentajes de avance fueron: Los valores del ciclo 0 C0), Ciclo 1 estimado (C1) y los porcentajes de avance fueron para área foliar y prolificidad fueron 40.14, 43.07 y 107.30 y 1.4, 1.602 y 114.43%, respectivamente, Respecto a morfología, las raíces son fasciculadas, el tallo es simple erecto, de regular longitud pudiendo alcanzar hasta los 3.0 metros, las hojas son lanceoladas y alternas, paralelinervias y con nervaduras de color morado, las plantas son monoicas, los frutos tienen un pericarpio morado con grado 4, las glumas son de color morado, presenta protoandría de 3 a 4 días, el fruto es un cariósipide, inserto a la tusa de color morado mediante su pedicelo , la mazorca está cubierta por las pancas o brácteas pigmentadas color muy asociadas a la tinción de la coronta.

Palabras clave: Familia de medios hermanos, heredabilidad, maíz morado

SUMMARY

The objective of this thesis work was to determine the heritability of the evaluated characteristics of 30 S0 lines, in purple corn and to calculate the genetic and phenotypic variance in 30 families located in the “El Choloque” farm, owned by Mrs. Lupita, district and Chiclayo province during the months of April to August 2019 in alluvial plain landscape soils, for which 30 families of half-sibs were taken in the performance trial with four repetitions and conducted in a performance trial under the experimental design of blocks. complete at random, the main performance components were evaluated and the mean squares of genotypes and the error were calculated and compared with the expected mean squares, forming simple equations, to solve for the genetic variability of each attribute, the phenotypic variance was estimated, with which the heritability was calculated, the results of genetic variability and its corresponding value of Heritability stand out: Plant appearance with 0.065 degrees with 76.47%, panca staining with 0.0275 degrees and 47.83%, respectively, fundamental values for purposes of advance by selection for yield and concentration of alleles for purple pigmentation, respectively, The mean squares for Plant appearance and bract staining were: 0.28 and 0.14 units in phenotypic appearance² and units in the cob color scale², respectively. The differential values were: for yield 0.95, for crown staining 0.38, for stem diameter 0.63, leaf area 20.48 and 1.01 for prolificacy. The values of cycle 0 C0), Estimated Cycle 1 (C1) and percentage of advance were: The values of cycle 0 C0), Estimated Cycle 1 (C1) and the advance percentages were for leaf area and prolificacy were 40.14, 43.07 and 107.30 and 1.4, 1.602 and 114.43%, respectively, Regarding morphology, the roots are fasciculate, the stem is simple erect, of regular length and can reach up to 3.0 meters, the leaves are lanceolate and alternate, parallel-veined and with purple veins , the plants are monoecious, the fruits have a purple pericarp with grade 4, the glumes are purple, it presents protoandria for 3 to 4 days, the fruit is a caryopsis, inserted into the cob of purple color through its pedicel, the ear It is covered by the colored pigmented pancas or bracts closely associated with the staining of the crown.

Keywords: Half-sib family, heritability, purple corn

INTRODUCCIÓN

La productividad de las variedades de maíz morado es bajas en el Perú (Yenildo, Katiuska), debido a la variabilidad genética que presentan las variedades, donde se presentan alelos dominantes heterocigotos y recesivos, que en promedio son bajos en productividad, pero de muy buena estabilidad. Pero también existen referencias de rendimientos altos de variedades amiláceas, con rendimientos de 14 toneladas por hectárea (Sevilla 1980).

En el Perú existen escasos trabajos de genética cuantitativa; pero en maíz en general se han utilizado diferentes metodologías para analizar el modo de acción genética, así se tiene los diseño 1, diseño II y diseño III (constock 1949).

Análisis de la estructura poblacional (Gardner), análisis diadelico (Gardner y Eberhard (1966)).

Sevilla , hace la descomposición fenotípica en poblaciones de maíces en la sierra peruana.

Dichos trabajos proveen a los mejoradores el modo de acción e interacción de los genes, que ha permitido avances significativos de selección en maíz.

Por lo expuesto líneas arriba en el presente trabajo de investigación se trata de calcular los parámetros genéticos como la heredabilidad que nos va a servir para pronósticos de ganancia por selección, por lo que los objetivos fueron :

OBJETIVO

- Estimar la variabilidad genética en los principales componentes de rendimiento en la variedad de maíz morado PMV-581 en el distrito de Monsefú-Región Lambayeque.

Objetivos Específicos

1. Calcular la variabilidad genética usando los cuadrados medios esperados del diseño de bloques completos al azar en maíz morado en el distrito de Monsefú.
2. Calcular el diferencial de selección para los componentes de rendimiento
3. Pronosticar los valores de los atributos a mejorar en el Ciclo C1.
4. Evaluar la morfología de planta y biología floral de maíz morado en el distrito de Monsefú.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. MARCO TEORICO.

Diversidad Genética en maíz

Chavez S.C. G) y Sánchez C.H. (1981) reportado por MINAM (2017) denotan la importancia de la variabilidad genética de las colecciones efectuadas en Costa, Sierra y Selva, con la finalidad de salvaguardar la riqueza genética, formando compuestos raciaños https://bioseguridad.minam.gob.pe/wp-content/uploads/2018/07/ldb_maiz_sistematizacion_17.pdf

2.1.1. Taxonomía del maíz

Reino: Vegetal (Plantae) División: Angiospermae (Magnoliophita) Subdivisión: Pterapsidae Clase: Liliopsida Subclase: [Monocotiledóneas](#) Orden: Poales Familia: Poacea Subfamilia: Panicoideae Tribu: Maydeae (Andropogoneae) Género: Zea Especie: *Zea mays* L.

<http://repositorio.lamolina.edu.pe › F30-M32-T>

PDF

2.1.2. Origen histórico

Todas las variedades de maíz Morado se derivaron de la raza Kculli, que Malgersdorf considera como uno de los seis linajes que dieron lugar a toda la diversidad del maíz. Según el arqueólogo Bonavía que estudió el sitio de los Gavilanes en Huarmey, es el sitio en el mundo con mayor cantidad de fitolitos excavados indicando que ya se consumía hace 4,000 años. El 1% de ellos eran de la raza Kculli (Grobman, 1982), reportado por Sevilla (2019)

2.1.3. Razas y variedades nativas de maíz morado

En el Perú existen muchas **variedades** de **maíz**

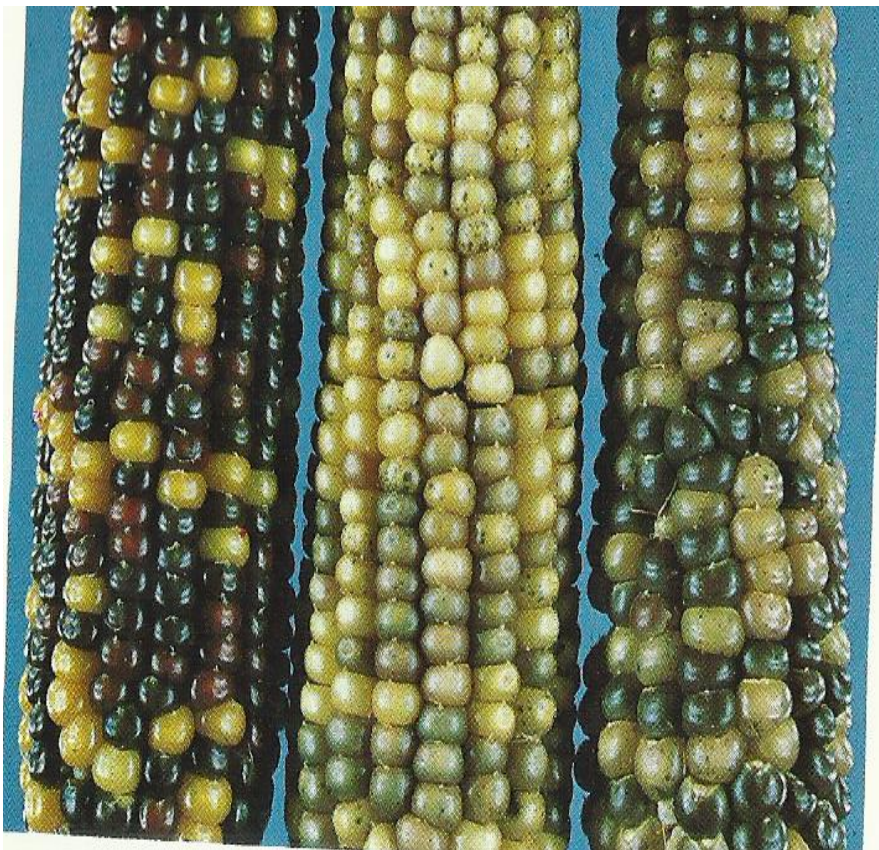
morado como: **Morado** Canteño, **Morado** Mejorado, **Morado** Caráz, Arequipeño, Cuzco **Morado**, Negro Junín y Negro Canaán.

El maíz morado originalmente proviene de la raza kculli (raza muy antigua) de la cual se han derivado las variedades actuales como: PMV-581, PMV-582, , entre otras.

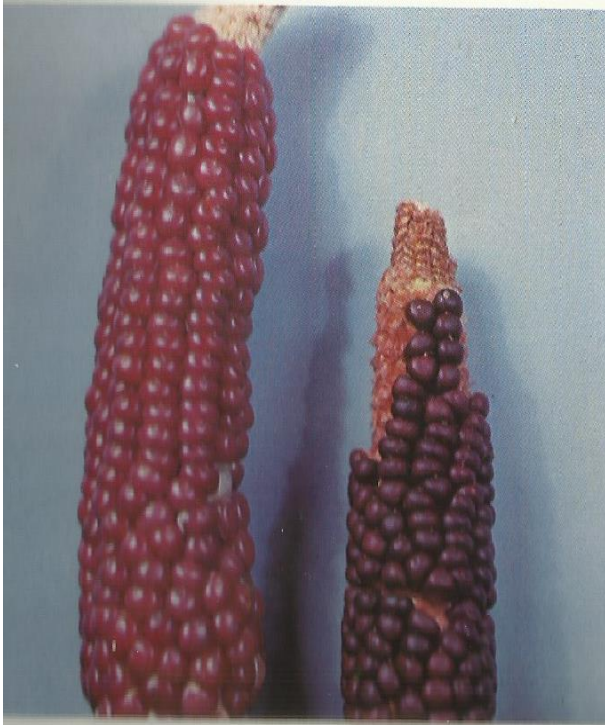
2.1.4. Genética de la Antocianina

La genética de la antocianina es muy compleja porque la producción del color en la planta depende de varios genes complementarios y muchos genes modificadores cuantitativos. Cualquier modificación en uno de esos genes complementarios modifica el color final. Se puede mejorar la cantidad de antocianina en la planta con selección **recurrente de esos** modificadores, pero hay que empezar de una fuente con todos los genes complementarios.

El gen a1: en el locus 111 del cromosoma 3. Ausencia de pigmentos antociánicos, produce aleurona incolora, planta verde o marón con (B y Pl) y pericarpio marrón con Prr. La foto muestra tres mazorcas con cuatro genes distintos segregando



- Un gen intensificador en el cromosoma 7, locus 20, intensifica el color
La mazorca de la derecha tiene el gen in/in homocigota.



Locus 49 del cromosoma 2: BOOSTER

Rojo intenso del pigmento en las envolturas de las hojas, los tallos, las pancas que cubren la mazorca y las glumas de la panoja. Con el gen PI el pigmento no depende de la luz solar. El alelo Bw (débil) produce pigmentación más leve como el de la planta de la izquierda.



a3: antocianina

- El alelo recesivo en el cromosoma 10 produce fuerte pigmento rojo en el tallo, envolturas de las hojas y pancas de la mazorca. La planta de la derecha es a3/a3.



Pl.: planta y panoja morada

- Pl. produce plantas y panojas de color morado si hay otros genes de coloración de antocianina. El alelo pl. no produce plantas moradas en tejidos que no reciben la luz solar.



- Varios alelos del locus en la posición 57 del cromosoma 10. Alelo cch responsable del color morado

Segregación R/r



Segregación Rnj/r



2.1.5. Heredabilidad

Es la proporción de alelos que son transmitidos a la progenie de los individuos. La **heredabilidad en sentido amplio (H)** se basa en la varianza genotípica:

$$H = V_G / V_P$$

Y por tanto incluye la parte aditiva, dominante y epistática.

La **heredabilidad en sentido estricto (h^2)** mide la proporción de la varianza fenotípica total que está determinada por la varianza genética aditiva:

$$h^2 = V_A / V_P$$

por lo tanto en el numerador de la ecuación tomo como valor a la varianza aditiva y como denominador a la varianza fenotípica.

Los estudios sobre heredabilidad sirven para evaluar que parte de la variación de los caracteres cuantitativos corresponden a factores genéticos y por diferencia, las correspondientes a factores ambientales (ecológicos).

Algunos investigadores se han ido introduciendo cada vez más en el estudio de la interacción entre genotipos y medio ambiente. Los trabajos de **Finlay y Wilkinson**

(1999), están dirigidos típicamente a evaluar el comportamiento de los cultivos en distintos medios ambientes, mediante la siembra de un número grande de variedades, líneas o variedades y líneas de una misma especie.

Por otra parte, los trabajos de **Bucio** (6) que toman como base los trabajos de **Manrique** (15) incluyen fundamentalmente pruebas de los diferentes materiales en diferentes medios ambientales, considerando cuidadosamente cual es la composición genética del material, para tratar de determinar cuáles son las diferencias atribuibles en cada caso a efectos ecológicos y a efectos genéticos y formar así ecuaciones correspondientes a cada uno de los progenitores y de las progenies que se estudian.

Estas ecuaciones planeadas para manejarse como ecuaciones simultáneas, pueden servir para calcular las partes que corresponden a distintos efectos hereditarios y a distintos efectos ecológicos.

Brewbaker (1967), menciona una serie de ejemplos de coeficientes de heredabilidad de caracteres que muestra la gran variación en valores de heredabilidad entre ellos y son los siguientes:

5% Índice de concepción en el ganado vacuno

17% Longitud de la mazorca en maíz

20% Producción de huevos en *Drosófila*

20% Producción de huevos en aves de corral

25% Rendimiento en el maíz

30% Producción de leche en el ganado vacuno

40% Longitud del vellón en las ovejas

60% Peso de los huevos en las aves de corral

70% Altura de planta en el maíz

85% Peso de ganado vacuno en el matadero

Muchos de estos coeficientes son inferiores al 50% lo que indica que hay una contribución más importante del medio (y de la variación genética no aditiva) que de la varianza genética aditiva.

Si la heredabilidad es del 100% esto es que la varianza genética es igual a la varianza fenotípica, el fenotipo nos da una medida perfecta del valor genotípico; la heredabilidad y la ganancia genética por selección.

Robinson y colaboradores (1965) indican la importancia de conocer la heredabilidad de un carácter cuyo valor indica la posibilidad y la cantidad en que dicho carácter puede ser mejorado a través de la selección.

Poelhman (1989) menciona que si en una progenie, la variación debida al medio ambiente es considerable con relación a las variaciones hereditarias, la heredabilidad será baja. Si la variación hereditaria, entonces la heredabilidad será alta.

Robles (1986) también señala que el valor del porcentaje de heredabilidad determinara la rapidez en tiempo para mejorar un carácter como ejemplo en maíz, algunos investigadores han calculado 20% de heredabilidad para el carácter rendimiento; en cambio, para el carácter altura de planta, la heredabilidad es de 70%. Debido al que el rendimiento es un carácter muy influenciado por el medio ambiente y el carácter altura de planta es menos influenciado por el medio ambiente (carácter debido a pocos pares de genes) considerando este ejemplo desde el punto de vista de la acción del medio ambiente, este tendrá un valor de 80% para la influencia en el carácter rendimiento; en cambio, el medio ambiente solo influenciará 30% en la manifestación del fenotipo para el carácter altura de planta.

Sevilla (1966) sugiere que los valores de la heredabilidad para rendimiento calculados en base a una muestra de ambientes diferentes, no deben ser empleados para estimar la variabilidad genotípica que es debido a los efectos del medio ambiente. La heredabilidad así calculada tiene una utilidad limitada desde que los valores pueden llegar a muy altos si se usan muchos ambientes.

Un valor más apropiado y que puede ser comparativo, sería el obtenido en base a diferentes ambientes cuyo número sería como los otros estimados de heredabilidad. Además, comentó que las recomendaciones dadas para un experimento solo son válidas para dicho experimento, debido a que la magnitud de los parámetros estimados es muy específica para las poblaciones y áreas geográficas muestreadas.

CLASIFICACION DE LA HEREDABILIDAD

Alta heredabilidad, mayor de 0.5 (mayor a 50%)

Heredabilidad, entre 0.2- 0.5 (20-50%), es intermedia

Baja heredabilidad, menor de 0.2 (mayor a 20%)

2.1.6. Condiciones de clima para el maíz morado

El maíz morado se cultiva en todo el Perú, pero principalmente en la Sierra baja en los departamentos de Arequipa, Cajamarca, Ancash, Huánuco, Junín, Huancavelica, Ayacucho y Cusco. Los mejores sitios de producción son los de mayor radiación solar con escasa lluvia.

2.1.7. Condiciones de Suelo

Puma (1998), citado en **Torres (2018)**, menciona que el maíz tiene buena adaptación en diferentes tipos de suelo, por ser una variedad, prefiriendo suelos de textura franca siendo su pH más adecuado los cercanos a 7, valores mas alejados del neutro van a influir negativamente en la disponibilidad de nutrientes.

2.1.8. Prácticas culturales

a) Siembra

la siembra del maíz morado es semejante para todo tipo de maíz, pero se debe tener en cuenta el uso final que se le dará al producto. Así, si se va a destinar la cosecha al mercado local la siembra se realizara para tener una población alrededor de 60000 plantas/ha, lo que le permitira tener mazorcas de mayor longitud, que es atributo preferido por las amas de casa, mientras si el destino final es la obtencion de antocianinas entonces se prefiere poblaciones de 10000 a 12000 plantas/ ha, buscandose el mayor numero de corontas o tusas, las cuales seran picadas para su proceso de industrialization previo a la siembra las semillas deben ser despertadas con un remojo de 12 horas; antes de la siembra se realizara la prueba del huevo, para eliminar semillas de mala calidad, mal llenadas etc.

b.) Aporque

Este labor es de suma importancia para el maiz morado, ya que si se realiza un aporque deficiente puede provocar el acame radical de las plantas, esta caída se ve incrementada por si los riegos pesados que saturant el suelo provocando el acame, por lo tanto se sugiere realizar 2 aporques .

c.) Control de malezas

debe efectuarse en el momento crítico de competencia (30-45 días) para evitar la competencia en nutrientes y agua principalmente, promoviendo un rápido crecimiento inicial de las plantulas de maíz; debe preferirse un control manual o con el apoyo de un caballo.

d.) Desahíje

este labor es opcional, pero se puede utilizar para eliminar plantas atípicas.

e) Cosecha

durante la cosecha se debe tener en cuenta el uso de mantas para evitar la contaminación con patógenos de suelo. Se puede utilizar de preferencia la modalidad de despanque o doblado, para aprovechar al máximo los nutrientes existentes en el rastrojo de la planta.

f) Secado

durante esta fase las mazorcas serán secadas bajo sombra en colca, para disminuir la humedad, si el destino final es el mercado local no es necesario secar en forma intensa y se puede vender al mercado con un 30% de humedad, pero si el destino es para la extracción de antocianinas la mazorca tiene que secarse a un 13% o 14% de humedad, porque los empresarios piden ese contenido para su posterior proceso.

2.1.9. Composición Química y beneficios

Qiaozhi Zhang (2019) , investigo las asociaciones entre la composición fenólica de genotipos seleccionados de maíz morado y sus propiedades antiinflamatorias, antiadipogénicas y antidiabéticas in vitro. Se evaluaron extractos de agua ricos en antocianinas (PMW) de 20 genotipos de maíz morado. Cianidin-3- O -glucósido (C3G), pelargonidin-3- O -glucósido (Pr3G), peonidin-3- O-glucósido (P3G) y las formas aciladas correspondientes fueron las principales antocianinas en PMW, acompañadas de diez fenólicos sin antocianina identificados tentativamente. Los estudios de correlación comprobaron que C3G, P3G y derivados, pero no Pr3G y su forma acilada, contribuyeron a las propiedades biológicas de PMW. Además de las antocianinas, la quercetina, la luteolina y la rutina fueron los componentes antiinflamatorios y antidiabéticos dominantes, en términos de regular a la baja la producción de mediadores proinflamatorios en macrófagos y adipocitos inflamados, modular las enzimas clave relacionadas con la diabetes y mejorar

la sensibilidad a la insulina en la insulina -adipocitos resistentes. La quercetina y los ácidos fenólicos, especialmente el ácido vainílico y el ácido protocatecuico, se asociaron estrechamente con las propiedades antiadipogénicas de PMW la inhibición de la transición preadipocito-adipocito.

2.1.10. Propiedades alimenticias

Efectos benéficos del consumo de maíz morado: Capacidad antioxidante, inhibe el colesterol malo, protege la retina, estimula la circulación de la sangre y previene enfermedades cardiovasculares, favorece la regeneración de tejidos, retarda procesos degenerativos y tiene acción anti-arrugas, estimula la acción diurética, previene la obesidad y la diabetes y previene el cáncer de colon (Sevilla 2019).

- *Salvá Ruiz Bettit (2019), reporto la importancia Nutricional y en la Gastronomía Peruana del Maíz Morado* indicando
- El maíz contiene aproximadamente:
- 72% de almidón, 10% de proteína, 4% de grasa
- Tiene una densidad energética de 365 Kcal/100 g, similar a la del arroz y trigo.
- Provee vitaminas del complejo B, A, E y K minerales (magnesio, potasio y fósforo) y fibra dietaria.
- Su perfil de lípidos es aproximadamente: 30% de monoinsaturados, 50% poliinsaturado y 20% de saturadas
- **Compuestos fitoquímicos y funcionales en el maíz**
- El grano integral tiene una amplia gama de fitoquímicos que muestran beneficios para la salud al reducir el riesgo de enfermedades crónicas.

2.1.11. Importancia y componentes benéficos del maíz morado

En el Japón, en la Facultad de Medicina de la Universidad de Nagoya, el profesor Tomoyuki Shirai encontró que el pigmento del maíz morado evita la aparición del cáncer del intestino grueso. El profesor Takanuri Tsuda de la Universidad de Kioto experimentó con dos grupos de ratas. Casi todas las ratas cuya dieta no incluyó el pigmento morado del maíz desarrollaron cáncer del intestino grueso. Menos del 50% de las que recibieron el pigmento mostraron el cáncer.

2.2. PRODUCCIÓN Y EXPORTACIÓN DEL MAÍZ MORADO

El consumo de chica morada es mucho menor a la oferta de maíz morado, o sea que se usan otros colorantes. Los pigmentos naturales no tienen la capacidad de tinción comparado con los artificiales.

La producción de maíz morado es muy baja: menos de 10,000 ha con baja productividad.

Producción heterogénea (hay de todo en una población; y diversa(hay muchas poblaciones distintas).

- En el 2,002 Japón consumió 50,000 kg de pigmentos de maíz morado.

La primera exportación del Perú a Japón reportó 20 ton de maíz morado producido en Arequipa. Las exportaciones en los siguientes años no cuentan porque la baja calidad, sanidad y heterogeneidad del producto descalificaron al país que perdió ese mercado que todavía no se recupera.

Agraria.pe, mencionó. que, durante los 12 meses de 2020, Perú exportó 6.755.647 kilos de maíz morado por un valor FOB de US\$ 12.550.179. Estas cifras revelan un incremento exponencial desde los 798.810 kilos exportados en 2019 por US\$ 1.249.588.

<https://agraria.pe/noticias/exportaciones-de-maiz-morado-crecen-exponencialmente-en-2020-23444>

AGRODATAPERU (2020), informa que las exportaciones de maíz morado crecen exponencialmente en 2020: alcanzan los US\$ 12.5 millones

Estados Unidos concentró el 55% del total de estos despachos peruanos; el principal destino de estos envíos el año reciente pasado fue Estados Unidos, donde se lograron colocaciones por US\$ 6.886.733 (55% del total de envíos). A continuación se ubicaron España con US\$ 1.693.687, Ecuador con US\$ 1.281.573, Bélgica con US\$ 637.702, Países Bajos con US\$ 462.099, Canadá con US\$ 394.470, Chile con US\$ 299.120, Portugal con US\$ 215.553 y otros con montos menores que juntos sumaron US\$ 679.243. Entre las principales empresas exportadoras del rubro se posicionaron Miranda-Langa Agro Export con ventas por US\$ 1.888.066, Coproimpex SAC con US\$ 1.275.071, Perufood Import SAC con US\$ 1.153.182, Importadora y Exportadora Doña Isabel con US\$ 1.143.163, Belmont Foods Peru SAC con US\$ 855.114, JM Importadora Exportadora

y Servicios SAC con US\$ 852.683, Zowi Perú SAC con US\$ 694.192, Distribuidora Latinoandina SAC con US\$ 678.978, Comercializadora El Granero EIRL con US\$ 373.331, entre otros.

2.3. ANTECEDENTES

Seliz Guevara M. (2020), realizó un estudio de evolución de variedades de maíz morado en dos ambientes en sierra norte de Cajamarca; encontró que en el ambiente de riego el genotipo PM-581 obtuvo la mayor productividad de grano con 6871.00 kg/ha, mientras que los genotipos INIA-615 y UNC-47 obtuvieron los menores rendimientos con 4243.33 y 3049.67 kg/ha respectivamente. Dentro del ambiente de secano, el genotipo PM-581, ratifica su comportamiento con mayor rendimiento equivalente a 3252.67 kg/ha; los genotipos MMM, INIA-601 y UNC-47 mostraron menor capacidad productiva por unidad de superficie con 2052.33, 2048.00 y 2100.00 kg/ha. Destaca con una mayor concentración de antocianina en condiciones de Secano (R0) la Variedad CANTEÑO con 2.27% respecto al ambiente de Riego (R1) que concentró 1.77%. Otros genotipos, como TESTIGO, MMM e INIA-615, mostraron mayores concentraciones en la condición de Riego (R1) comparado con el ambiente de secano. Los genotipos UNC-47, INIA-601, PM-581 mostraron concentraciones de antocianinas similares en uno y otro ambiente. Se determinó que las condiciones de Secano no concentró mayores niveles de antocianina.

2.3.1. Varianzas Genéticas

A nivel mundial los investigadores que han trabajado genética cuantitativa son entre otros el Dr. Compton, Wilfredo Salwuana, Jhon Lonnquist, a nivel latinoamericano destaca la labor del Dr. Manuel Torregrosa (ICA), En Brasil los trabajos de Peterniani, en Bolivia el Dr. Avila y en México diversos investigadores como el Dr Marquez Sanchez y en el Perú, destaca la labor del Ing. Ricardo Sevilla panizo, reportado por gilberto chavez(2020).

Silva-Díaz Rubén, y Pedro García-Mendoza et al., (2018) indican que la estimación de los componentes de la varianza y parámetros genéticos es útil para direccionar el proceso de selección en programas de mejoramiento. La investigación fue realizada para estimar los componentes de la varianza genética, el grado medio de

dominancia y la heredabilidad para producción de granos y caracteres de la planta, en una población de maíz tropical formada a partir de dos líneas genéticamente divergentes. Cien progenies de retrocruzamientos fueron evaluadas en diversos ambientes en el municipio Piracicaba, SP, Brasil, en las temporadas agrícolas 2008-2009 y 2009-2010, bajo un diseño α -látice 15 x 20 en esquema factorial con dos repeticiones por ambiente. Los estimados de la varianza aditiva, de dominancia y de la interacción aditiva por ambiente fueron significativamente diferentes de cero ($P \leq 0,05$) para todos los caracteres estudiados. Los estimados de la varianza aditiva fueron superiores a los de la varianza de dominancia, y explicaron de 70 a 94 % de la varianza genética total. El grado medio de dominancia osciló de 0,35 (acame de raíz y tallo) a 0,93 (floración masculina y femenina), indicando dominancia parcial de los genes que gobiernan las características estudiadas. La heredabilidad a nivel de medias, para todos los caracteres, mostró valores altos, oscilando de 0,58 a 0,96 obteniendo la producción de granos un valor de 0,94. Los altos valores de los coeficientes de heredabilidad implican la posibilidad de una efectiva selección para el mejoramiento genético del rendimiento en grano y caracteres de la planta en la población estudiada.

Hernández San Juan, Luis.et al.(2006), indican que para estudiar el potencial genético de una población existen diversos sistemas de apareamiento, que permiten estimar los componentes de su varianza genética, lo que posibilita el cálculo de los parámetros genéticos la heredabilidad y respuesta a la selección. En maíz frecuentemente se ha utilizado el Diseño I de Carolina del Norte, para estimar los efectos y varianzas genéticas, presentes en una población. El objetivo de este estudio fue estimar la proporción de varianza aditiva y de dominancia y la heredabilidad en sentido estricto, presente en la población, que permitiera proponer un efectivo procedimiento de mejoramiento genético. La investigación comprendió la evaluación de 300 familias de hermanos completos obtenidos de la cruce de cincuenta machos cristalinos cada uno con seis hembras dentadas, estos materiales presentaban una endogamia de 0.5. Las entradas fueron evaluadas en la localidad Úrsulo Galván, Veracruz, utilizando el Diseño de bloques incompletos con arreglo alfa latice (0.1), con dos repeticiones, agrupadas en bloques de cinco machos, en donde cada bloque contenía treinta progenies, la parcela útil reportó 2 surcos de cinco metros. 40 De los análisis de varianza se obtuvieron los siguientes resultados, en los cuadrados medios de machos se encontró diferencias altamente significativas ($P \leq .01$), en altura de planta, altura de mazorca, significativo con probabilidad de ($P \leq .02$) en rendimiento. Para hembras dentro de machos, los niveles de significancia fueron; ($P \leq .035$) para altura de planta, ($P \leq .05$) en altura de mazorca, y ($P \leq .07$) en prolificidad. Para la variable rendimiento la significancia reportó ($P \leq .02$). Los valores de varianza genética aditiva fueron mayores a los de dominancia, en altura de planta, altura de mazorca y rendimiento, estos resultados corrobora que el Diseño I, estima con mayor precisión la varianza aditiva. Para la varianza de dominancia los valores fueron negativos, en altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento. La heredabilidad reportó 0.20 y 0.29 para altura de planta y altura de mazorca respectivamente, para rendimiento reportó 0.17 equivalente a 17 por ciento. La población concentra una mayor proporción de varianza genética aditiva, la cual indica que la

población deberá utilizarse en un esquema de selección recurrente para su mejoramiento.

2.3.2. Genética Cuantitativa

Es la parte de la genética que estudia los atributos métricos o los que tienen una variación continua, gobernado por poligenes, para lo cual se utiliza técnicas estadísticas obtenidos de muestras representativas

Genotipo: es la estructura genética de un individuo, en nuestro caso A x B

Fenotipo: Es el rendimiento del híbrido, o sea el resultado del aspecto genético, ambiental e interacción.

- **Valor Genético Aditivo (Ga):** Es el aporte adicional de cada alelo y es estimado por la sumatoria de todos estos efectos Intra-alélicos.
- **Valor Genético por Dominancia (Gd):** Es el aporte adicional de cada alelo y es estimado por la sumatoria de todos estos efectos Inter-alélicos cuando los alelos son diferentes.

2.3.3. Medidas poblacionales para caracteres cuantitativos

Media Poblacional: Es el valor promedio de todos los individuos de una población y se representa por la letra griega μ .

Varianza Fenotípica: es una medida de la dispersión de los datos de atributos evaluados, respecto a la media y se da en unidades cuadráticas su símbolo es σ^2 y se representa por la letra griega llamada sigma cuadrada, incluye el genotipo, su ambiente y la interacción genotipo x ambiente, es el objeto que vemos

III. MATERIALES Y METODOS

3.1. UBICACIÓN DEL TRABAJO EXPERIMENTAL

El proyecto de investigación se estableció en el distrito de **MONSEFU** Predio el Choloque Sector Cúsupe, Propiedad de la Sra. María Luisa Bustamante de Ugas. Geográficamente ubicado a $6^{\circ}51' 32.49''$ S y a $79^{\circ}50' 45''$ W y una altitud de 19 msnm|



Ubicación del campo experimental

3.2. TIPO DE INVESTIGACIÓN

Es una investigación aplicada

3.3. HIPÓTESIS

hipótesis nula

$H_0: \mu F1 = \mu F2 = \mu F3 = \mu F4 \dots \mu F30$

H_a : al menos dos medias (μ_i) son diferentes

Error tipo I = 0.05

Prueba estadística: F test, proveniente del análisis de varianza

Estimación de la heredabilidad

Formato del análisis de la Varianza

Fuentes de variación	G.L.	Cuadrados medios	CM esperados
Bloques	3	CM repeticiones	
Genotipos	29	CM genotipos	$\sigma_e^2 + r \sigma_g^2$
Error	87	CM error	σ_e^2
Total	199		

Varianza ambiental: = CM_e/r

Varianza genética: = $(CM_{ub} - CM_e)/r$

Varianza fenotípica = Varianza ambiental + Varianza genética

Cálculo de la heredabilidad:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2}$$

Donde:

- h^2 =Heredabilidad
- σ_g^2 =Varianza genética
- σ_e^2 =Varianza ambiental
- r =Número de repeticiones

El avance por selección se estima con la relación siguiente

:

$$GS = \frac{(\bar{X}S - \bar{X}P)}{2} \times h^2$$

Donde:

- $\bar{X}S$ =Media de la población seleccionada) _
- $\bar{X}P$ = Media de la población original)
- h^2 =heredabilidad

3.4. METODOLOGIA

Para la elección de las familias de medios hermanos se sembró un campo según las necesidades de la selección estratificada para eliminar la interacción genotipo x ambiente. Para la selección de las familias se tomaron 30 plantas prolíficas de mejor aspecto, las mazorcas de cada planta fueron desgranadas separadamente, los grados de cada par de mazorcas se colocó en bolsas de papel, que serán utilizadas para la siembra de las cuatro repeticiones por familia (500cm/50cm=11 golpes, 11*3*4=132 semillas x familia x 4 rep= 528 semillas por familia en total, en el caso de escases de semillas se aseguro la siembra de los surcos centrales, rellenando los surcos laterales con otros granos.

Labores agronómicas

Las labores agronómicas, estas fueron realizadas en forma uniforme en todo el campo experimental desde la siembra a la cosecha

La siembra se realizó a un distanciamiento de 0.80 m entre surcos y 0.50 m entre golpes, para lo cual se emplearon cordeles distanciados a 50 cm, fijadas con estacas en los extremos del campo y en cada intersección se colocaron 3 semillas, el cordel se iba moviendo a medida que se avanzaba con la siembra, pensando en la metodología de selección estratificada.

3.4.1. Diseño de contrastación de hipótesis

Se usó la prueba de F del análisis de varianza para contrastar las hipótesis el criterio fue: si el p valor es menor que 0.05, se rechazaba la hipótesis nula, indicando que se tenía una confiabilidad del 95 % de que el comportamiento de las familias es heterogénea.

3.4.2. Tratamientos: representado por 30 familias de medios hermano

Se evaluaron 30 familias de la variedad PM-581.

3.4.3. Diseño estadístico

De acuerdo a la parte teórica de los diseños, se empleó el modelo de bloques completos aleatorios con cuatro repeticiones.

3.4.4. Características del campo experimental

Características del área experimental fue:

Número de repeticiones : 04

Número de genotipos (familias) : 30

Parcela:

Nº de surcos por parcela : 04

Distancia entre surcos : 0.80 m.

Distancia entre golpes : 0.5 m.

Largo de parcela : 05 m.

Ancho de parcela : 3.20m

Área de parcela : 16.0 m²

Bloques:

Nº de parcelas/bloque : 30

Ancho de bloque : 5.0 m.

Largo de bloque : 96.0 m.

Área de bloque : 480 m².

Calles:

Número de calles : 03

Ancho de calle : 1.50 m

Largo de Calle : 96.0 m

Área de calles : 439.0 m²

Experimento:

Área neta del experimento : 1920.0 m².

Área total del experimento : 2352.0 m².

Características de la variedad

PMV - 581: Variedad creada por el programa de maíz de la Universidad Nacional Agraria La Molina, obtenida a través de la variedad Morado de Caraz, adaptada a la costa y sierra baja, con resistencia a roya y cercospora. Su periodo vegetativo es intermedio, con mazorcas medianas de 15 a 20 cm, alargadas con alto contenido de pigmentos y un potencial de

rendimiento de 6 t/ha (**Manrique, 1997**).fue probado en costa norte donde tiene grana adaptación.

3.4.5. Climatología.

Temperatura.

Las temperaturas promedio durante los meses de conducción experimental fueron de 24.5°C, 20.3°C y 16.4°C para la temperatura máxima, media y mínima, respectivamente, que están ligeramente (temperatura máxima) por encima del óptimo para el desarrollo del cultivo de maíz, que es de 22°C.

Humedad Relativa.

Durante la conducción experimental se observó que la máxima humedad relativa en los meses de julio y agosto con 63.1 y 62.8 % de humedad, en cambio la menor correspondió al mes de abril con 54.5% de humedad y un promedio experimental de 58.8%, considerando estos valores como bajos para el desarrollo del cultivo, ya que afectaría al desecamiento de los granos de polen y estilos de las flores femeninas.

Velocidad del viento.

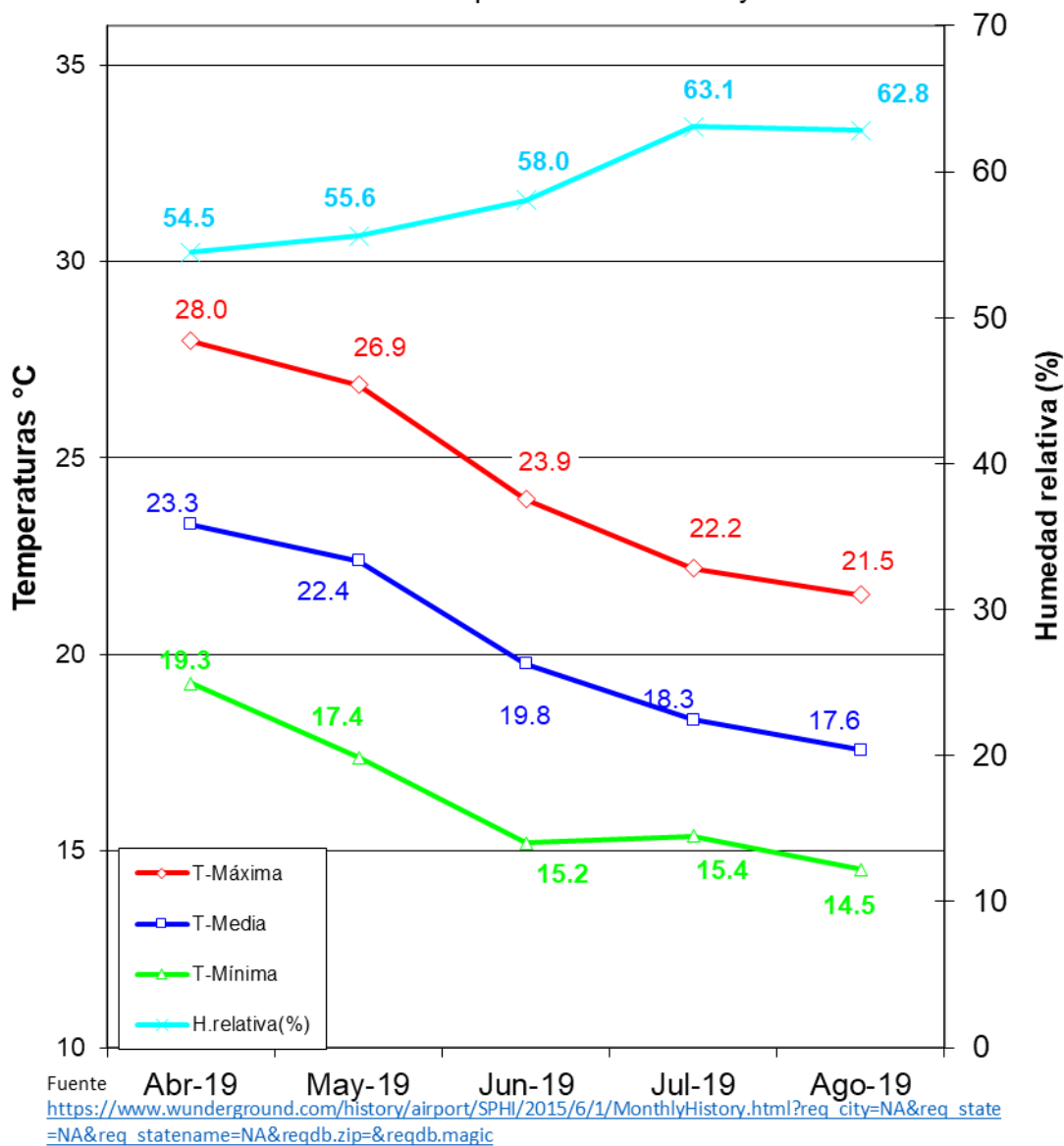
La máxima velocidad se observó en Enero con 22 m/hora. Mientras la menor velocidad mínima se obtuvo en abril con 22.4 m/hora, valores que promueven la dispersión y sequedad de los granos de polen (Tabla 1, Figura 12).

Tabla 01. Datos climatológicos observados durante la conducción experimental Estación. Lambayeque-2019.

Meses	Temperatura (°C)			Humedad (%)	Velocidad
Año	T-Máxima	T-Media	T-Mínima	H.relativa(%)	Viento m/hora
Abr-19	28.0	23.3	19.3	54.5	22.4
May-19	26.9	22.4	17.4	55.6	20.3
Jun-19	23.9	19.8	15.2	58.0	20.4
Jul-19	22.2	18.3	15.4	63.1	19.8
Ago-19	21.5	17.6	14.5	62.8	18.8
Promedio	24.5	20.3	16.4	58.8	20.3

Fuente: <https://www.wunderground.com/history/monthly/pe/chiclayo/SPHI/date/2019-4>

Figura 01. Temperaturas y humedad relativa observadas durante la conducción experimental. Chiclayo 2019.



3.5. Manejo y conducción del trabajo.

El terreno se preparó con tracción mecánica, pasando arado y rastra cruzada, luego se niveló para posteriormente surcar y realizar la siembra. Previo a la siembra, la semilla fue tratada con Metomil y Vitavax para evitar el ataque de gusano de tierra y microorganismos del suelo, respectivamente. La siembra se realizó colocando tres semillas por golpe, a un

distanciamiento de 0.50 m entre golpes, y 0.80 m entre surcos. El número de surcos por tratamiento reportó cuatro, con una longitud de 5.00 m. Se realizó el control de malezas, durante los primeros 45 días aplicando un herbicida específico Zeamax, para evitar la competencia. La presencia de plagas fue controlada, oportunamente con aplicaciones de Coragen. Los riegos, se efectuaron acorde a las necesidades hídricas del cultivo con riego por mangas ya que se tenía una fuente de agua en el mismo campo. Respecto a la fertilización, N-P-K, se utilizó como fuente nitrogenada, Urea y como fuente fosforada el fosfato di amónico y sulfato de potasio

3.6. Características Registradas

3.6.1. Días al 50% de floración masculina

Se registró los días desde el momento de la siembra hasta cuando el 50% de la población de cada parcela, presentó la inflorescencia masculina totalmente expuesta y con dehiscencia de polen.

3.6.2. Días al 50% de floración femenina

Se registró los días desde la siembra hasta cuando los estigmas del pistilo se presentaron fuera del jilote, en el 50% de la población en cada parcela.

3.6.3. Días a la madurez fisiológica

Se consideró los días cuando las plantas manifiestan senescencia y las mazorcas manifiestan en sus granos la capa negra.

3.6.4. Altura de planta

Se tomaron ocho plantas competitivas de cada parcela. La altura se midió desde la base del tallo hasta el último nudo donde nace la última hoja, es decir hasta la base de la inflorescencia masculina. Este dato se registró cuando las plantas de cada parcela alcanzaron el 100% de floración femenina.

3.6.5. Longitud de mazorca

Se registró en diez mazorcas tomadas al azar en cada unidad experimental.
Se midió de extremo a extremo en cada mazorca.

3.6.6. Diámetro de mazorca

Se registró en 10 mazorcas, midiéndose el diámetro en el tercio medio de cada una, para luego obtener un promedio.

3.6.7. Número de hileras por mazorca

Esta característica se determinó en una muestra de diez mazorcas tomadas al azar, en cada parcela experimental. Se contaron el número de hileras en las 10 mazorcas, para luego obtener el promedio.

3.6.8. Índice de mazorca o porcentaje de grano

Se calculó a la madurez de cosecha, considerando una muestra de 10 mazorcas. Se determinó el peso de las 10 mazorcas, y el peso de grano de las mismas, y se aplicó la siguiente relación:

$$IM = \text{Peso de mazorca} / \text{Peso de la biomasa de la planta}$$

3.6.9. Peso de 1000 granos

Se tomaron cuatro muestras de 1000 granos por unidad experimental, para luego obtener un promedio.

3.6.10. Rendimiento de grano

Se obtiene pesando la producción de mazorcas por parcela, luego se convirtió a kilos por hectárea., por la multiplicación del peso de mazorca por 0.85, que es el porcentaje de grano para las variedades amiláceas.

3.8.11. Rendimiento de mazorcas

Se obtiene pesando la producción de mazorcas por parcela. Se expresó en kg/ha.

3.8.12. Rendimiento de coronta

Se desgranó las mazorcas de cada parcela, y luego se pesó la coronta; peso que se expresó en kg/ha, en función al área de la parcela.

3.9. ANALISIS ESTADISTICO

Para comparar las hipótesis planteadas se usó la prueba de “F” del análisis de varianza del modelo estadístico de Bloques Completos y al azar

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

donde:

Y_{ij} = es la observación de la i-ésima familia en el j-ésimo bloque

μ = es la media general del experimento

α_i = es el efecto asociado de la i-ésima familia

β_j = es el efecto asociado al j-ésimo bloque

ε_{ij} = variación aleatoria asociada a la parcela de la i-ésima familia en j-ésimo bloque

3.10. Avance genético

Es el valor predictivo de la RS a obtener y depende de la presión de selección, es decir, el número de individuos con los que me quedó.

$AG = k \times h^2 \times s$

Donde:

K: Factor que depende de la intensidad o presión de selección (por tabla)

h^2 : Heredabilidad del carácter seleccionado.

s: desviación estándar del carácter seleccionado.

3.11. Suelos

El maíz se adapta muy bien a todos tipos de suelo pero suelos con pH entre 6 a 7 son a los que mejor se adaptan. También requieren suelos profundos, ricos en materia orgánica, con buena circulación del drenaje para no producir encharques que originen asfixia radicular (suelos de textura franca). Un buen suelo debe tener las 3M (materia orgánica, Minerales y microorganismos) en condiciones equilibradas. Tabla 2).

En el campo experimental se tomaran 4 submuestras por bloque en zigzag por repetición para luego formar una muestra compuesta de 1 kg aproximadamente, para ser analizada en la estación experimental Vista Florida.

Los resultados indican que los suelos fueron de reacción alcalina de nivel ligero a alto, con pequeña presencia de sodio intercambiable cuyos valores pueden afectar a cultivos como paltos y arándanos. Pero no a frutales como bananos mangos uvas y otros La fertilidad es de nivel medio manifestando nutrientes como fosforo, potasio, calcio y tenores de materia orgánica baja pero que es necesario de acuerdo al cultivo que se instale. La textura Para evaluar las características físicas y químicas del suelo se tomaron muestras de calicatas del campo, para obtener la textura predominante. El muestreo se realizó a una profundidad de 0-100, lugar donde se desarrolla el mayor porcentaje de las raíces para luego ser llevados al Laboratorio de Suelos de la Facultad de Agronomía de la U. N. P. R. G. para su respectivo análisis (Tabla 2).

Los Métodos que se utilizaron fueron los métodos rutinarios de fertilidad

Tabla 2. Análisis Textural y Químico del Suelo Experimental Laboratorio de Suelos de La UNPRG. Lambayeque. Tomado de Peot 2012.

	ANALISIS FISICO	ANALISIS QUIMICO						
	Clase		M.O.	N	C.Ex10 ³ mmhos/cm	P	% de saturación	K
M1	Textural	pH	%	%		ppm	(%)	ppm
Media	Fr.Ar	8.03	1.46	0.075	3.7	5.1	29	129

Fuente: Laboratorio de Suelos de la Facultad de Agronomía “UNPRG” Lambayeque. Los suelos son de Textura Franco Arenoso, lo cual indica que estos suelos tienen regular capacidad de retención de humedad y de nutrientes, respecto al análisis químico se encontró

un pH promedio de 8.03, que corresponde a un suelo alcalino, con ligeros problemas de sales por tener un pH de 3.7mmhos/cm⁻¹. La materia orgánica es baja, así como su nitrógeno, bajo en fósforo y en potasio.

IV.RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. ATRIBUTOS ESTUDIADOS

Observamos en la Tabla 03 que para la fuente de variación repetición casi todos los atributos evaluados muestran significación estadística, resultados atribuibles al control efectivo del error experimental por el diseño empleado ya que la fuente repeticiones controla la variabilidad del suelo; similar sucedió para la fuente de variación tratamientos, con excepción de altura de planta. El análisis de Varianza de la mayoría de las características implicó aceptar la hipótesis nula, que señala que los tratamientos, que incluyeron la evaluación de los progenitores y los híbridos, tuvieron un comportamiento similar. Los valores de coeficientes de variabilidad, indica que la conducción y evaluaciones, se realizaron correctamente, encontrándose dichos valores entre los rangos aceptables.

TABLA 02. Cuadrados medios del análisis de Varianza para las variables evaluadas

CARACTERÍSTICAS		BLOQUES	FAMILIAS	ERROR	PROMEDIO	C.V. (%)
	GL	3	29	57		
Altura de planta		339.16 NS	1664.35 NS	1110.05	211.49	15.75
Altura de inserción LOG		0.01 NS	0.04 *	0.02	95.88	7.84
Diámetro de tallo LOG		0.01 NS	0.01 *	0.01	1.75	18.16
Longitud de hoja		150.16 NS	319.25 **	126.24	72.97	15.40
Ancho de hoja		0.01NS	0.01 NS	0.01	7.35	10.20

N° de hojas RAIZ C		0.01 NS	0.01 NS	0.01	9.86	7.63
Área foliar		0.01 NS	0.05 *	0.03	40.14	10.51
Prolifricidad RAIZ C		1 . 4E-03 NS	0.02 NS	0.01	1.40	31.52
Rdto. Haton		1 . 2E-03NS	0.01 NS	4 . 9E-03	5.40	8.75
Aspecto de planta RAIZ C		0.73 **	0.28 **	0.02	3.08	6.35
TINCIÓN RAIZ C		1.98 **	0.15 **	0.02	4.69	3.21
PANCA RAIZ C		1.99 **	0.14**	0.03	3.15	8.20
TALLO		0.95 **	0.08 *	0.05	2.84	11.21
PANOJA		0.58 **	0.09 NS	0.06	2.9	12.32
NERVADURA RAIZ C		0.05 NS	0.09 NS	0.09	1.68	18.88

4.2. Análisis de varianza

4.2.1. Rendimiento de mazorca

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose tres subconjuntos diferentes, el superior conformada por 28 tratamientos, encabezados por la Familia **19** y **Familia 1**, con **6.04** toneladas por hectárea en ambos casos, siendo superior al promedio nacional que reportó 5.3. t/ha (Huanuqueño Elías et al. (2019), seguido por 26 familias, teniendo rendimientos comparables. Estos altos rendimientos se atribuyen a la alta asociación con la productividad (Tabla). Mientras que la Familia **25**, quedó último con solo 4.17 ton/ha (Tabla).

La media del experimento reportó 5.40 ton/ha, siendo superior al promedio nacional que reportó 5.3. t/ha (Huanuqueño Elías et al. (2019).

Tabla 03. Rendimiento de mazorca en la Determinación de la variabilidad genética en rendimiento y componentes en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Rdto mazorca (Ton/ha)	Sig
1	Familia19	6.04	A
2	Familia1	6.04	A
3	Familia22	5.94	A
4	Familia26	5.94	A
5	Familia29	5.94	A
6	Familia12	5.94	A
7	Familia5	5.83	AB
8	Familia11	5.63	ABC
9	Familia24	5.63	ABC
10	Familia4	5.63	ABC
11	Familia10	5.63	ABC
12	Familia27	5.63	ABC
13	Familia16	5.63	ABC
14	Familia2	5.63	ABC
15	Familia9	5.63	ABC
16	Familia17	5.52	ABC
17	Familia15	5.47	ABC
18	Familia3	5.42	ABC
19	Familia20	5.31	ABC
20	Familia13	5.31	ABC
21	Familia8	5.31	ABC
22	Familia30	5.31	ABC
23	Familia7	5.21	ABC
24	Familia18	5.10	ABC
25	Familia6	5.00	ABC
26	Familia21	5.00	ABC
27	Familia28	4.53	ABC
28	Familia14	4.48	ABC
29	Familia23	4.27	BC
30	Familia25	4.17	C
	PROMEDIO	5.40	

Fuente: Elaboración propia

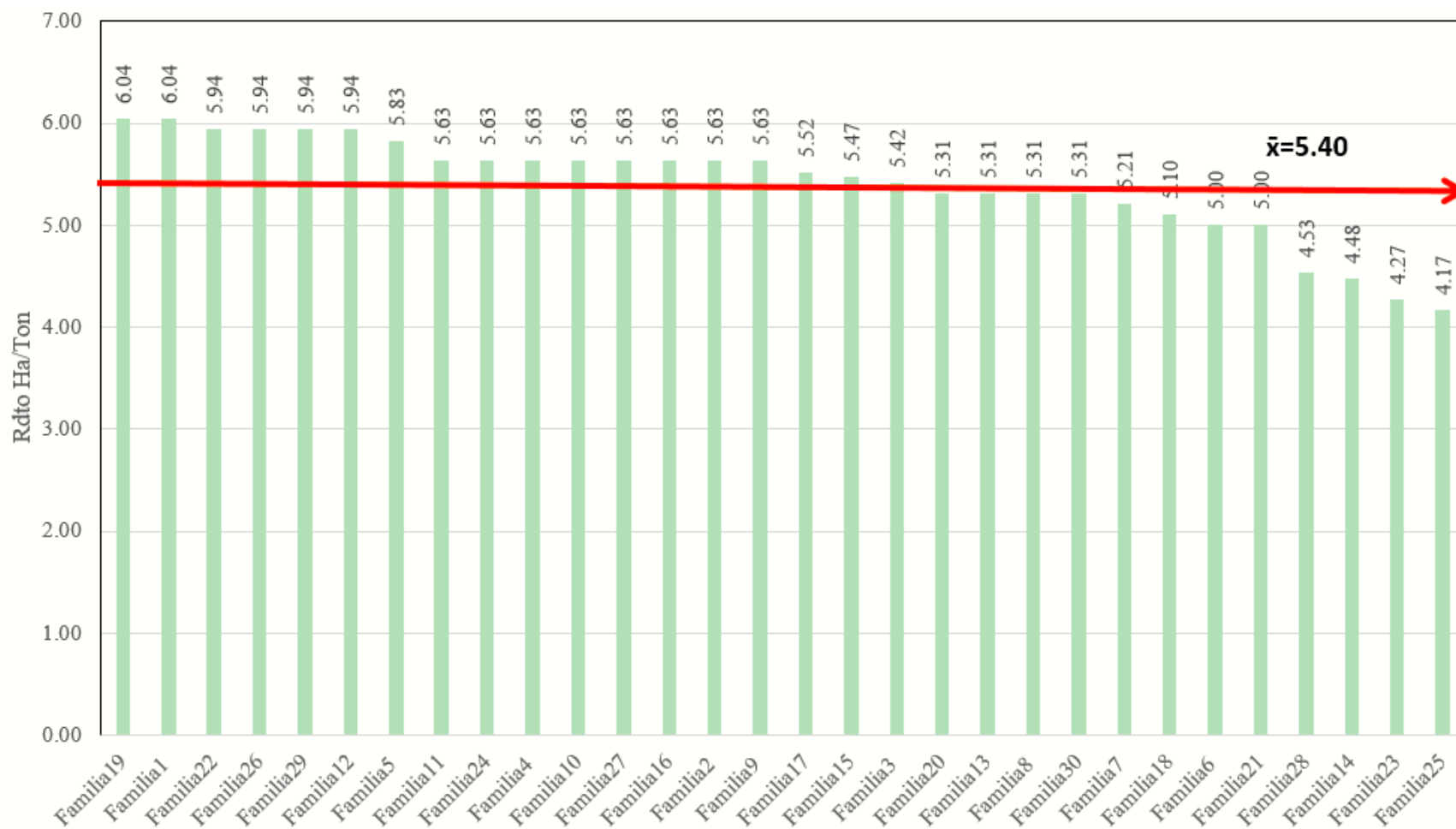


Figura Rendimiento de mazorca en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

4.2.2. Longitud de hoja

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose seis subconjuntos diferentes, el superior conformada por 25 tratamientos, encabezado por la Familia **30**, con **86.50** cm de longitud, seguido por las 24 familias siguientes, teniendo valores comparables, En cambio el último subconjunto conformado por 7 familias. Estas altas magnitudes influyeron en una mayor productividad. Mientras que la Familia **25** quedó último con solo 49.75 cm de hoja (Tabla 05).

La media del experimento reportó 72.97 cm de hojas.

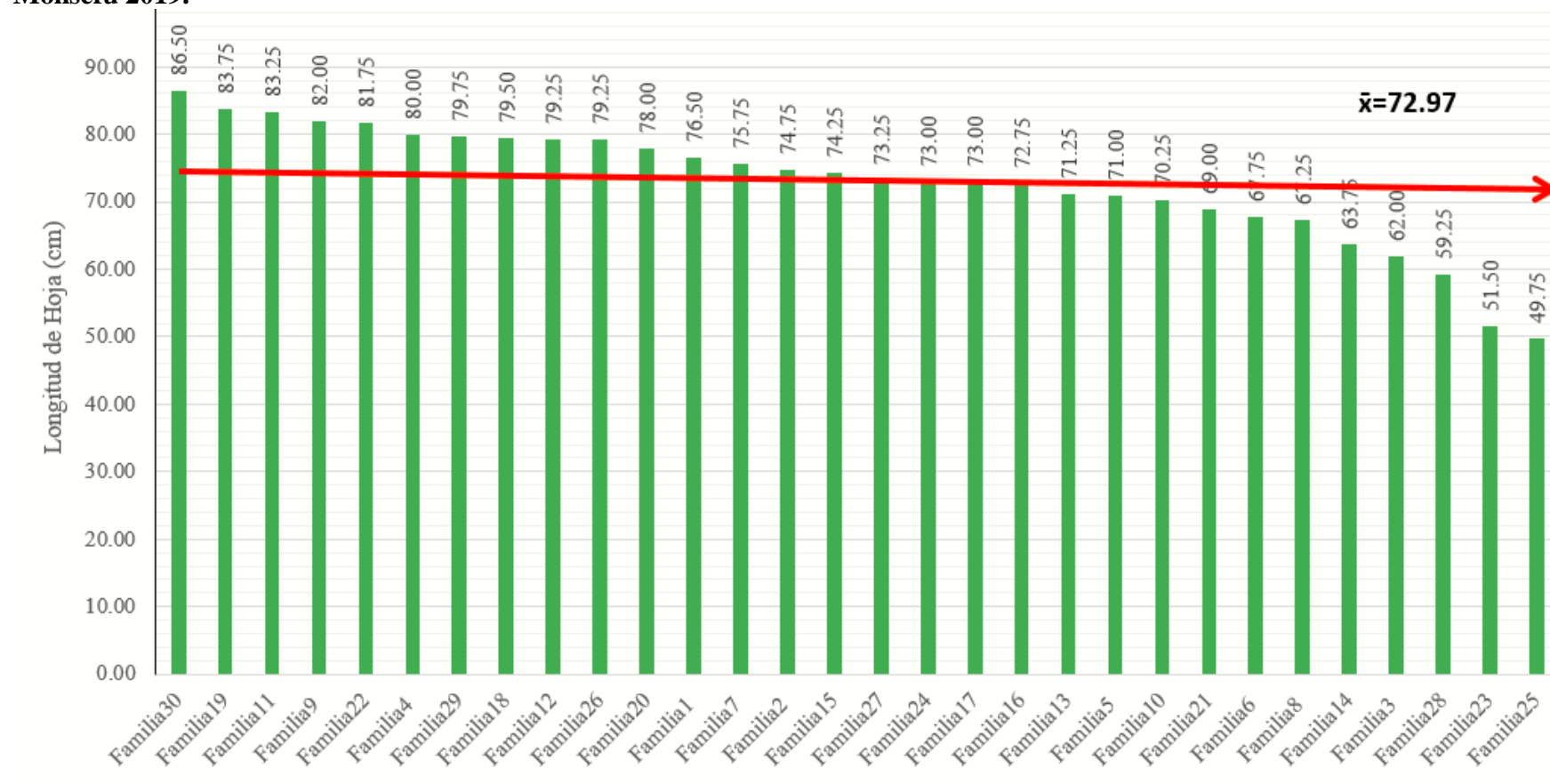
Tabla 04. Longitud de Hojas en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Longitud de Hoja (cm)	Sig
1	Familia30	86.50	A
2	Familia19	83.75	A
3	Familia11	83.25	AB
4	Familia9	82.00	AB
5	Familia22	81.75	AB
6	Familia4	80.00	ABC
7	Familia29	79.75	ABC
8	Familia18	79.50	ABC
9	Familia12	79.25	ABC
10	Familia26	79.25	ABC
11	Familia20	78.00	ABCD
12	Familia1	76.50	ABCD
13	Familia7	75.75	ABCD
14	Familia2	74.75	ABCD
15	Familia15	74.25	ABCD
16	Familia27	73.25	ABCD
17	Familia24	73.00	ABCD
18	Familia17	73.00	ABCD
19	Familia16	72.75	ABCD
20	Familia13	71.25	ABCD
21	Familia5	71.00	ABCD
22	Familia10	70.25	ABCD
23	Familia21	69.00	ABCDE

24	Familia6	67.75	ABCDEF
25	Familia8	67.25	ABCDEF
26	Familia14	63.75	BCDEF
27	Familia3	62.00	CDEF
28	Familia28	59.25	DEF
29	Familia23	51.50	EF
30	Familia25	49.75	F
	PROMEDIO	72.97	

Fuente: Elaboración propia

Longitud de Hojas en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia.

4.2.3. Prolificidad (número de mazorcas promedio por planta)

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose cuatro subconjuntos diferentes, el superior conformada por 24 tratamientos, encabezado por la Familia 1, con 2.25 mazorcas por planta, seguido por las 23 familias siguientes, teniendo valores comparables. Estos altos valores se atribuyen a factores genéticos y que influyen significativamente en el rendimiento de mazorca con el cual se asocia positivamente. Mientras que la Familia 25, quedó último con solo 0.75 mazorcas por planta (Tabla).

La media del experimento reportó 1.40 de mazorcas por planta.

Tabla 05. Prolificidad en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Prolificidad	Sig
1	Familia1	2.25	A
2	Familia26	2.06	AB
3	Familia22	2.00	ABC
4	Familia10	2.00	ABC
5	Familia19	1.81	ABCD
6	Familia29	1.81	ABCD
7	Familia9	1.69	ABCD
8	Familia7	1.56	ABCD
9	Familia12	1.56	ABCD
10	Familia5	1.56	ABCD
11	Familia2	1.50	ABCD
12	Familia15	1.50	ABCD
13	Familia11	1.50	ABCD
14	Familia4	1.50	ABCD
15	Familia27	1.31	ABCD
16	Familia24	1.31	ABCD
17	Familia17	1.31	ABCD
18	Familia16	1.31	ABCD
19	Familia30	1.25	ABCD
20	Familia20	1.25	ABCD
21	Familia13	1.25	ABCD
22	Familia3	1.19	ABCD

23	Familia18	1.19	ABCD
24	Familia8	1.06	ABCD
25	Familia6	1.00	BCD
26	Familia21	1.00	BCD
27	Familia28	0.88	BCD
28	Familia23	0.81	CD
29	Familia14	0.81	CD
30	Familia25	0.75	D
	PROMEDIO	1.40	

Fuente: Elaboración propia

Prolificidad en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia.

4.2.4. Diámetro de Tallo (cm.)

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose cuatro subconjuntos diferentes, el superior conformada por 24 tratamientos, encabezado por la Familia **1**, con **2.26 cm** de diámetro de tallo, seguido por las 23 familias siguientes, teniendo valores comparables . Estos altos valores se atribuyen a factores genéticos y que influyen significativamente en el rendimiento de mazorca con el cual se asocia positivamente. Mientras que la Familia **23**, quedó último con solo 1.11 cm de diámetro de tallo (Tabla).

La media del experimento reportó 1.75 cm de diámetro de tallo.

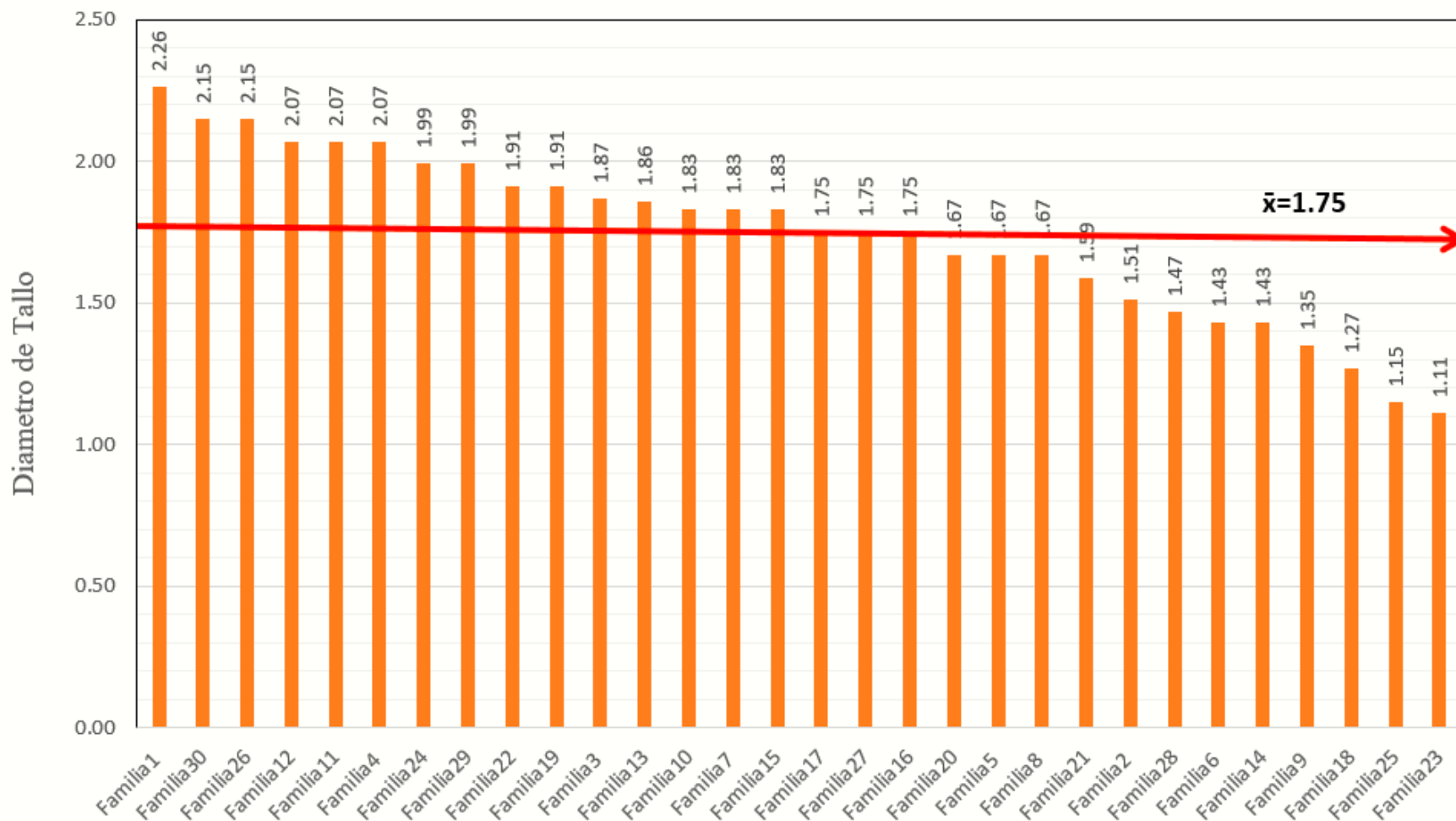
Tabla 06. Diámetro de Tallo (cm.) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Diámetro de Tallo (cm)	Sig
1	Familia1	2.26	A
2	Familia30	2.15	AB
3	Familia26	2.15	AB
4	Familia12	2.07	ABC
5	Familia11	2.07	ABC
6	Familia4	2.07	ABC
7	Familia24	1.99	ABC
8	Familia29	1.99	ABC
9	Familia22	1.91	ABCD
10	Familia19	1.91	ABCD
11	Familia3	1.87	ABCD
12	Familia13	1.86	ABCD
13	Familia10	1.83	ABCD
14	Familia7	1.83	ABCD
15	Familia15	1.83	ABCD
16	Familia17	1.75	ABCD
17	Familia27	1.75	ABCD
18	Familia16	1.75	ABCD
19	Familia20	1.67	ABCD
20	Familia5	1.67	ABCD
21	Familia8	1.67	ABCD
22	Familia21	1.59	ABCD

23	Familia2	1.51	ABCD
24	Familia28	1.47	ABCD
25	Familia6	1.43	BCD
26	Familia14	1.43	BCD
27	Familia9	1.35	BCD
28	Familia18	1.27	CD
29	Familia25	1.15	D
30	Familia23	1.11	D
	PROMEDIO	1.75	

Fuente: Elaboración propia

Diámetro de Tallo (cm.) de treinta familias experimentales y tres testigos comerciales de maíz morado (Zea maíz L.), en el distrito de Monsefú 2019. – Lambayeque, 2019



Fuente: Elaboración propia.

4.2.5. Área Foliar (dm²)

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose tres subconjuntos diferentes, el superior conformada por 28 tratamientos, encabezado por la Familia 1, con **52.73 dm²** de área foliar, seguido por las 27 familias siguientes, teniendo valores comparables. Estos altos valores se atribuyen a factores genéticos y que influyen significativamente en el rendimiento de mazorca debido a la mayor actividad fotosintética, con el cual se asocia positivamente. Mientras que la Familia 25, quedó último con solo 19.23 dm² de área foliar (Tabla).

La media del experimento reportó 40.14 dm² de área foliar.

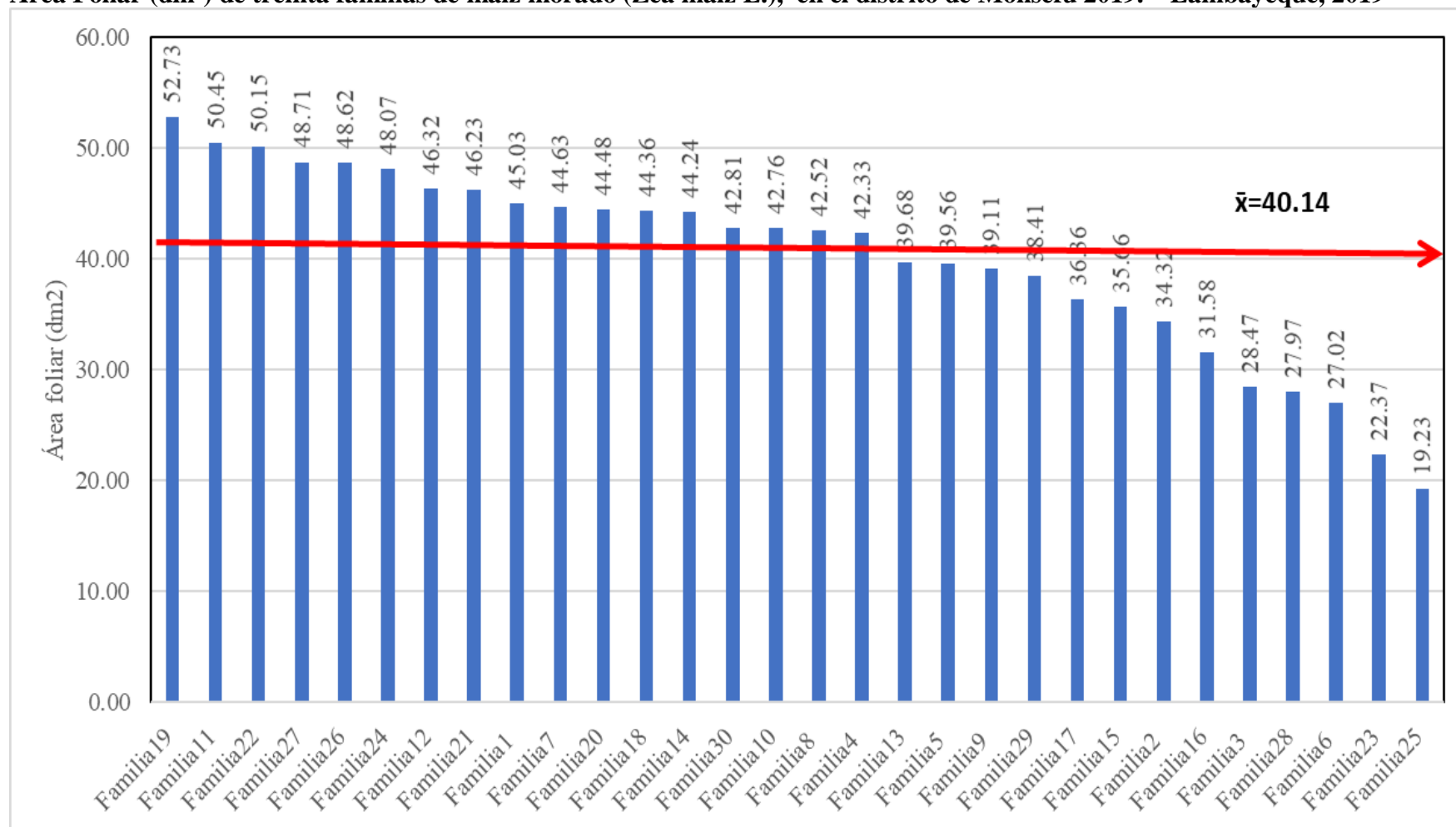
Tabla 07. Área Foliar (dm²) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Área foliar (dm ²)	Sig
1	Familia19	52.73	A
2	Familia11	50.45	A
3	Familia22	50.15	A
4	Familia27	48.71	A
5	Familia26	48.62	A
6	Familia24	48.07	A
7	Familia12	46.32	AB
8	Familia21	46.23	AB
9	Familia1	45.03	AB
10	Familia7	44.63	ABC
11	Familia20	44.48	ABC
12	Familia18	44.36	ABC
13	Familia14	44.24	ABC
14	Familia30	42.81	ABC
15	Familia10	42.76	ABC
16	Familia8	42.52	ABC
17	Familia4	42.33	ABC
18	Familia13	39.68	ABC
19	Familia5	39.56	ABC
20	Familia9	39.11	ABC
21	Familia29	38.41	ABC
22	Familia17	36.36	ABC

23	Familia15	35.66	ABC
24	Familia2	34.32	ABC
25	Familia16	31.58	ABC
26	Familia3	28.47	ABC
27	Familia28	27.97	ABC
28	Familia6	27.02	ABC
29	Familia23	22.37	BC
30	Familia25	19.23	C
	PROMEDIO	40.14	

Fuente: Elaboración propia

Área Foliar (dm²) de treinta familias de maíz morado (Zea maíz L.), en el distrito de Monsefú 2019. – Lambayeque, 2019



Fuente: Elaboración propia.

4.2.6. Altura de Planta

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose cinco subconjuntos diferentes, el superior conformada por 26 tratamientos, encabezado por la Familia **30**, con **246.25** centímetros de altura de planta, seguido por las 25 familias siguientes, teniendo valores comparables. Estos altos valores se atribuyen a factores genéticos y que influyen significativamente en el rendimiento de mazorca con el cual se asocia positivamente, Mientras que la Familia **23**, quedó último con solo 157.50 centímetros de altura de planta (Tabla).

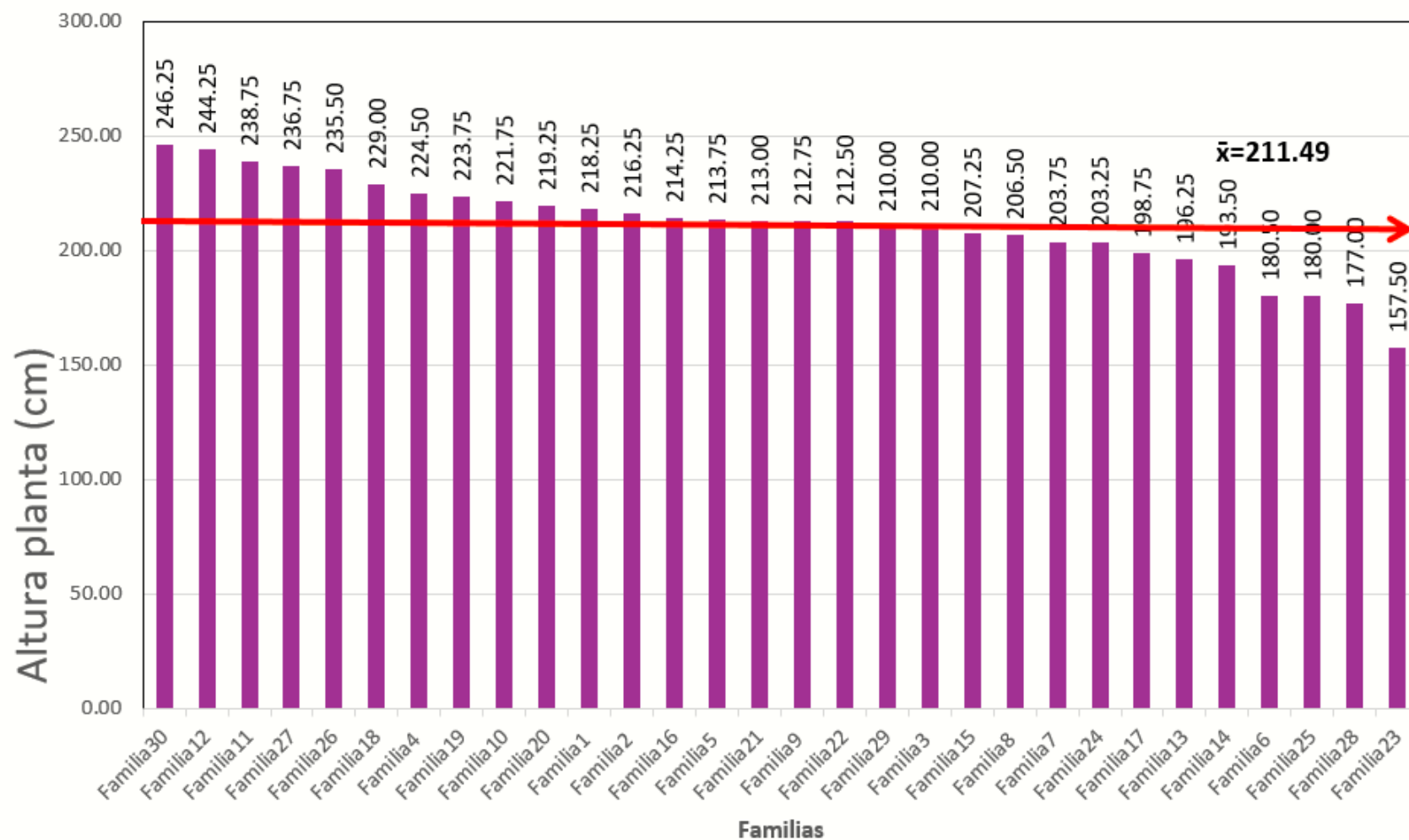
La media del experimento reportó 211.49 centímetros de altura de planta,

Tabla 08. Altura de Planta en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado - PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Altura planta (cm)	Sig
1	Familia30	246.25	A
2	Familia12	244.25	A
3	Familia11	238.75	AB
4	Familia27	236.75	ABC
5	Familia26	235.50	ABC
6	Familia18	229.00	ABD
7	Familia4	224.50	ABD
8	Familia19	223.75	ABD
9	Familia10	221.75	ABD
10	Familia20	219.25	ABD
11	Familia1	218.25	ABD
12	Familia2	216.25	ABD
13	Familia16	214.25	ABDE
14	Familia5	213.75	ABDE
15	Familia21	213.00	ABDE
16	Familia9	212.75	ABDE
17	Familia22	212.50	ABDE
18	Familia29	210.00	ABDE
19	Familia3	210.00	ABDE
20	Familia15	207.25	ABDE
21	Familia8	206.50	ABDE
22	Familia7	203.75	ABDE

23	Familia24	203.25	ABDE
24	Familia17	198.75	ABDE
25	Familia13	196.25	ABDE
26	Familia14	193.50	ABDE
27	Familia6	180.50	BDE
28	Familia25	180.00	DE
29	Familia28	177.00	DE
30	Familia23	157.50	E
	PROMEDIO	211.49	

Altura de Planta en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia

4.2.7. Altura de Inserción (cm.)

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose cuatro subconjuntos diferentes, el superior conformada por 25 tratamientos, encabezado por la Familia **11**, con **125.75 cm** de altura de inserción, seguido por las 24 familias siguientes, teniendo valores comparables . Estos altos valores se atribuyen a factores genéticos y que influyen significativamente en el rendimiento de mazorca con el cual se asocia positivamente. Mientras que la Familia **23**, quedó último con solo 51.0 cm de altura de inserción (Tabla).

La media del experimento reportó 95.88 cm de altura de inserción.

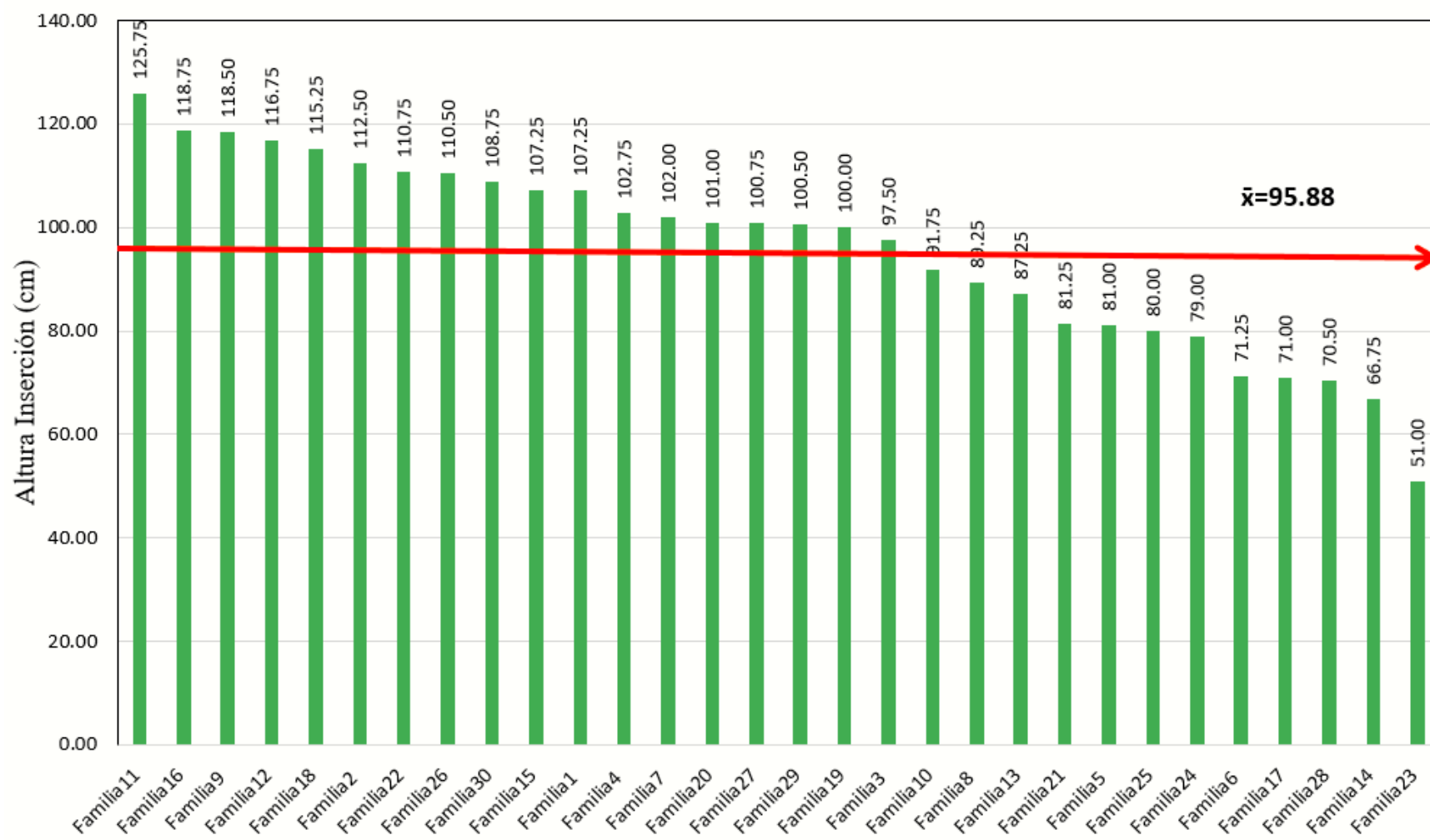
Tabla 09. Altura de Inserción (cm.) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Altura Inserción (cm)	Sig
1	Familia11	125.75	A
2	Familia16	118.75	AB
3	Familia9	118.50	AB
4	Familia12	116.75	AB
5	Familia18	115.25	ABC
6	Familia2	112.50	ABC
7	Familia22	110.75	ABC
8	Familia26	110.50	ABC
9	Familia30	108.75	ABC
10	Familia15	107.25	ABC
11	Familia1	107.25	ABC
12	Familia4	102.75	ABC
13	Familia7	102.00	ABC
14	Familia20	101.00	ABC
15	Familia27	100.75	ABC
16	Familia29	100.50	ABC
17	Familia19	100.00	ABC
18	Familia3	97.50	ABCD
19	Familia10	91.75	ABCD
20	Familia8	89.25	ABCD
21	Familia13	87.25	ABCD
22	Familia21	81.25	ABCD

23	Familia5	81.00	ABCD
24	Familia25	80.00	ABCD
25	Familia24	79.00	ABCD
26	Familia6	71.25	BCD
27	Familia17	71.00	BCD
28	Familia28	70.50	BCD
29	Familia14	66.75	CD
30	Familia23	51.00	D
	PROMEDIO	95.88	

Fuente: Elaboración propia

Altura de Inserción (cm.) de treinta familias experimentales y tres testigos comerciales de maíz morado (Zea maíz L.), en el distrito de Monsefú 2019. – Lambayeque, 2019



Fuente: Elaboración propia

4.2.8. Número de Hojas

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose dos subconjuntos diferentes, el superior está conformado por 18 tratamientos, encabezado por la Familia **14**, con **13.0** hojas por planta, seguido por 17 familias siguientes, teniendo valores comparables; estos altos valores se atribuyen a factores. Mientras que la Familia **6**, fue el genotipo que con solo 8.50 hojas por planta quedó última (Tabla 11.).

La media del experimento reportó 9.86 hojas por planta.

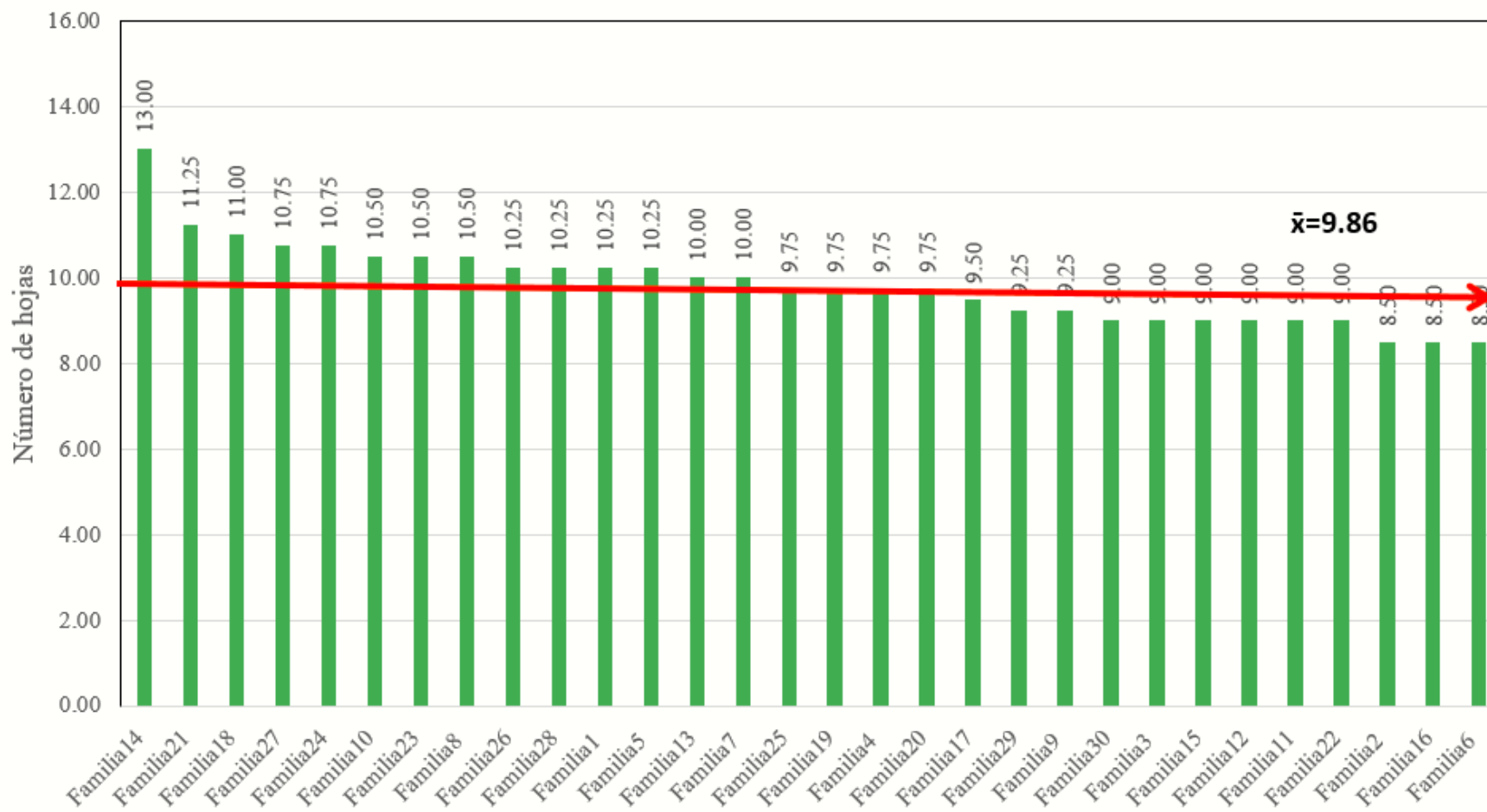
Tabla 10. Número de Hojas por Planta en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Número de hojas	Sig
1	Familia14	13.00	A
2	Familia21	11.25	AB
3	Familia18	11.00	AB
4	Familia27	10.75	AB
5	Familia24	10.75	AB
6	Familia10	10.50	AB
7	Familia23	10.50	AB
8	Familia8	10.50	AB
9	Familia26	10.25	AB
10	Familia28	10.25	AB
11	Familia1	10.25	AB
12	Familia5	10.25	AB
13	Familia13	10.00	AB
14	Familia7	10.00	AB
15	Familia25	9.75	AB
16	Familia19	9.75	AB
17	Familia4	9.75	AB
18	Familia20	9.75	AB
19	Familia17	9.50	B
20	Familia29	9.25	B
21	Familia9	9.25	B
22	Familia30	9.00	B
23	Familia3	9.00	B
24	Familia15	9.00	B

25	Familia12	9.00	B
26	Familia11	9.00	B
27	Familia22	9.00	B
28	Familia2	8.50	B
29	Familia16	8.50	B
30	Familia6	8.50	B
	PROMEDIO	9.86	

Fuente: Elaboración propia

Número de Hojas por Planta en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia

4.2.9. Aspecto de Planta

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose siete subconjuntos diferentes, el superior conformada por 9 tratamientos, encabezado por la Familia 12, con 4.50 grados de aspecto de planta, seguido por las 8 familias siguientes, teniendo valores comparables. estos altos valores se atribuyen al buen estado fenotípico de planta como lo confirma Ramírez Vega Sergio 2015). Mientras que la Familia 30, quedó último con solo 1.00 grados de aspecto de planta (Tabla).

La media del experimento reportó 3.08 grados de aspecto de planta.

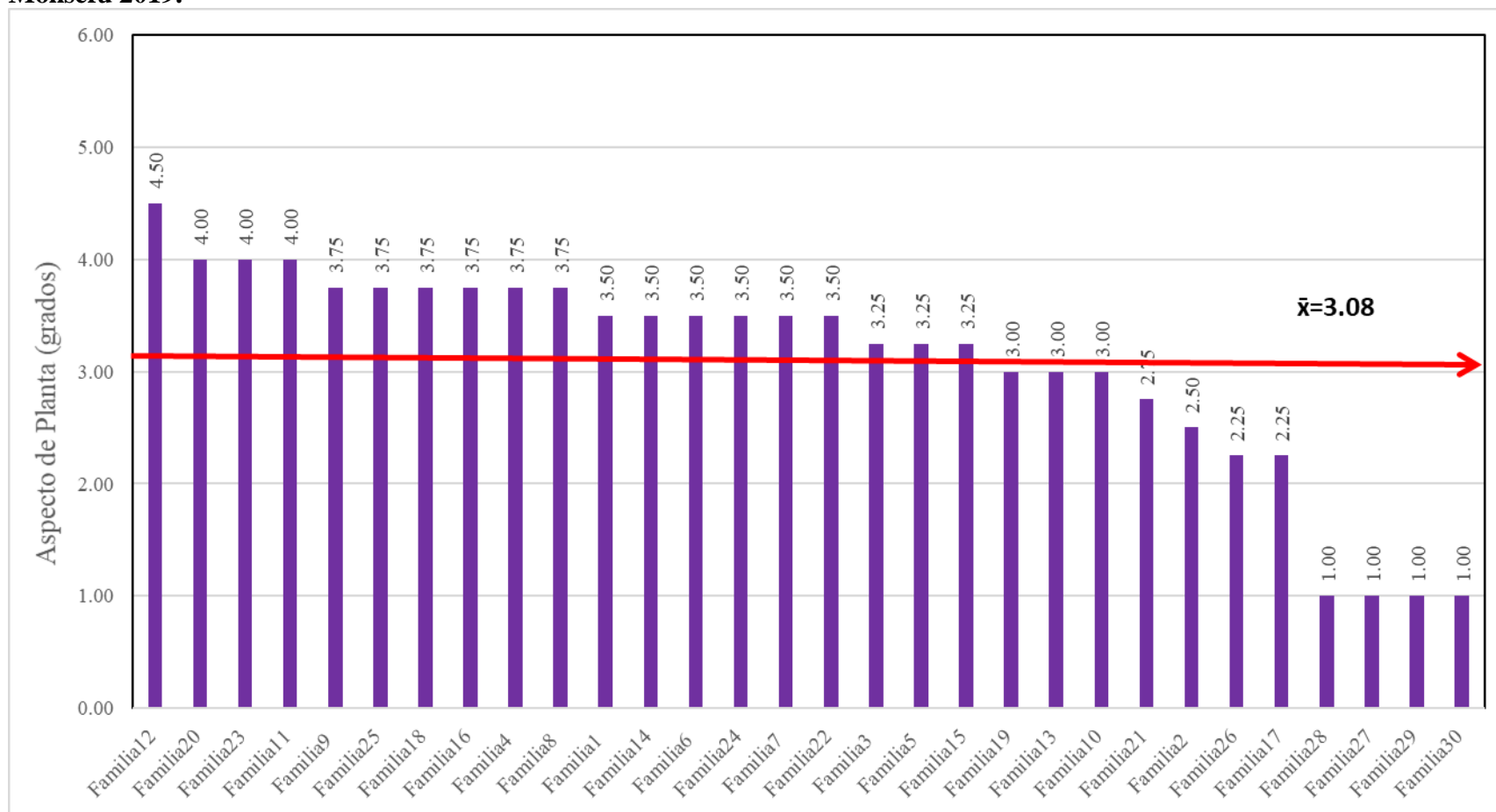
Tabla 11. Aspecto de Planta en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Aspecto de Planta (grados)	Sig
1	Familia12	4.50	A
2	Familia20	4.00	AB
3	Familia23	4.00	AB
4	Familia11	4.00	AB
5	Familia9	3.75	ABC
6	Familia25	3.75	ABC
7	Familia18	3.75	ABC
8	Familia16	3.75	ABC
9	Familia4	3.75	ABC
10	Familia8	3.75	ABC
11	Familia1	3.50	BCD
12	Familia14	3.50	BCD
13	Familia6	3.50	BCD
14	Familia24	3.50	BCD
15	Familia7	3.50	BCD
16	Familia22	3.50	BCD
17	Familia3	3.25	BCDE
18	Familia5	3.25	BCDE
19	Familia15	3.25	BCDE
20	Familia19	3.00	CDEF
21	Familia13	3.00	CDEF
22	Familia10	3.00	CDEF
23	Familia21	2.75	DEF

24	Familia2	2.50	EF
25	Familia26	2.25	F
26	Familia17	2.25	F
27	Familia28	1.00	G
28	Familia27	1.00	G
29	Familia29	1.00	G
30	Familia30	1.00	G
	PROMEDIO	3.08	

Fuente: Elaboración propia

Aspecto de Planta en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia.

4.2.10. Ancho de Hoja

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose tres subconjuntos diferentes, el superior conformada por 10 tratamientos, encabezado por la Familia **12**, con **8.75** cm de ancho de hoja, seguido por las 25 familias siguientes, teniendo valores comparables . Estos valores se atribuyen a factores genéticos y que influyen en un mayor rendimiento como lo confirma Ramírez Vega Sergio (2015). Mientras que la Familia **25**, quedó último con solo 5.25 cm de ancho de hoja (Tabla).

La media del experimento reportó 7.35 cm de ancho de hoja.

Tabla 12. Ancho de Hoja en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

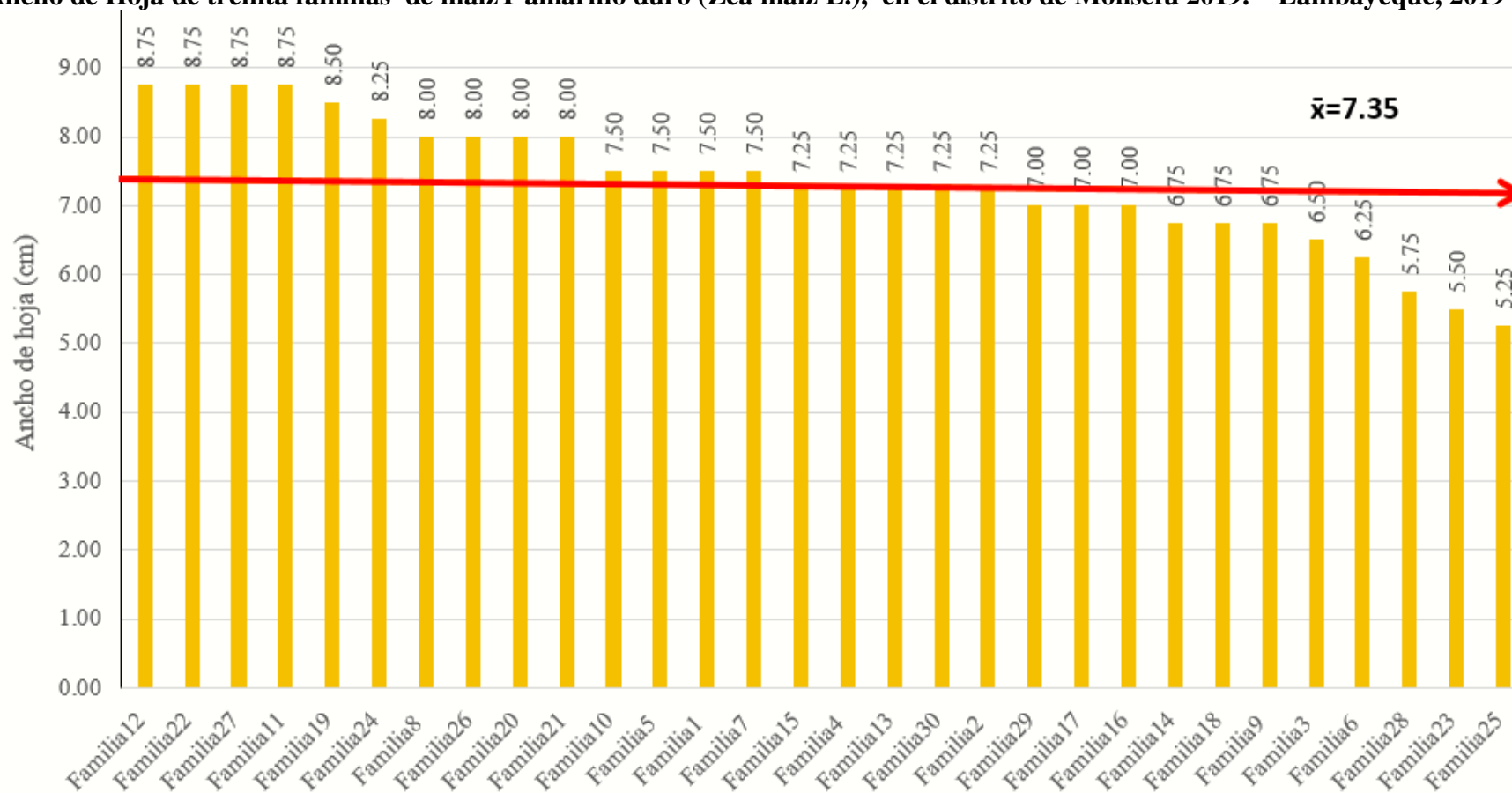
O.M.	Familia	Ancho de hoja (cm)	Sig
1	Familia12	8.75	A
2	Familia22	8.75	A
3	Familia27	8.75	A
4	Familia11	8.75	A
5	Familia19	8.50	AB
6	Familia24	8.25	ABC
7	Familia8	8.00	ABC
8	Familia26	8.00	ABC
9	Familia20	8.00	ABC
10	Familia21	8.00	ABC
11	Familia10	7.50	ABC
12	Familia5	7.50	ABC
13	Familia1	7.50	ABC
14	Familia7	7.50	ABC
15	Familia15	7.25	ABC
16	Familia4	7.25	ABC
17	Familia13	7.25	ABC
18	Familia30	7.25	ABC
19	Familia2	7.25	ABC
20	Familia29	7.00	ABC
21	Familia17	7.00	ABC

22	Familia16	7.00	ABC
23	Familia14	6.75	ABC
24	Familia18	6.75	ABC
25	Familia9	6.75	ABC
26	Familia3	6.50	ABC
27	Familia6	6.25	ABC
28	Familia28	5.75	ABC
29	Familia23	5.50	BC
30	Familia25	5.25	C
	PROMEDIO	7.35	

Fuente: Elaboración propia

,

Ancho de Hoja de treinta familias de maízT amarillo duro (Zea maíz L.), en el distrito de Monsefú 2019. – Lambayeque, 2019



Fuente: Elaboración propia.

4.2.11. Tinción de coronta

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose nueve subconjuntos diferentes, el superior está conformado por 8 tratamientos, encabezado por la Familia **12**, con **5.0** unidades en la escala de color de mazorca, de un total de 5,seguido por las 7 familias siguientes, teniendo valores comparables. Estos altos. Mientras que el híbrido con grado de tinción, fue el genotipo **Familia 17** con solo 4.13 grados de Tinción (Tabla).

La media del experimento reportó4.69 unidades en la escala de color de mazorca.

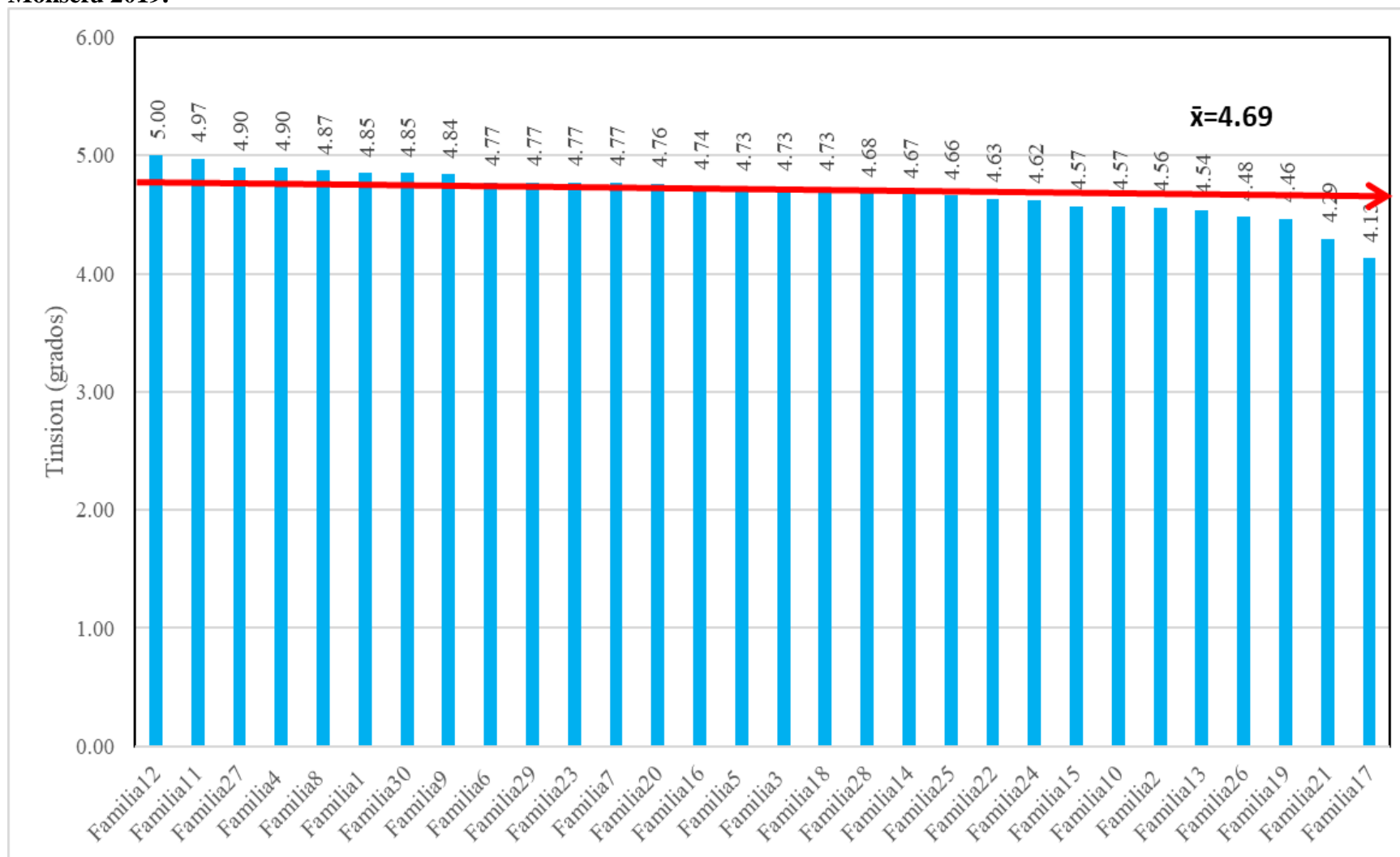
Tabla 13. Tinción de la coronta (unidades en la escala de color de mazorca- grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Tinción (grados)	Sig
1	Familia12	5.00	A
2	Familia11	4.97	AB
3	Familia27	4.90	ABC
4	Familia4	4.90	ABC
5	Familia8	4.87	ABCD
6	Familia1	4.85	ABCD
7	Familia30	4.85	ABCD
8	Familia9	4.84	ABCD
9	Familia6	4.77	BCDE
10	Familia29	4.77	BCDE
11	Familia23	4.77	BCDE
12	Familia7	4.77	BCDE
13	Familia20	4.76	BCDE
14	Familia16	4.74	BCDEF
15	Familia5	4.73	BCDEF
16	Familia3	4.73	BCDEF
17	Familia18	4.73	BCDEF
18	Familia28	4.68	CDEFG
19	Familia14	4.67	CDEFG

20	Familia25	4.66	CDEFG
21	Familia22	4.63	DEFG
22	Familia24	4.62	DEFG
23	Familia15	4.57	EFG
24	Familia10	4.57	EFG
25	Familia2	4.56	EFG
26	Familia13	4.54	EFG
27	Familia26	4.48	FGH
28	Familia19	4.46	GH
29	Familia21	4.29	HI
30	Familia17	4.13	I
	PROMEDIO	4.69	

Fuente: Elaboración propia

Tinción (grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia

4.2.12. Tinción de panca o brácteas (unidades en la escala de color de mazorca-**grados**).

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose siete subconjuntos diferentes, el superior está conformado por 12 tratamientos, encabezado por la Familia **12**, con **4.50** grados de tinción de panca o bráctea, seguido por las 11 familias siguientes, teniendo valores comparables. Mientras que la Familia **17** quedó en último lugar con solo 1.25 grados de Tinción de panca (Tabla 15).

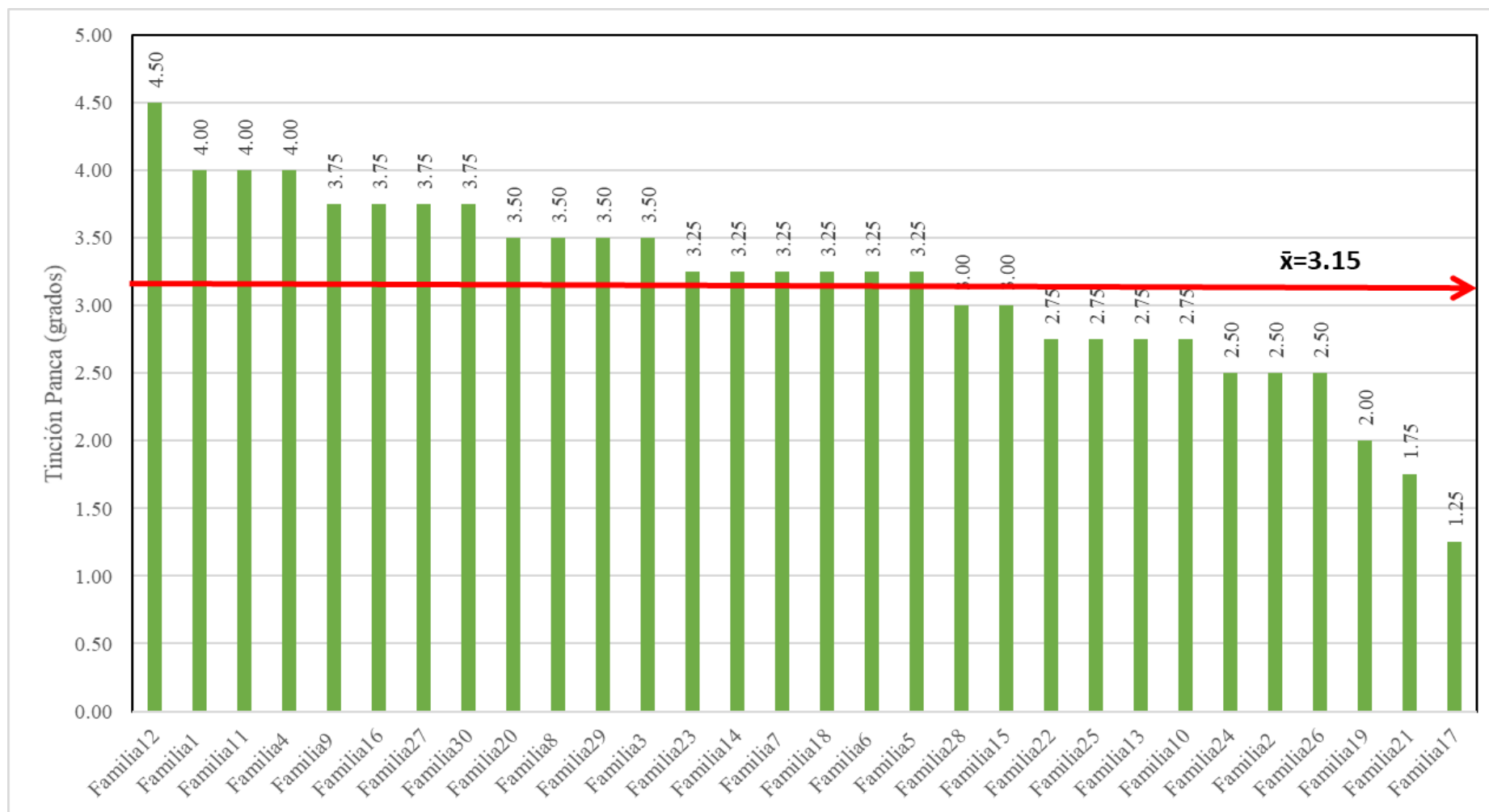
La media del experimento reportó 3.15 grados de tinción de panca.

Tabla 14. Tinción panca (grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Tinción panca (grados)	Sig
1	Familia12	4.50	A
2	Familia1	4.00	AB
3	Familia11	4.00	AB
4	Familia4	4.00	AB
5	Familia9	3.75	ABC
6	Familia16	3.75	ABC
7	Familia27	3.75	ABC
8	Familia30	3.75	ABC
9	Familia20	3.50	ABCD
10	Familia8	3.50	ABCD
11	Familia29	3.50	ABCD
12	Familia3	3.50	ABCD
13	Familia23	3.25	BCD
14	Familia14	3.25	BCD
15	Familia7	3.25	BCD
16	Familia18	3.25	BCD
17	Familia6	3.25	BCD

18	Familia5	3.25	BCD
19	Familia28	3.00	BCDE
20	Familia15	3.00	BCDE
21	Familia22	2.75	CDEF
22	Familia25	2.75	CDEF
23	Familia13	2.75	CDEF
24	Familia10	2.75	CDEF
25	Familia24	2.50	DEF
26	Familia2	2.50	DEF
27	Familia26	2.50	DEF
28	Familia19	2.00	EFG
29	Familia21	1.75	FG
30	Familia17	1.25	G
	PROMEDIO	3.15	

Fuente: Elaboración propia



Fuente: Elaboración propia

4.2.13. Tinción de tallo

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose cuatro subconjuntos diferentes, el superior está conformado por 18 tratamientos, encabezado por la Familia 1, con 4.00 grados de tinción de tallo, seguido por las 17 familias siguientes, teniendo valores comparables. Estos altos rendimientos se atribuyen posiblemente a la débil cobertura de la mazorca por las panca o brácteas. Mientras que la Familia 13 quedó en último lugar con solo 2.00 grados de Tinción de tallo (Tabla 16).

La media del experimento reportó 2.84 grados de tinción de tallo.

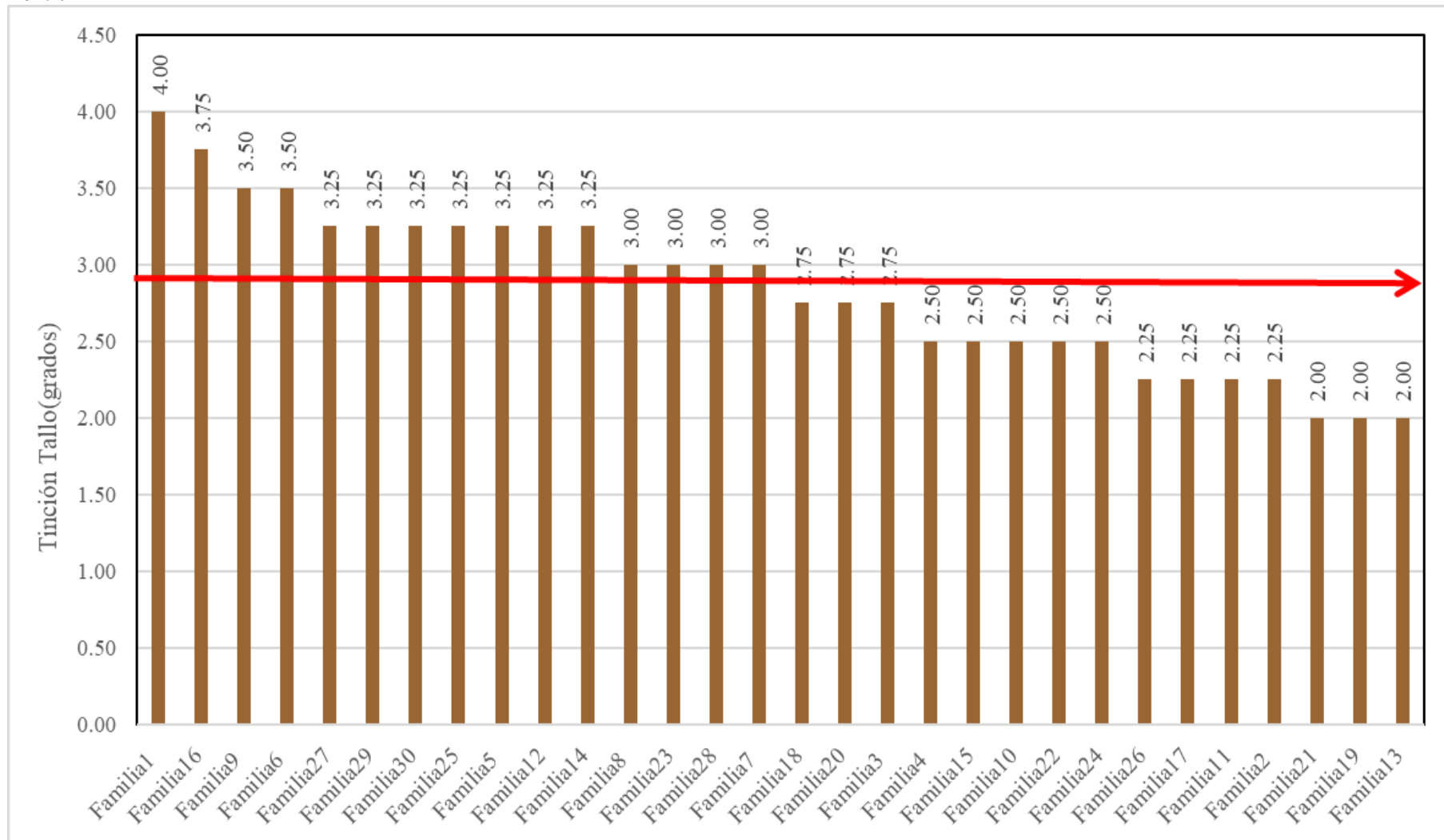
Tabla 15. Tinción tallo (grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Tinción Tallo (grados)	Sig
1	Familia1	4.00	A
2	Familia16	3.75	AB
3	Familia9	3.50	ABC
4	Familia6	3.50	ABC
5	Familia27	3.25	ABCD
6	Familia29	3.25	ABCD
7	Familia30	3.25	ABCD
8	Familia25	3.25	ABCD
9	Familia5	3.25	ABCD
10	Familia12	3.25	ABCD
11	Familia14	3.25	ABCD
12	Familia8	3.00	ABCD
13	Familia23	3.00	ABCD
14	Familia28	3.00	ABCD
15	Familia7	3.00	ABCD
16	Familia18	2.75	ABCD
17	Familia20	2.75	ABCD
18	Familia3	2.75	ABCD
19	Familia4	2.50	BCD
20	Familia15	2.50	BCD
21	Familia10	2.50	BCD
22	Familia22	2.50	BCD

23	Familia24	2.50	BCD
24	Familia26	2.25	CD
25	Familia17	2.25	CD
26	Familia11	2.25	CD
27	Familia2	2.25	CD
28	Familia21	2.00	D
29	Familia19	2.00	D
30	Familia13	2.00	D
	PROMEDIO	2.84	

Fuente: Elaboración propia

Tinción tallo (grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia

4.2.14. Tinción de Panoja

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose tres subconjuntos diferentes, el superior está conformado por 26 tratamientos, encabezado por la Familia **12**, con **3.75** grados de tinción de panoja, seguido por las 25 familias siguientes, teniendo valores comparables . Estos altos rendimiento se atribuyen posiblemente a la débil cobertura de la mazorca por las panca o brácteas. Mientras que la Familia **13** quedó en último lugar con solo 2.00 grados de Tinción de panoja (Tabla).

La media del experimento reportó 2.90 grados de tinción de panoja.

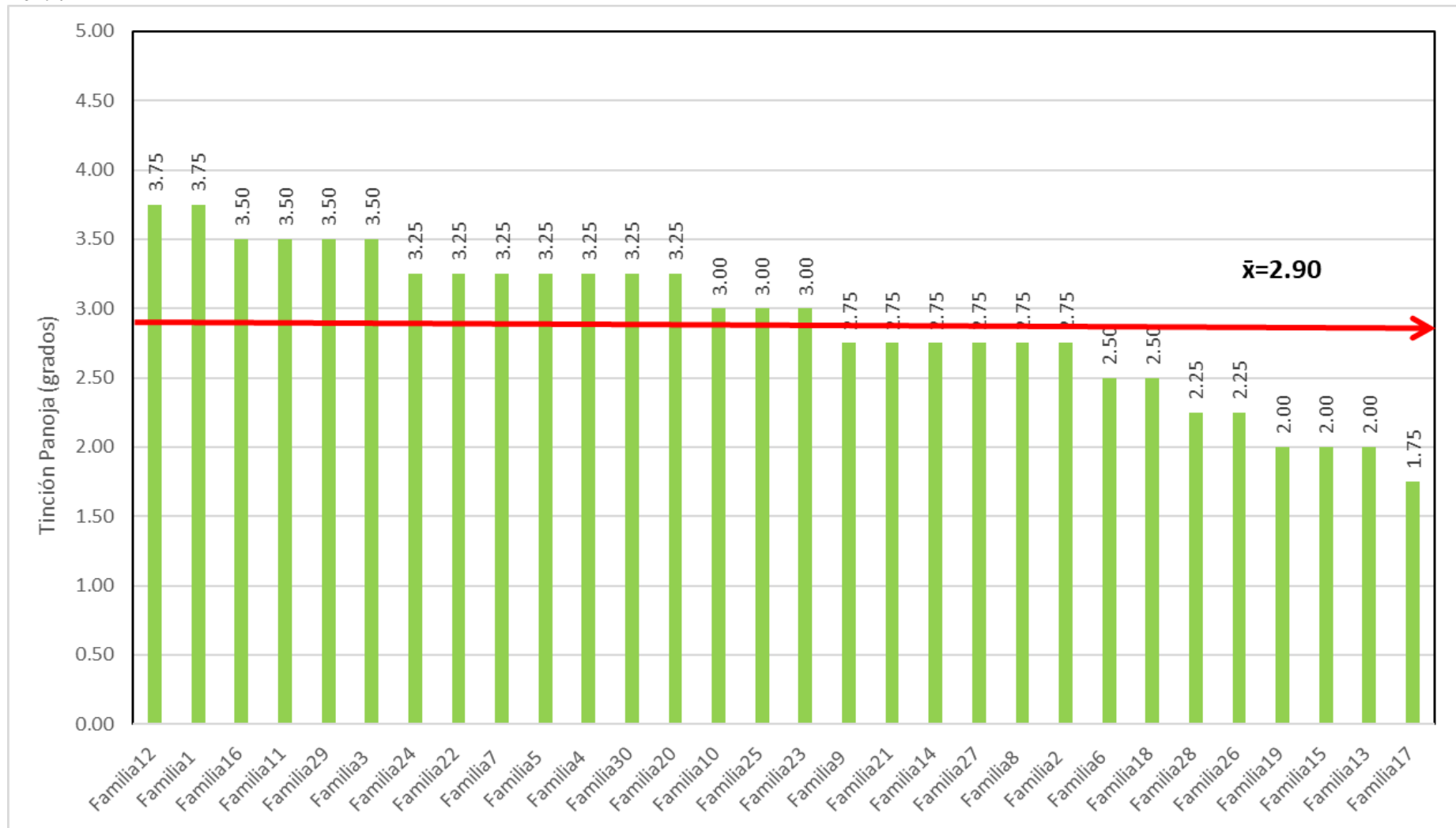
Tabla 16. Tinción panoja (grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Tinción Panoja (grados)	Sig
1	Familia12	3.75	A
2	Familia1	3.75	A
3	Familia16	3.50	AB
4	Familia11	3.50	AB
5	Familia29	3.50	AB
6	Familia3	3.50	AB
7	Familia24	3.25	ABC
8	Familia22	3.25	ABC
9	Familia7	3.25	ABC
10	Familia5	3.25	ABC
11	Familia4	3.25	ABC
12	Familia30	3.25	ABC
13	Familia20	3.25	ABC
14	Familia10	3.00	ABC
15	Familia25	3.00	ABC
16	Familia23	3.00	ABC
17	Familia9	2.75	ABC
18	Familia21	2.75	ABC
19	Familia14	2.75	ABC
20	Familia27	2.75	ABC
21	Familia8	2.75	ABC
22	Familia2	2.75	ABC

23	Familia6	2.50	ABC
24	Familia18	2.50	ABC
25	Familia28	2.25	ABC
26	Familia26	2.25	ABC
27	Familia19	2.00	BC
28	Familia15	2.00	BC
29	Familia13	2.00	BC
30	Familia17	1.75	C
	PROMEDIO	2.90	

Fuente: Elaboración propia

Tinción panoja (grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia

4.2.15. Tinción de Nervadura

La prueba de DUNCAN para tratamientos no detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose un subconjunto, conformado por 30 tratamientos, encabezado por la Familia **11**, con **2.75** grados de tinción de nervadura, seguido por las 29 familias siguientes, teniendo valores comparables. Mientras que la Familia **21** quedó en último lugar con solo 1.00 grados de Tinción de nervadura (Tabla).

La media del experimento reportó 1.68 grados de tinción de nervadura.

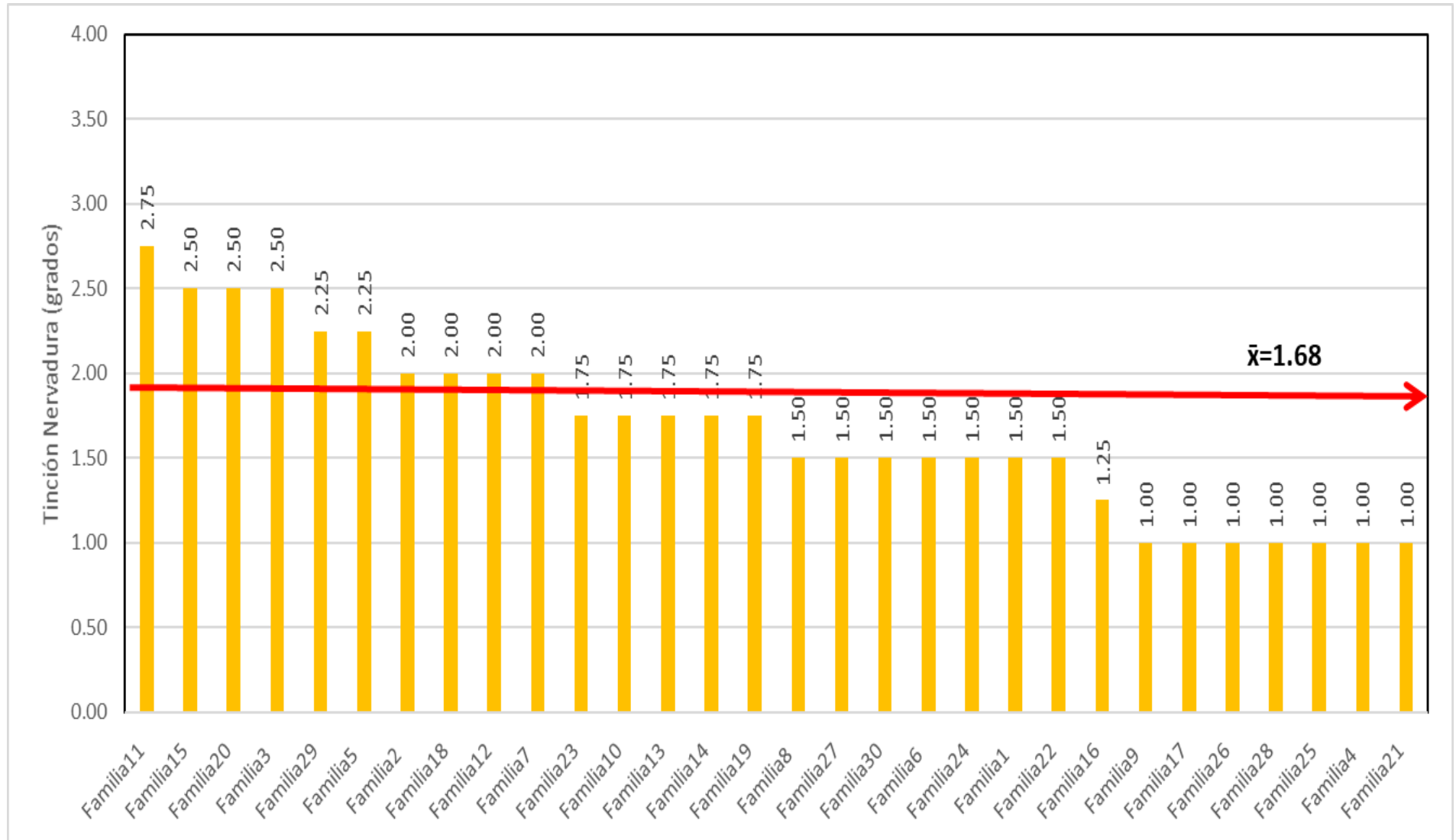
Tabla 17. Tinción nervadura (grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Tinción Nervadura (grados)	Sig
1	Familia11	2.75	A
2	Familia15	2.50	A
3	Familia20	2.50	A
4	Familia3	2.50	A
5	Familia29	2.25	A
6	Familia5	2.25	A
7	Familia2	2.00	A
8	Familia18	2.00	A
9	Familia12	2.00	A
10	Familia7	2.00	A
11	Familia23	1.75	A
12	Familia10	1.75	A
13	Familia13	1.75	A
14	Familia14	1.75	A
15	Familia19	1.75	A
16	Familia8	1.50	A
17	Familia27	1.50	A
18	Familia30	1.50	A
19	Familia6	1.50	A
20	Familia24	1.50	A
21	Familia1	1.50	A
22	Familia22	1.50	A
23	Familia16	1.25	A
24	Familia9	1.00	A
25	Familia17	1.00	A

26	Familia26	1.00	A
27	Familia28	1.00	A
28	Familia25	1.00	A
29	Familia4	1.00	A
30	Familia21	1.00	A
	PROMEDIO	1.68	

Fuente: Elaboración propia

Tinción nervadura (grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia

4.2.16. Tinción de Coronta

La prueba de DUNCAN para tratamientos detectó diferencias estadísticas significativas encontrándose nueve subconjuntos, el superior está conformado por 8 tratamientos, encabezado por la Familia 12, con 5.3 grados de tinción de coronta, seguido por las 7 familias siguientes, teniendo valores comparables . Mientras que la Familia 17 quedó en último lugar con solo 4.13 grados de Tinción de coronta (Tabla).

La media del experimento reportó 4.69 grados de tinción de coronta.

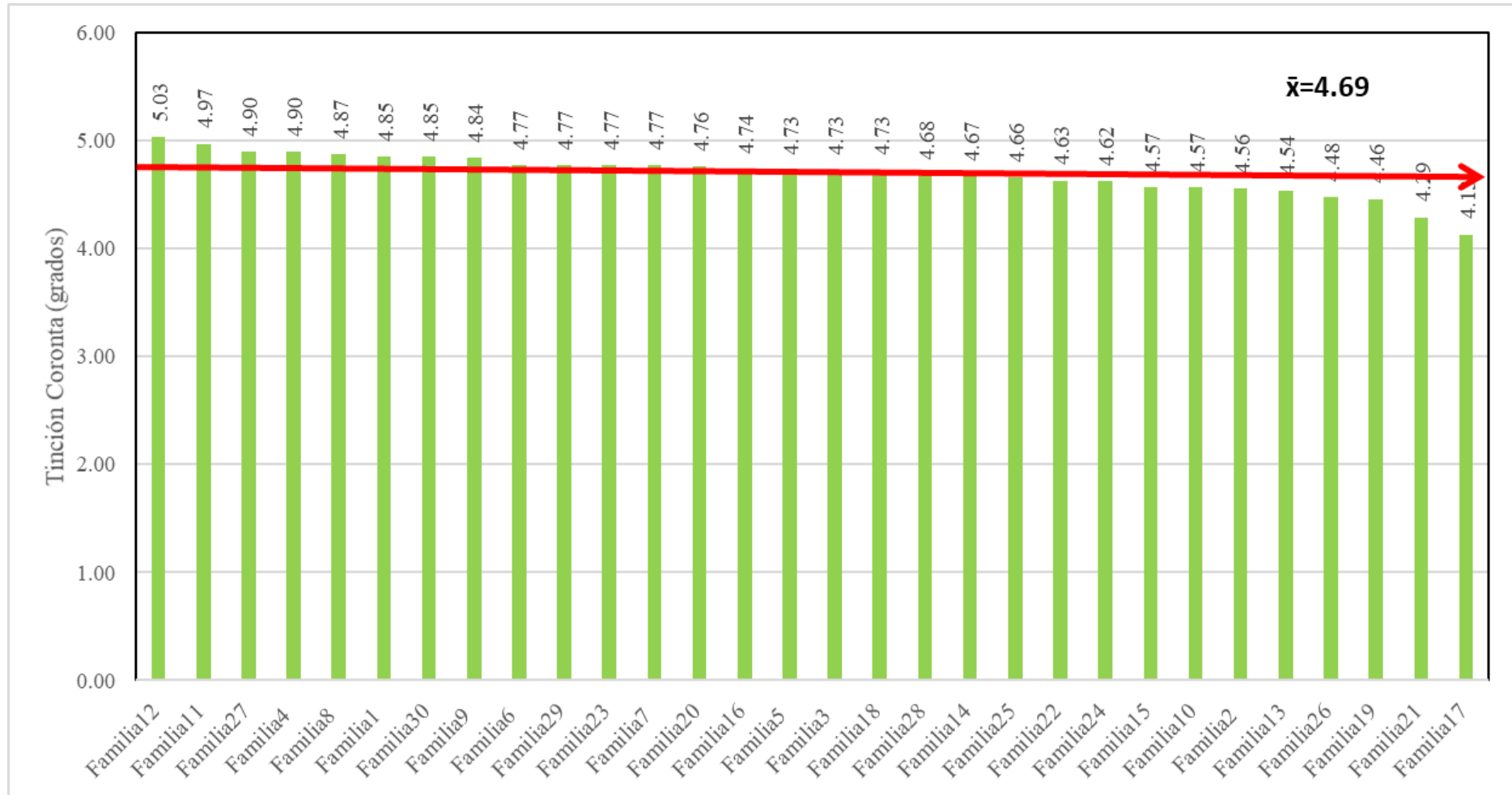
Tabla 18. Tinción coronta (grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Tinción Coronta (grados)	Sig
1	Familia12	5.00	A
2	Familia11	4.97	AB
3	Familia27	4.90	ABC
4	Familia4	4.90	ABC
5	Familia8	4.87	ABCD
6	Familia1	4.85	ABCD
7	Familia30	4.85	ABCD
8	Familia9	4.84	ABCD
9	Familia6	4.77	BCDE
10	Familia29	4.77	BCDE
11	Familia23	4.77	BCDE
12	Familia7	4.77	BCDE
13	Familia20	4.76	BCDE
14	Familia16	4.74	BCDEF
15	Familia5	4.73	BCDEF
16	Familia3	4.73	BCDEF
17	Familia18	4.73	BCDEF
18	Familia28	4.68	CDEFG
19	Familia14	4.67	CDEFG
20	Familia25	4.66	CDEFG
21	Familia22	4.63	DEFG
22	Familia24	4.62	DEFG
23	Familia15	4.57	EFG
24	Familia10	4.57	EFG
25	Familia2	4.56	EFG

26	Familia13	4.54	EFG
27	Familia26	4.48	FGH
28	Familia19	4.46	GH
29	Familia21	4.29	HI
30	Familia17	4.13	I
	PROMEDIO	4.69	

Fuente: Elaboración propia

Tinción coronta (grados) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia

4.2.17. Antocianinas (mg/100g)

La prueba de DUNCAN para familias detectó heterogeneidad significativas encontrándose dos subconjuntos, el superior está conformado por 29 tratamientos, encabezado por la Familia **12**, con **2034.96** mg/100g de Antocianina, seguido por las 28 familias siguientes, teniendo valores comparables . Estos altos se atribuyen a factores genéticos Mientras que la Familia **17** quedó en último lugar con solo 1691.25 mg/100g de Antocianina (Tabla 20).

La media del experimento reportó 1913.85 mg/100g de Antocianina.

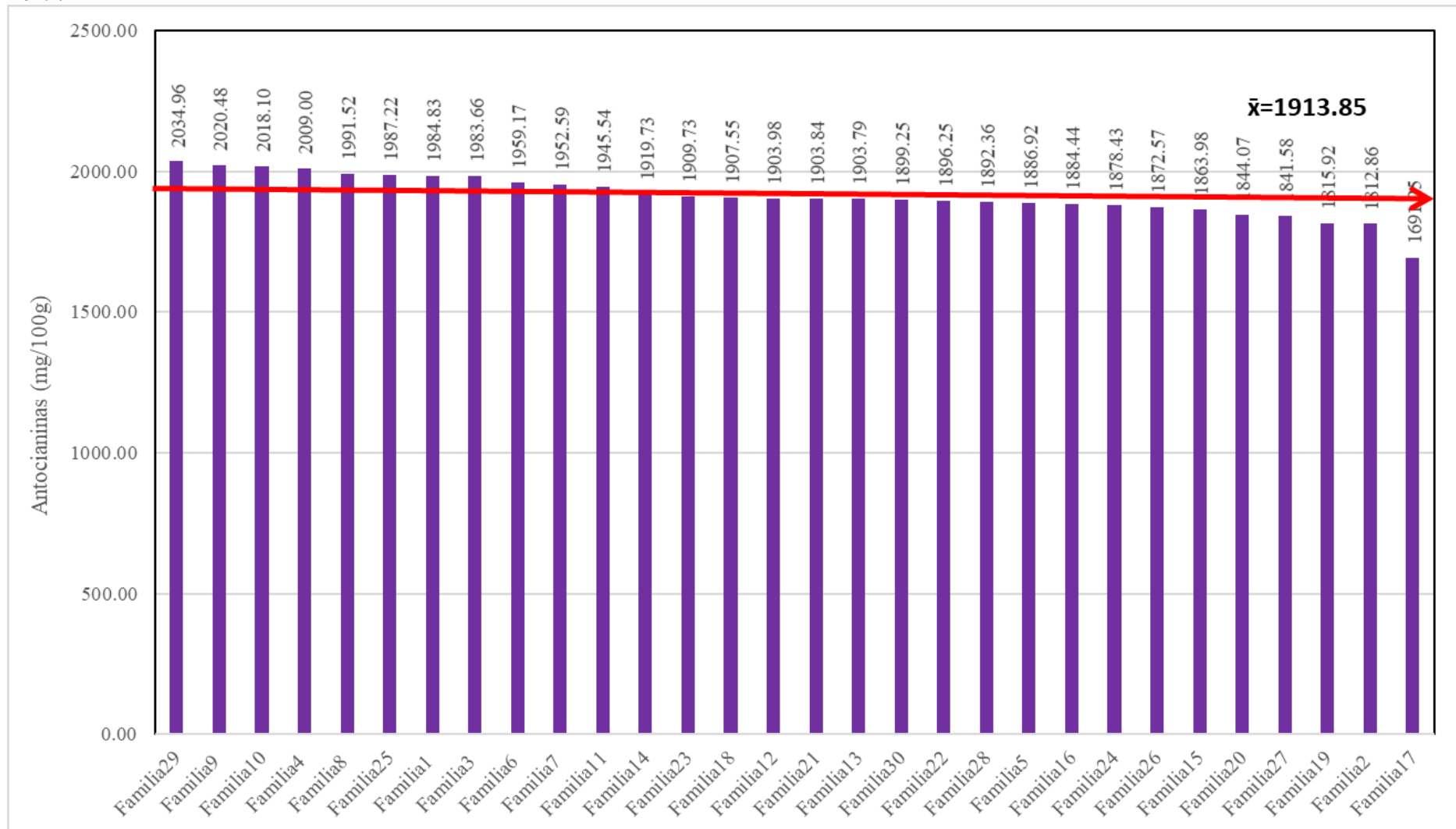
Tabla 19. Antocianina (mg/100g) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.

O.M.	Familia	Antocianinas (mg/100g)	Sig
1	Familia29	2034.96	A
2	Familia9	2020.48	A
3	Familia10	2018.10	A
4	Familia4	2009.00	A
5	Familia8	1991.52	A
6	Familia25	1987.22	A
7	Familia1	1984.83	A
8	Familia3	1983.66	A
9	Familia6	1959.17	A
10	Familia7	1952.59	A
11	Familia11	1945.54	A
12	Familia14	1919.73	A
13	Familia23	1909.73	AB
14	Familia18	1907.55	AB
15	Familia12	1903.98	AB
16	Familia21	1903.84	AB
17	Familia13	1903.79	AB
18	Familia30	1899.25	AB
19	Familia22	1896.25	AB
20	Familia28	1892.36	AB
21	Familia5	1886.92	AB
22	Familia16	1884.44	AB
23	Familia24	1878.43	AB

24	Familia26	1872.57	AB
25	Familia15	1863.98	AB
26	Familia20	1844.07	AB
27	Familia27	1841.58	AB
28	Familia19	1815.92	AB
29	Familia2	1812.86	AB
30	Familia17	1691.25	B
	PROMEDIO	1913.85	

Fuente: Elaboración propia

Antocianina (mg/100g) en la determinación de la variabilidad genética en la variedad de maíz morado -PMV 581 en el distrito de Monsefú 2019.



Fuente: Elaboración propia

4.3. Cálculo de la heredabilidad

Contrastación de las hipótesis planteadas

Con la información de los resultados de los análisis de varianza (anexo) se calculó la heredabilidad, siguiendo la siguiente secuencia:

Secuencia Infostat versión 8

Cálculos de la heredabilidad



Figura 06. Cálculo de la heredabilidad.

Figura 07. Cálculo del análisis de varianza

Tabla 20. Forma del ANAVA para el cálculo de los parámetros genéticos

FV	SC	GL	CM	ECM
BLOQUES	302491.61	3	100830.54	
GENOTIPOS	1759720.99	29	293286.83	$\sigma^2 r \sigma^2 g$
ERROR	399371.62	87	22187.31	σ^2

Para el cálculo de la heredabilidad se basó en las unidades experimentales donde la fórmula de la varianza fenotípica es:

$$\sigma^2 f = \sigma^2 g + \sigma^2$$

$\sigma^2 f$ =varianza fenotípica

$\sigma^2 g$ = varianza genética

σ^2 = Varianza del error

Heredabilidad $H = \sigma^2 g / (\sigma^2 + \sigma^2 g)$

Realizado los cálculos de la heredabilidad según el modelo 2 o de los componentes de varianza, para las características evaluadas se encontró altos valores de este parámetro

en todos los atributos con valores mayores del 95 %, mostrando que existe una amplia variación genética, aunque estos valores deben estar sobreestimados, debido a que en la varianza genética estimada están incluidos, los componentes dominantes y epistáticos y la interacción genotipo x medio ambiente, y para desglosarlo se necesita generar más generaciones segregantes, como tener valores de F1, F2 según los modelos de Comstock y Robinson (1949). A pesar de ello nos da una gran perspectiva de avance por selección por el valor alto de la heredabilidad y por tener distribuciones con colas más amplias por tratarse de una población heterogénea y heterocigota. Por lo que el método de selección masal será muy efectivo, como lo indica Salhuana Mackie Wilfredo (2004) quien reporta que en maíz en el Perú existe una gran variabilidad genética en las poblaciones y que solo se ha explotado el 5 % y cuando se agote esta variabilidad, recién se hará uso de la hibridación o biotecnología.

Tabla 21. Cálculo de la variabilidad genética (σ^2_g) y heredabilidad (H)

Altura de planta

Altura de planta			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_{g+} + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Genotipos=	1664.35	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	138.575	1248.625	11.10
Error=	1110.05	σ^2			

Tabla 22. Diámetro de tallo

Diámetro de tallo			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_{g+} + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Genotipos=	0.04	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	0.005	0.025	20.00
Error=	0.02	σ^2			

Tabla 23.

Longitud de hoja

Longitud de hoja			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_{g+} + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Genotipos=	319.25	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	48.2525	174.4925	27.65
Error=	126.24	σ^2			

Tabla 24. Ancho de hoja

Ancho de hoja			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_{g+} + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$

Genotipos=	0.01	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	0	0.01	0.00
Error=	0.01	σ^2			

Tabla 25 N°
de hojas

N° de hojas			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_g + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Genotipos=	0.01	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	0	0.01	0.00
Error=	0.01	σ^2			

Tabla 26 .
Área foliar

Área foliar			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_g + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Genotipos=	0.05	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	0.005	0.035	14.29
Error=	0.03	σ^2			

Tabla 27.
prolificidad

prolificidad			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_g + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Genotipos=	0.02	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	0.0025	0.0125	20.00
Error=	0.01	σ^2			

Tabla 28
Rdto/Ha ton

Rdto. Haton			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_g + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Genotipos=	0.01	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	0.001275	0.006175	20.65
Error=	4.90E-03	σ^2			

Tabla 29. Aspecto de
planta

Aspecto de planta			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_g + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Genotipos=	0.28	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	0.065	0.085	76.47
Error=	0.02	σ^2			

Tabla 30.
Tincion

TINCION			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_g + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$

Genotipos=	0.15	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	0.0325	0.0525	61.90
Error=	0.02	σ^2			

Tabla 31.
PANCA

PANCA			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_g + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Genotipos=	0.14	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	0.0275	0.0575	47.83
Error=	0.03	σ^2			

Tabla 32.
TINCION

INCION			σ^2_g	σ^2_f	Heredabilidad
Fuente	CM	CM esp,	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$\sigma^2_f = \sigma^2_g + \sigma^2$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Genotipos=	0.15	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	0.0325	0.0525	61.90
Error=	0.02	σ^2			

4.4. Resultados de las correlaciones bivariados

En la tabla siguiente se muestra los resultados del estudio de relación para cada par de variables, observándose una correlación positiva y altamente significativa del rendimiento de grano con, altura de planta y altura de mazorca número de vainas por planta, número de plantas atacadas por pájaros y planta podridas, numero de granos por hilera, longitud de mazorca, ancho de mazorca , % de grano y peso de 1000 granos. resultados que indican que los genes de rendimiento influyen también en sus componentes. mientras que rendimiento con días a la floración y planta con mazorcas podridas, la relación fue inversa (Tabla)

Tabla N° 33. Medidas de asociación para cada par de variables.

Contenido de la celda: Correlación de Pearson

Correlaciones: rdtHaTon; TIncion; AlturaPlanta; AlturaInser; DiametroTall; ..

	rdtoHaTon	TIncion	AlturaPlanta	AlturaInser
TIncion	-0.075			
	0.418			
AlturaPlanta	0.514	0.028		
	0.000	0.761		
AlturaInser	0.433	0.037	0.705	
	0.000	0.689	0.000	

DiametroTallo	0.673	-0.082	0.603	0.417
	0.000	0.373	0.000	0.000
LongHoja	0.579	-0.031	0.534	0.522
	0.000	0.739	0.000	0.000
AnchoHoja	0.663	-0.096	0.605	0.442
	0.000	0.298	0.000	0.000
NoHojas	-0.201	0.091	-0.090	-0.293
	0.027	0.324	0.331	0.001
AreaFoliar	0.547	-0.047	0.544	0.350
	0.000	0.608	0.000	0.000
Prolifricidad	0.773	0.047	0.401	0.381
	0.000	0.608	0.000	0.000
rdtoHaTon	1.000	-0.075	0.514	0.433
	*	0.418	0.000	0.000
AspectoPta	-0.109	0.548	-0.074	0.007
	0.236	0.000	0.419	0.936
A-anto mg/100g	0.124	0.095	0.043	0.073
	0.176	0.300	0.638	0.427
T-PANCA	-0.100	0.010	-0.037	-0.056
	0.276	0.910	0.689	0.545
t-TALLO	-0.037	0.948	0.050	0.088
	0.690	0.000	0.586	0.340
t-PANOJA	-0.025	0.618	-0.069	-0.052
	0.786	0.000	0.454	0.571
t-nervadura	0.008	0.529	-0.026	0.076
	0.930	0.000	0.781	0.406
	DiametroTallo	LongHoja	AnchoHoja	NoHojas
LongHoja	0.592			
	0.000			
AnchoHoja	0.630	0.469		
	0.000	0.000		
NoHojas	-0.149	-0.177	-0.067	
	0.103	0.053	0.466	
AreaFoliar	0.579	0.639	0.789	0.401
	0.000	0.000	0.000	0.000
Prolifricidad	0.613	0.556	0.504	-0.071

	0.000	0.000	0.000	0.444
rdtoHaTon	0.673	0.579	0.663	-0.201
	0.000	0.000	0.000	0.027
AspectoPta	-0.209	-0.119	-0.060	0.080
	0.022	0.195	0.513	0.387
A-anto mg/100g	0.186	0.048	0.013	0.027
	0.042	0.603	0.889	0.773
T-PANCA	-0.176	-0.069	-0.042	-0.076
	0.054	0.451	0.652	0.409
t-TALLO	-0.068	-0.021	-0.094	0.070
	0.461	0.816	0.306	0.448
t-PANOJA	-0.101	-0.129	-0.105	0.105
	0.274	0.159	0.253	0.255
t-nervadura	-0.045	-0.014	-0.056	0.036
	0.629	0.883	0.546	0.694

Contenido de la celda: Correlación de Pearson
Valor P

4.5. Asociaciones

En la Tabla 12, se muestra la matriz de Asociaciones para cada par de familias, observándose una asociación positiva y altamente significativa ($p < 0.01$), indicando que los valores de una familia aumenta, en la otra también aumentan, resultados que se atribuye a que las familias están asociadas genéticamente por provenir de una población original, morado”, indicado que los pares de familias dependen de los mismos factores o que los genes están muy juntos (Camacho et al 2005).

Tabla 34. Asociaciones

regresión paso a paso: rdtoHaTon vs. AlturaPlanta; Alturalnser; ..

Alfa a entrar: 0.15 Alfa a retirar: 0.15

La respuesta es rdtoHaTon en 14 predictores, con N = 120

Paso	1	2	3	4
Constante	3.979	2.911	3.587	3.393

Prolificidad	1.017	0.774	0.766	0.691
Valor T	13.24	10.00	10.15	8.35

Valor P 0.000 0.000 0.000 0.000

AnchoHoja 0.192 0.189 0.156
 Valor T 6.22 6.29 4.66
 Valor P 0.000 0.000 0.000

NoHojas -0.065 -0.059
 Valor T -2.74 -2.48
 Valor P 0.007 0.014

DiametroTallo 0.27
 Valor T 2.05
 Valor P 0.043

S 0.597 0.519 0.505 0.499
 R-cuad. 59.77 69.77 71.61 72.61
 R-cuad. (ajustado) 59.43 69.25 70.88 71.66
 Cp de Mallows 55.6 15.0 9.1 6.8

Análisis de regresión general: rdtoHaTon versus Prolifricidad; AnchoHoja; ..

Ecuación de regresión

rdtoHaTon = 3.39278 + 0.691137 Prolifricidad + 0.156176 AnchoHoja - 0.058676
 NoHojas + 0.270843 DiametroTallo

Coefficientes

Término	Coef	EE	del coef.	T	P
Constante	3.39278	0.324743		10.4476	0.000
Prolifricidad	0.69114	0.082809		8.3461	0.000
AnchoHoja	0.15618	0.033532		4.6576	0.000
NoHojas	-0.05868	0.023620		-2.4842	0.014
DiametroTallo	0.27084	0.132037		2.0513	0.043

Resumen del modelo

S = 0.498620 R-cuad. = 72.61% R-cuad. (ajustado) = 71.66%
 PRESS = 32.3836 R-cuad. (pred.) = 68.98%

Análisis de varianza

Fuente	GL	SC	Sec.	SC Ajust.	CM Ajust.	F	P
Regresión	4	75.812	75.8124	18.9531	76.2327	0.0000000	
Prolifricidad	1	62.406	17.3184	17.3184	69.6576	0.0000000	
AnchoHoja	1	10.436	5.3933	5.3933	21.6929	0.0000087	
NoHojas	1	1.925	1.5343	1.5343	6.1712	0.0144248	
DiametroTallo	1	1.046	1.0461	1.0461	4.2077	0.0425129	
Error	115	28.591	28.5915	0.2486			
Falta de ajuste	35	26.045	26.0452	0.7441	23.3798	0.0000000	
Error puro	80	2.546	2.5463	0.0318			
Total	119	104.404					

Ajustes y diagnósticos para observaciones poco comunes

		Residuo				
Obs	rdtoHaTon	Ajuste	EE de ajuste	Residuo estándar		
2	6.66667	7.39234	0.199035	-0.72568	-1.58731	X
5	6.25000	7.39234	0.199035	-1.14234	-2.49871	R X
25	3.12500	4.18018	0.123895	-1.05518	-2.18472	R
31	6.25000	5.19425	0.047687	1.05575	2.12710	R
33	7.08333	5.94406	0.097460	1.13927	2.32979	R
62	2.08333	3.65859	0.120535	-1.57525	-3.25579	R
70	6.25000	5.19425	0.047687	1.05575	2.12710	R
71	2.91667	4.13672	0.101905	-1.22005	-2.49962	R
72	2.50000	3.65859	0.120535	-1.15859	-2.39461	R
73	6.25000	7.39234	0.199035	-1.14234	-2.49871	R X
84	3.12500	4.13672	0.101905	-1.01172	-2.07279	R
90	6.25000	5.19425	0.047687	1.05575	2.12710	R
103	7.08333	5.94406	0.097460	1.13927	2.32979	R

R denota una observación con un residuo estandarizado grande.

X denota una observación cuyo valor X le concede gran apalancamiento.

4.6. ANALISIS MULTIVARIADO

Bienvenido a Minitab, presione F1 para obtener ayuda.

Análisis de componente principal: rdtoHaTon; TIncion; AlturaPlanta; AlturaInser

Análisis de los valores y vectores propios de la matriz de correlación

Valor propio	4.9456	1.5945	1.3750	0.8667	0.5780	0.4886	0.4358	0.3205
Proporción	0.450	0.145	0.125	0.079	0.053	0.044	0.040	0.029
Acumulada	0.450	0.595	0.720	0.798	0.851	0.895	0.935	0.964

Variable	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
rdtoHaTon	0.376	-0.037	-0.054	0.400	0.141
TIncion	-0.032	0.664	-0.206	0.094	-0.301
AlturaPlanta	0.349	0.065	-0.110	-0.495	0.002
AlturaInser	0.299	0.054	-0.363	-0.491	-0.109
DiametroTallo	0.372	-0.085	0.007	0.143	-0.024
LongHoja	0.352	-0.008	-0.063	-0.001	-0.524
AnchoHoja	0.368	0.029	0.138	-0.062	0.610
NoHojas	-0.058	0.280	0.740	-0.160	-0.214
AreaFoliar	0.353	0.152	0.455	-0.116	0.038
Prolifichidad	0.341	0.076	-0.001	0.526	-0.184
AspectoPta	-0.065	0.660	-0.180	0.071	0.386

Gráfica de sedimentación de rdtoHaTon; ..; AspectoPta

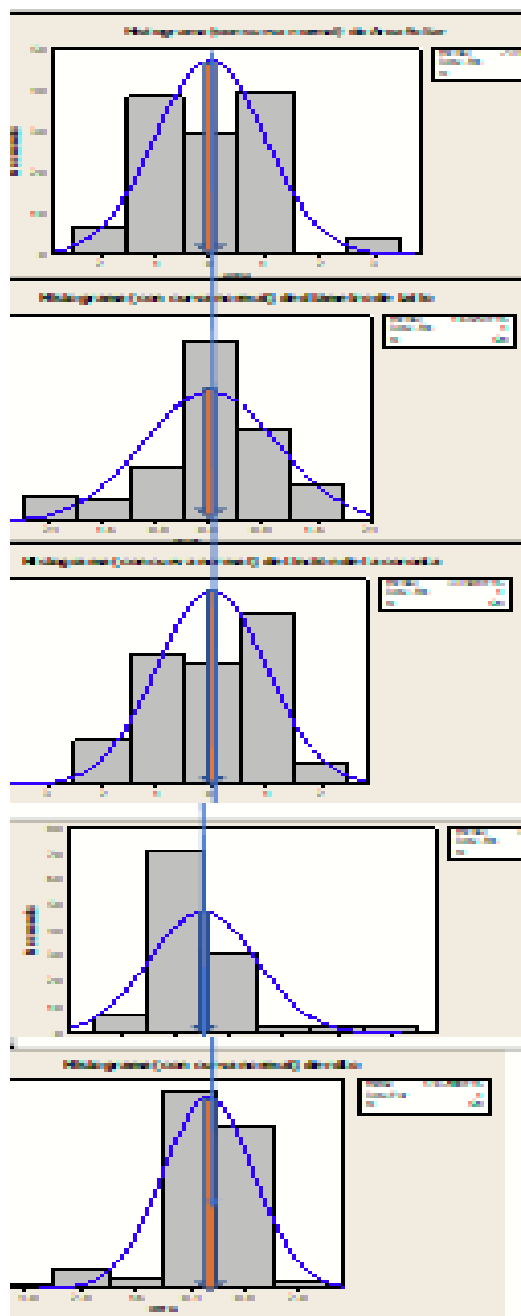
Gráfica de puntuación de rdtoHaTon; ..; AspectoPta

Ganancia por selección

Estadísticas descriptivas: rdtoHaTon; TIncion; DiametroTall; LongHoja; ..

Variable	Media	Desv.Est.	Mínimo	Mediana	Máximo	Rango
rdtoHaTon	5.4028	0.9367	2.0833	5.0000	7.0833	5.0000
TIncion	4.6946	0.3205	3.9016	4.7051	5.2294	1.3278

DiametroTallo	1.7462	0.5010	0.6366	1.5916	2.5466	1.9099
LongHoja	72.97	13.19	41.00	75.00	97.00	56.00
AnchoHoja	7.350	1.790	4.000	7.000	12.000	8.000
NoHojas	9.858	1.959	6.000	10.000	16.000	10.000
AreaFoliar	40.14	15.25	12.42	40.16	81.00	68.58
Prolifichidad	1.4000	0.7118	0.2500	1.0000	4.0000	3.7500



4.7. PREDICCIÓN DE LA RESPUESTA A LA SELECCIÓN

Debido que el mayor porcentaje de ganancia le corresponde a la prolificidad, el análisis se hizo para la prolificidad.

4.7.1. Predicción de la respuesta a la selección para prolificidad

Para la predicción de la respuesta a la selección (R) se empleó la siguiente relación:

$R = h^2 D$ (predicción de la respuesta)

Donde: h^2 = heredabilidad

D= diferencial de selección

Por lo tanto, $h^2 = R/D$ (heredabilidad)

$D = (X_s - X_o)$

$X_s = 2.41$ de Prolificidad = promedio de las 24 mejores plantas (20%= presión de selección) individuos seleccionados

$X_o = 1.40$ de Prolificidad = promedio de la población original

D= 1.01

Heredabilidad 20 %

$R = 0.20 (1.01) = 0.202$ de Prolificidad

Ciclo 1 = $C_o + R = 1.40$ Prolificidad + 1.60 = 1.602

% de ganancia por selección = 14.04 %

Valor considerado alto

Porque es mayor el 10%

Tabla 35

O.M.	Familias	Rdto HaTon	Fam.	Tincio n	Fam.	Diame troTallo	Fam.	Area Foliar	Fam.	Proli- ficidad
1	Fam. 17	7.08	Fam. 5	5.2	Fam. 1	2.5	Fam. 11	81.0	Fam. 1	4.00
2	Fam. 5	7.08	Fam. 6	5.2	Fam. 1	2.5	Fam. 19	81.0	Fam. 10	4.00
3	Fam. 1	6.67	Fam. 7	5.2	Fam. 10	2.5	Fam. 22	81.0	Fam. 26	4.00
4	Fam. 19	6.67	Fam. 27	5.2	Fam. 13	2.5	Fam. 7	81.0	Fam. 22	3.00
5	Fam. 1	6.25	Fam. 8	5.2	Fam. 22	2.5	Fam. 1	62.4	Fam. 29	3.00
6	Fam. 1	6.25	Fam. 9	5.2	Fam. 24	2.5	Fam. 13	62.4	Fam. 7	3.00
7	Fam. 10	6.25	Fam. 30	5.2	Fam. 26	2.5	Fam. 24	62.4	Fam. 17	2.25
8	Fam. 10	6.25	Fam. 12	5.1	Fam. 29	2.5	Fam. 14	61.3	Fam. 5	2.25
9	Fam. 11	6.25	Fam. 12	5.1	Fam. 7	2.5	Fam. 27	61.3	Fam. 19	2.25
10	Fam. 11	6.25	Fam. 14	5.1	Fam. 17	2.5	Fam. 12	57.7	Fam. 1	2.00
11	Fam. 12	6.25	Fam. 16	5.1	Fam. 3	2.5	Fam. 26	57.7	Fam. 1	2.00
12	Fam. 12	6.25	Fam. 18	5.0	Fam. 1	2.2	Fam. 30	57.7	Fam. 10	2.00
13	Fam. 12	6.25	Fam. 20	5.0	Fam. 11	2.2	Fam. 4	57.7	Fam. 11	2.00
14	Fam. 13	6.25	Fam. 20	5.0	Fam. 11	2.2	Fam. 1	54.7	Fam. 11	2.00
15	Fam. 15	6.25	Fam. 1	5.0	Fam. 12	2.2	Fam. 10	54.7	Fam. 12	2.00
16	Fam. 15	6.25	Fam. 1	5.0	Fam. 12	2.2	Fam. 26	54.7	Fam. 12	2.00
17	Fam. 15	6.25	Fam. 10	5.0	Fam. 15	2.2	Fam. 12	54.0	Fam. 13	2.00
18	Fam. 16	6.25	Fam. 22	5.0	Fam. 15	2.2	Fam. 20	54.0	Fam. 15	2.00
19	Fam. 16	6.25	Fam. 27	5.0	Fam. 15	2.2	Fam. 27	54.0	Fam. 15	2.00
20	Fam. 18	6.25	Fam. 29	5.0	Fam. 16	2.2	Fam. 18	53.5	Fam. 16	2.00
21	Fam. 19	6.25	Fam. 4	5.0	Fam. 19	2.2	Fam. 9	53.5	Fam. 18	2.00
22	Fam. 19	6.25	Fam. 7	5.0	Fam. 22	2.2	Fam. 22	52.4	Fam. 19	2.00
23	Fam. 2	6.25	Fam. 23	5.0	Fam. 24	2.2	Fam. 29	52.4	Fam. 19	2.00
24	Fam. 2	6.25	Fam. 28	5.0	Fam. 26	2.2	Fam. 7	52.4	Fam. 2	2.00

25	Fam. 20	6.25	Fam. 29	5.0	Fam. 26	2.2	Fam. 10	52.0	Fam. 2	2.00
26	Fam. 22	6.25	Fam. 4	5.0	Fam. 27	2.2	Fam. 19	52.0	Fam. 20	2.00
27	Fam. 22	6.25	Fam. 4	5.0	Fam. 29	2.2	Fam. 9	52.0	Fam. 22	2.00
28	Fam. 22	6.25	Fam. 5	5.0	Fam. 3	2.2	Fam. 18	51.2	Fam. 22	2.00
29	Fam. 24	6.25	Fam. 6	5.0	Fam. 30	2.2	Fam. 18	51.2	Fam. 24	2.00
30	Fam. 24	6.25	Fam. 8	5.0	Fam. 4	2.2	Fam. 20	51.2	Fam. 26	2.00
31	Fam. 25	6.25	Fam. 8	5.0	Fam. 4	2.2	Fam. 27	51.2	Fam. 27	2.00
32	Fam. 26	6.25	Fam. 3	5.0	Fam. 5	2.2	Fam. 17	50.8	Fam. 29	2.00
33	Fam. 26	6.25	Fam. 9	5.0	Fam. 7	2.2	Fam. 21	50.8	Fam. 3	2.00
34	Fam. 26	6.25	Fam. 11	5.0	Fam. 8	2.2	Fam. 24	50.8	Fam. 30	2.00
35	Fam. 27	6.25	Fam. 11	5.0	Fam. 11	2.2	Fam. 8	50.8	Fam. 4	2.00
36	Fam. 27	6.25	Fam. 11	5.0	Fam. 30	2.2	Fam. 14	50.7	Fam. 4	2.00
37	Fam. 29	6.25	Fam. 11	5.0	Fam. 30	2.2	Fam. 21	50.7	Fam. 5	2.00
38	Fam. 29	6.25	Fam. 12	4.9	Fam. 4	2.2	Fam. 24	50.7	Fam. 7	2.00
39	Fam. 29	6.25	Fam. 12	4.9	Fam. 10	1.9	Fam. 5	50.7	Fam. 9	2.00
40	Fam. 3	6.25	Fam. 27	4.9	Fam. 12	1.9	Fam. 14	50.2	Fam. 9	2.00
41	Fam. 3	6.25	Fam. 13	4.9	Fam. 18	1.9	Fam. 20	50.2	Fam. 9	2.00
42	Fam. 30	6.25	Fam. 14	4.9	Fam. 19	1.9	Fam. 28	50.2	Fam. 12	1.25
43	Fam. 4	6.25	Fam. 15	4.9	Fam. 20	1.9	Fam. 15	49.5	Fam. 15	1.25
44	Fam. 4	6.25	Fam. 15	4.9	Fam. 27	1.9	Fam. 3	49.5	Fam. 16	1.25
45	Fam. 5	6.25	Fam. 16	4.9	Fam. 9	1.9	Fam. 10	44.6	Fam. 24	1.25
46	Fam. 7	6.25	Fam. 30	4.9	Fam. 9	1.9	Fam. 21	44.6	Fam. 25	1.25
47	Fam. 7	6.25	Fam. 18	4.9	Fam. 12	1.9	Fam. 8	44.6	Fam. 26	1.25
48	Fam. 8	6.25	Fam. 19	4.8	Fam. 13	1.9	Fam. 12	43.2	Fam. 27	1.25
49	Fam. 9	6.25	Fam. 30	4.8	Fam. 14	1.9	Fam. 15	43.2	Fam. 29	1.25
50	Fam. 9	6.25	Fam. 21	4.8	Fam. 19	1.9	Fam. 26	43.2	Fam. 3	1.25
51	Fam. 9	6.25	Fam. 23	4.8	Fam. 2	1.9	Fam. 29	43.2	Fam. 8	1.25
52	Fam. 1	5.00	Fam. 26	4.8	Fam. 20	1.9	Fam. 4	43.2	Fam. 1	1.00
53	Fam. 10	5.00	Fam. 23	4.8	Fam. 22	1.9	Fam. 8	43.2	Fam. 10	1.00

54	Fam. 10	5.00	Fam. 24	4.8	Fam. 28	1.9	Fam. 11	43.2	Fam. 10	1.00
55	Fam. 11	5.00	Fam. 24	4.7	Fam. 30	1.9	Fam. 6	43.2	Fam. 11	1.00
56	Fam. 11	5.00	Fam. 25	4.7	Fam. 7	1.9	Fam. 11	41.6	Fam. 11	1.00
57	Fam. 12	5.00	Fam. 25	4.7	Fam. 1	1.7	Fam. 30	41.6	Fam. 12	1.00
58	Fam. 13	5.00	Fam. 28	4.7	Fam. 13	1.7	Fam. 30	41.6	Fam. 13	1.00
59	Fam. 13	5.00	Fam. 25	4.7	Fam. 17	1.6	Fam. 4	41.6	Fam. 13	1.00
60	Fam. 13	5.00	Fam. 1	4.7	Fam. 5	1.6	Fam. 17	40.2	Fam. 13	1.00
61	Fam. 14	5.00	Fam. 1	4.7	Fam. 19	1.6	Fam. 5	40.2	Fam. 14	1.00
62	Fam. 14	5.00	Fam. 2	4.7	Fam. 16	1.6	Fam. 19	40.2	Fam. 14	1.00
63	Fam. 14	5.00	Fam. 2	4.7	Fam. 2	1.6	Fam. 16	38.9	Fam. 14	1.00
64	Fam. 16	5.00	Fam. 29	4.7	Fam. 25	1.6	Fam. 2	38.9	Fam. 16	1.00
65	Fam. 16	5.00	Fam. 3	4.7	Fam. 29	1.6	Fam. 21	38.9	Fam. 16	1.00
66	Fam. 17	5.00	Fam. 3	4.6	Fam. 3	1.6	Fam. 26	38.9	Fam. 17	1.00
67	Fam. 17	5.00	Fam. 3	4.6	Fam. 10	1.6	Fam. 13	37.8	Fam. 17	1.00
68	Fam. 17	5.00	Fam. 26	4.6	Fam. 11	1.6	Fam. 19	37.8	Fam. 17	1.00
69	Fam. 18	5.00	Fam. 4	4.6	Fam. 14	1.6	Fam. 2	37.8	Fam. 18	1.00
70	Fam. 18	5.00	Fam. 9	4.6	Fam. 14	1.6	Fam. 22	37.8	Fam. 18	1.00
71	Fam. 19	5.00	Fam. 6	4.6	Fam. 16	1.6	Fam. 1	36.0	Fam. 19	1.00
72	Fam. 2	5.00	Fam. 7	4.6	Fam. 16	1.6	Fam. 11	36.0	Fam. 2	1.00
73	Fam. 2	5.00	Fam. 9	4.6	Fam. 17	1.6	Fam. 16	35.0	Fam. 2	1.00
74	Fam. 20	5.00	Fam. 10	4.6	Fam. 2	1.6	Fam. 5	35.0	Fam. 20	1.00
75	Fam. 20	5.00	Fam. 26	4.5	Fam. 20	1.6	Fam. 17	32.4	Fam. 20	1.00
76	Fam. 20	5.00	Fam. 10	4.5	Fam. 21	1.6	Fam. 23	32.4	Fam. 20	1.00
77	Fam. 21	5.00	Fam. 13	4.5	Fam. 21	1.6	Fam. 5	32.4	Fam. 21	1.00
78	Fam. 21	5.00	Fam. 13	4.5	Fam. 21	1.6	Fam. 13	31.5	Fam. 21	1.00
79	Fam. 21	5.00	Fam. 14	4.5	Fam. 21	1.6	Fam. 8	31.5	Fam. 21	1.00
80	Fam. 21	5.00	Fam. 17	4.5	Fam. 24	1.6	Fam. 2	31.2	Fam. 21	1.00
81	Fam. 22	5.00	Fam. 19	4.5	Fam. 24	1.6	Fam. 29	31.2	Fam. 22	1.00
82	Fam. 23	5.00	Fam. 15	4.5	Fam. 26	1.6	Fam. 12	30.4	Fam. 23	1.00

83	Fam. 23	5.00	Fam. 16	4.5	Fam. 27	1.6	Fam. 30	30.4	Fam. 23	1.00
84	Fam. 23	5.00	Fam. 18	4.5	Fam. 28	1.6	Fam. 7	30.4	Fam. 23	1.00
85	Fam. 24	5.00	Fam. 19	4.5	Fam. 29	1.6	Fam. 16	29.9	Fam. 24	1.00
86	Fam. 24	5.00	Fam. 22	4.5	Fam. 4	1.6	Fam. 25	29.9	Fam. 24	1.00
87	Fam. 25	5.00	Fam. 22	4.5	Fam. 5	1.6	Fam. 3	29.9	Fam. 25	1.00
88	Fam. 26	5.00	Fam. 30	4.5	Fam. 6	1.6	Fam. 2	29.4	Fam. 26	1.00
89	Fam. 27	5.00	Fam. 16	4.5	Fam. 6	1.6	Fam. 22	29.4	Fam. 27	1.00
90	Fam. 27	5.00	Fam. 18	4.5	Fam. 8	1.6	Fam. 9	29.4	Fam. 27	1.00
91	Fam. 28	5.00	Fam. 20	4.5	Fam. 8	1.6	Fam. 15	28.4	Fam. 28	1.00
92	Fam. 28	5.00	Fam. 20	4.5	Fam. 10	1.3	Fam. 24	28.4	Fam. 28	1.00
93	Fam. 28	5.00	Fam. 21	4.5	Fam. 13	1.3	Fam. 27	28.4	Fam. 28	1.00
94	Fam. 29	5.00	Fam. 22	4.5	Fam. 17	1.3	Fam. 1	27.0	Fam. 29	1.00
95	Fam. 3	5.00	Fam. 23	4.5	Fam. 18	1.3	Fam. 13	27.0	Fam. 3	1.00
96	Fam. 30	5.00	Fam. 24	4.5	Fam. 18	1.3	Fam. 28	26.8	Fam. 30	1.00
97	Fam. 30	5.00	Fam. 27	4.5	Fam. 20	1.3	Fam. 29	26.8	Fam. 30	1.00
98	Fam. 30	5.00	Fam. 28	4.5	Fam. 23	1.3	Fam. 4	26.8	Fam. 30	1.00
99	Fam. 4	5.00	Fam. 28	4.5	Fam. 23	1.3	Fam. 16	22.6	Fam. 4	1.00
100	Fam. 4	5.00	Fam. 24	4.5	Fam. 23	1.3	Fam. 20	22.6	Fam. 4	1.00
101	Fam. 5	5.00	Fam. 25	4.5	Fam. 25	1.3	Fam. 6	22.6	Fam. 5	1.00
102	Fam. 5	5.00	Fam. 2	4.4	Fam. 27	1.3	Fam. 23	22.5	Fam. 5	1.00
103	Fam. 6	5.00	Fam. 29	4.4	Fam. 28	1.3	Fam. 28	22.5	Fam. 6	1.00
104	Fam. 6	5.00	Fam. 2	4.4	Fam. 5	1.3	Fam. 6	22.5	Fam. 6	1.00
105	Fam. 6	5.00	Fam. 5	4.4	Fam. 6	1.3	Fam. 17	22.1	Fam. 6	1.00
106	Fam. 6	5.00	Fam. 5	4.3	Fam. 6	1.3	Fam. 3	22.1	Fam. 6	1.00
107	Fam. 7	5.00	Fam. 6	4.3	Fam. 8	1.3	Fam. 18	21.6	Fam. 7	1.00
108	Fam. 8	5.00	Fam. 7	4.3	Fam. 3	1.1	Fam. 9	21.6	Fam. 8	1.00
109	Fam. 8	5.00	Fam. 8	4.3	Fam. 28	1.1	Fam. 15	21.6	Fam. 8	1.00
110	Fam. 8	5.00	Fam. 10	4.2	Fam. 25	1.1	Fam. 10	19.8	Fam. 8	1.00
111	Fam. 18	4.17	Fam. 13	4.2	Fam. 2	1.0	Fam. 23	19.8	Fam. 18	0.75

112	Fam. 3	4.17	Fam. 14	4.2	Fam. 22	1.0	Fam. 25	19.8	Fam. 9	0.75
113	Fam. 9	3.75	Fam. 15	4.0	Fam. 9	1.0	Fam. 6	19.8	Fam. 15	0.75
114	Fam. 7	3.33	Fam. 19	4.0	Fam. 18	0.6	Fam. 7	14.8	Fam. 3	0.50
115	Fam. 15	3.13	Fam. 17	4.0	Fam. 9	0.6	Fam. 14	14.8	Fam. 28	0.50
116	Fam. 28	3.13	Fam. 17	4.0	Fam. 7	0.6	Fam. 25	14.8	Fam. 25	0.50
117	Fam. 14	2.92	Fam. 17	4.0	Fam. 15	0.6	Fam. 23	14.8	Fam. 7	0.25
118	Fam. 25	2.92	Fam. 26	4.0	Fam. 14	0.6	Fam. 3	12.4	Fam. 14	0.25
119	Fam. 25	2.50	Fam. 21	4.0	Fam. 25	0.6	Fam. 28	12.4	Fam. 25	0.25
120	Fam. 23	2.08	Fam. 21	3.9	Fam. 23	0.6	Fam. 25	12.4	Fam. 23	0.25
	Xo	5.40		4.69		1.75		40.14		1.40
	Xs	6.35		5.07		2.37		60.62		2.41
	Xs-X0 (difren	0.95		0.38		0.63		20.48		1.01
	H	20.65		61.9		20		14.29		20
	GS	0.20		0.23		0.13		2.93		0.202
	C1	5.60		4.93		1.87		43.07		1.602
	%Ganancia	103.6		105.0		107.2		107.3		114.4
	Rdto			Tinción		DiametroTallo		AreaFoliar		Prolificidad

Heredabilidad=H

Xs-X0= diferencial de selección

V. CONCLUSIONES

En el presente trabajo, teniendo en cuenta los objetivos se concluye lo siguiente:

resultados de la variabilidad genética y su correspondiente valor de heredabilidad de las características evaluadas fueron:

Característica	σ^2_g	Heredabilidad
Fuente	$\sigma^2_g = (CM_g - CME)/r$	$H = \sigma^2_g / \sigma^2_f * 100$
Altura de planta	138.575	11.10
Diámetro de tallo	0.005	20.00
Longitud de hoja	48.2525	27.65
Área foliar	0.005	14.29
proliferidad	0.0025	20.00
Rendimiento mazorca	0.001275	20.65
Aspecto de planta	0.065	76.47
Panca tinción	0.0275	47.83
Coronta tinción	0.0325	61.90
Max	138.575	76.47

1. Destacaron el aspecto de planta y la tinción de la panca o brácteas que envuelven a la mazorca valores fundamentales para fines de avance por selección para rendimiento y concentración de alelos para pigmentación morada, respectivamente.

2. Los cuadrados medios para aspecto de planta y tinción de brácteas fueron: 0.28 y 0.14 unidades en aspecto fenotípico² y unidades en la escala de color de mazorca², respectivamente.

3. Los valores del diferencial fueron: para rendimiento 0.95, para tinción de coronta 0.38, para diámetro de tallo 0.63, área foliar 20.48 y 1.01 para proliferidad

Los valores del ciclo 0 C0), Ciclo 1 estimado (C1) y porcentaje de avance fueron:

Característica	Co	C1	%Ganancia
Rendimiento de mazorca	5.4	5.6	103.70
tinción coronta	4.69	4.93	105.12
Diámetro de tallo	1.75	1.87	106.86
Área foliar	40.14	43.07	107.30
Proliferidad	1.4	1.602	114.43

4. Respecto a morfología, las raíces son fasciculadas, el tallo es simple erecto, de regular longitud pudiendo alcanzar hasta los 3.0 metros, las hojas son lanceoladas y alternas, paralelinervias y con nervaduras de color morado, las plantas son monoicas, los frutos tienen un pericarpio morado con grado 4, las glumas son de color morado, presenta protoandria de 3 a 4 días, el fruto es un cariósipide, inserto a la tusa de color morado mediante su pedicelo, la mazorca esta cubierta por las pancas o brácteas pigmentadas color muy asociadas a la tinción de la coronta.

VI. RECOMENDACIONES

- Con las mejores familias realizar evaluaciones en espacio y tiempo y realizar estudios para determinar la estabilidad del híbrido promisorio
- Continuar con las investigaciones y utilizar los algoritmos genéticos para efectuar una selección más precisa de líneas de los mejores progenitores.
- Seleccionar materiales para planta baja (1.50 m a 1.80 m)
- Con los materiales iniciar un programa de cruzamientos dialélicos para detectar los materiales más heterópicos, usando la metodología de Gardner y Eberhart.
- Iniciar trabajos de selección para mejorar los atributos agronómicos del maíz

VII. Referencias Bibliográficas

Agraria.pe, (2021). Revista agraria de noticias del Peru

<https://agraria.pe/noticias/exportaciones-de-maiz-morado-crecen-exponencialmente-en-2020-23444>

Huanuqueño, Elías Jorge Tobaru, Hugo Ramos y Kristel Gutiérrez (2019). Capacidad productiva y heterosis útil en híbridos no convencionales de maíz morado bajo condiciones de la Universidad Nacional Agraria La Molina Anales científicos

<https://revistas.lamolina.edu.pe/index.php/acu/article/view/1383>

https://revistas.lamolina.edu.pe/index.php/acu/article/view/1383/html_82

Allard, R. 1975. Principios de la mejora genética de las plantas. 2 ed. Barcelona: Omega. 498 p.

Andrade y Abbate (2005) el efecto de la desuniformidad de distribución sobre el rendimiento depende de las características del genotipo.

Bonavia D. 2008. El Maíz. Su origen, su domesticación y el rol que ha cumplido en el desarrollo de la Cultura. Universidad de San Martín de Porres. Fondo Editorial.

CIMMYT 2012. Población y producción de maíz en el mundo. Curso internacional de Fenotipado. Chiclayo Perú. Agosto del 2012

FAO (2008) El maíz en los trópicos. <http://www.fao.org/3/x7650s16.htm>

Ferrero Rosana (2019) 6 Errores Que Cometes Al Usar Las Pruebas De Hipótesis Clásicas. En Máxima formación Data Sciencie.

<https://www.maximaformacion.es/blog-dat/6-errores-que-cometes-al-usar-las-pruebas-de-hipotesis-clasicas/>

Grobman A., D. Bonavia, T. Dillehay, D. Piperno, J. Iriarte, I. Holst. 2012. Preceramic maize from Paredones and Huaca Prieta, Perú. Proceedings of the National Academy of Science of the USA. 109-5: 1755-1759.

Grobman, A., W. Salhuana and R. Sevilla with P. C. Mangelsdorf. 1961. Races of Maize in Perú.

Their origins, evolution and classification. Pub. 915. NAS-NRC, Washington, D.C.

Harlan, J.R. 1951. Anatomy of gene centers. Amer. Natur. 85:97-103

HALLAUER, A. R. AND MIRANDA, J. B. 1981. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press, Ames, Iowa. 468 p.

IAO (ed.). 1997. Catálogo de Germoplasma de Maíz-Argentina. Instituto Nacional de Tecnología

Agropecuaria (INTA)/Istituto Agronomico per l'Oltramare (IAO). Firenze.

LONNQUIST, J.H. & GARDNER, C.O. 1961. Heterosis in intervarietal crosses in maize and its implications in breeding procedures. Crop Sci., 1: 179-183.

MARTINEZ G. A., 1983. Diseño y análisis de experimentos de cruas dialélicas. Colegio de Postgraduados, Chapingo. México 252 p.

MÁRQUEZ, S. 1988. Genética vegetal, tomo II. Primera edición. A.G.T editor S.A. México, D.F. 665 pp.

MÁRQUEZ, S. 1991. Genética vegetal, tomo III. Primera edición. A.G.T editor S.A. México, D.F. 500 pp.

Minam (2017). Sistematización Y Edición Temática De La Publicación Sobre La Línea De Base De La Diversidad Genética Del Maíz Peruano Con Fines De Seguridad

Ldb maíz sistematización 17.pdf

https://bioseguridad.minam.gob.pe/wp-content/uploads/2018/07/ldb_maiz_sistematizacion_17.pdf

Narro L.L. 2012. CIMMYT. Curso Internacional de Fenotipado. Chiclayo Perú.

Narro 2012, Robledo 2013 y Narro 2013, referente a la genética cuantitativa indican que un modelo es un esquema teórico,

Paterniani E. and M. M. Goodman. 1977. Races of Maize in Brazil and adjacent areas. CIMMYT, México D.F.

Qiaozhi Zhang, Elvira Gonzalez de Mejia¹, Diego Luna-Vital¹, Tianyi Tao, Subhiksha Chandrasekaran¹, Laura Chatham, John Juvik, Vijay Singh, Deepak Kumar (2019)

Ramírez, E. R., D. H. Timothy, E. Diaz B. and U. J. Grant with G.E. Nicholson Calle, Edgar Anderson and W.L. Brown. (1960). Races of Maize in Bolivia. Pub. 747. NAS-NRC, Washington, D.C.

Ramírez Vega Sergio (2015) Fisiología y manejo de la planta del maíz. Coordinador Técnico de CYCASA, S. C. Tercera edición Simposio Internacional "Por México Hablemos del Maíz"

<https://www.youtube.com/watch?v=Odl1aWnGdf0>

Roberts, L.M., U.J. Grant, R. Ramírez E., W.H. Hatheway, and D.L. Smith, with P.C.

Mangelsdorf. 1957. Races of Maize in Colombia. Pub. 510. NAS-NRC, Washington, D.C.

SALHUANA - SEVILLA (1995), expto. del proyecto LAMP, utilizaron cruzamientos en híbridos para ver cual de estos tenía un rendimiento superior.

Salhuana, W. 2003. Estado actual de las accesiones y plan de regeneración. Proceeding of the Regeneration Project PI meeting .CIMMYT

Salhuana, W., and V. Machado. 1999. Races of Maize in Paraguay. ARS/USDA and Maiz
Seliz Guevara Mahikari Micheline (2020). Evaluación de 04 genotipos de maíz morado (*Zea mays L.*), en dos localidades: Distrito de Cutervo, Provincia de Cutervo y en el Distrito de Lajas, Provincia de Chota, Región Cajamarca.(Tesis de grado), UNPRG. Lambayeque.