

PROGRAMA EN BASIC PARA EL ANÁLISIS DE PARÁMETROS DE ESTABILIDAD

PROGRAM IN BASIC FOR THE ANALYSIS OF STABILITY PARAMETERS

Jesús Santamaría César¹ y Arturo Palomo Gil¹

RESUMEN

En este trabajo se describe un paquete computacional en lenguaje BASIC para el análisis de la interacción genotipo ambiente y estimación de parámetros de estabilidad mediante el modelo multiplicativo. Se consideró el caso en el que los efectos de genotipo y de ambiente son fijos, por ser esta situación una de las más comunes. Se incluyen pruebas aproximadas para los efectos ambiente y genotipo basados en los resultados de Satterthwaite, descritos por Cruz (1990). La prueba de la interacción de genotipos por ambiente lineal se sustituye por la prueba exacta del modelo multiplicativo de Tai (1971). Para conocer la significancia de las desviaciones de regresión se utilizó la prueba propuesta por Cruz (1990) que se basa en la matriz de covarianzas de residuos ($u_{ij}=Y_{ij}-Y_{i.}-Y_{.j}-Y_{..}$). Se presenta la estructura y operación del programa con un ejemplo numérico.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Interacción genotipo ambiente, parámetros de estabilidad, modelo multiplicativo, programa BASIC.

SUMMARY

This paper shows a computational program in BASIC language developed for the analysis of genotype x environment interaction (stability parameters) using the multiplicative model. A genotype and environment fixed effects model was considered, because it is one of the most commonly used. The Satterthwaite approximate tests were used to know the genotype and environment effects described by Cruz (1990). The linear genotype

x environment interaction test was replaced by the Tai (1971) exact test of the multiplicative model. The test proposed by Cruz (1990) was used to know the significance of the regression deviations. This test is based on the residuals covariance matrix ($u_{ij}=Y_{ij}-Y_{i.}-Y_{.j}-Y_{..}$). The program structure and operation, with a numerical example, is included.

ADDITIONAL INDEX WORDS

Genotype x environment interaction, stability parameters, multiplicative model, BASIC program.

INTRODUCCIÓN

En la comparación de diferentes genotipos en una diversidad de ambientes, si la interacción genotipo-ambiente (GA) es significativa, es indicio de que por lo menos algún genotipo no mantiene el mismo comportamiento que los demás en por lo menos un ambiente de prueba. Para analizar esta interacción y conocer la respuesta de los genotipos en diferentes condiciones ambientales e identificar al mejor de ellos para la región de interés, se han empleado varios modelos estadísticos. El modelo pionero fue el propuesto por Yates y Cochran (1938) quienes emplearon en forma extensiva el método de análisis de experimentos incluyendo años localidades y variedades con un análisis de regresión entre los rendimientos promedio de los genotipos por localidad, como variables dependientes y el rendimiento promedio de las localidades como variable independiente ($I_j=Y_{.j}-Y_{..}$). Finlay y Wilkinson (1963) aplicaron este tipo de modelo para estudiar el comportamiento de

¹ Campo Experimental La Laguna-INIFAP. Apdo. Postal No. 247, C.P. 27000 Torreón, Coah. Tel. y Fax: 01(176) 2-0714

algunas variedades de cebada (*Hordeum vulgare* L.), en donde definieron como variedades estables a las que muestran coeficientes de regresión cercanos a cero.

Eberhart y Russell (1966) modificaron la definición de Finlay y Wilkinson (1963) y clasificaron como variedad estable a la que presente un coeficiente de regresión igual a uno y desviaciones de regresión igual a cero. Este método ha sido el más utilizado a nivel mundial y el más conocido en México. Sin embargo, Hinkelmann, citado por Cruz (1990), indica que el modelo propuesto por Eberhart y Russell adolece de varios errores entre los que se incluyen los siguientes:

Las pruebas propuestas para genotipos y ambientes son erróneas, debido a que la prueba exacta para ambientes no existe ya que la suma de cuadrados de repeticiones dentro de ambientes (SCR:A) tiene distribución χ^2 no central y la prueba de interacción de genotipo por ambiente lineal es incorrecta. Sin embargo, estos errores pueden ser corregidos; en el primer caso al plantear una prueba aproximada con los resultados de Satterthwaite (citado por Searle, 1971, p. 412). En tanto que la interacción genotipo ambiente lineal, la prueba puede ser sustituida por la prueba exacta del modelo multiplicativo propuesta por Tai (1971).

Las pruebas de desviaciones de regresión también son incorrectas, debido a que no son exactas. Cruz (1990) propone las pruebas basadas en la matriz de covarianzas de residuales $u_{ij} = \{Y_{ij} - Y_{i.} - Y_{.j} + Y_{..}\}$, las cuales son exactas aunque dependientes entre sí. En este trabajo, se describe un programa escrito en BASIC para el análisis de la interacción GA; en él se incluyen las pruebas propuestas para corregir los errores encontrados en el modelo de Eberhart y Russell. Como el caso más frecuente en los programas de fitomejoramiento es cuando se consideran los efectos de genotipo y de am-

biente como fijos, se incluye el análisis de varianza correspondiente en el programa.

MARCO TEÓRICO Y RESULTADOS

Descripción del modelo multiplicativo

El modelo multiplicativo es conocido comúnmente como análisis de serie de experimentos en años, lugares y genotipos, con un análisis de regresión entre los rendimientos promedio de los genotipos por localidades como variables dependientes y el rendimiento promedio de las localidades como variables independientes.

La forma general del modelo es como sigue:

$$Y_{ij} = \mu + (1 + \beta_i)A_j + G_i + \mu_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

donde:

Y_{ij} :rendimiento medio del i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente.

β_i : Coeficiente de la respuesta del i-ésimo genotipo.

δ_{ij} :desviación de la respuesta del genotipo i en el ambiente j.

G_i : efecto del i-ésimo genotipo, $i=1,...,g$.

A_j : efecto del j-ésimo ambiente, $j=1,...,n$.

ε_{ij} : ij-ésimo residuo.

μ : media general.

El ajuste del modelo multiplicativo por regresión consiste en estimar al término $(1 + \beta_i)$ empleando las desviaciones de la media de cada ambiente con respecto a la media general como variable independiente (índices ambientales), y las medias de cada genotipo en cada ambiente como variable dependiente. Sin embargo, esta metodología requiere que exista independencia estocástica entre los índices ambientales y las medias por ambiente y genotipo. Para evitar este problema Mandel (1961) propone aislar un

grado de libertad para la prueba de no aditividad en tablas de doble clasificación, lo que permite utilizar a los índices ambientales como estimadores de A_i ya que existe independencia estocástica entre los índices ambientales y la interacción GA_{ij} .

La matriz de covarianzas de las variables dependientes GA_{ij} es singular, es decir que si se tienen ng variables (número de ambientes por número de genotipos) entonces sólo $(n-1)(g-1)$ son independientes.

Obtención de los estimadores b_i de β_i

Los estimadores b_i de los coeficientes β_i se obtienen de la siguiente forma:

$$b_i = \frac{\sum_{j=1}^n (Y_{.j} - Y_{..}) \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - Y_{.j})}{\sum_{j=1}^n (Y_{.j} - Y_{..})^2} \quad (2)$$

en donde $I_j = Y_{.j} - Y_{..}$ es el j -ésimo índice ambiental. Un estimador de $(1 + B_i)$ es $(1 + b_i)$ de la forma:

$$1 + b_i = \frac{\sum_{j=1}^n (Y_{.j} - Y_{..}) Y_{ij}}{\sum_{j=1}^n (Y_{.j} - Y_{..})^2} \quad (3)$$

A la suma de cuadrados de regresión debido a estos coeficientes se le denomina suma de cuadrados de no aditividad

$$SC_{NA} = rg \sum_{i=1}^{gb} b_i^2 \sum_{j=1}^n (Y_{.j} - Y_{..})$$

y bajo la hipótesis nula $H_0: \beta_i = 0; i = 1, 2, \dots, g$. Mandel (1961) demostró que

$$\frac{SC_{NA}}{\sigma^2} \sim \chi^2_{(g-1)}$$

y se puede comparar con la suma de cuadrados de desviaciones de regresión $SCDR$, ya que

$$F_c = \frac{\frac{SC_{NA}}{(g-1)}}{\frac{SC_{DR}}{(n-2)(g-1)}} \sim F_{(g-1), (n-2)(g-1)}^1 \quad (4)$$

$$\text{donde } \frac{SC_{DR}}{G^2} \sim \chi^2_{(n-2)(g-1)}$$

Prueba de nulidad de un coeficiente de regresión

La hipótesis por probar es de la forma: $H_0: \beta_i = 0$ contra $H_a: \beta_i \neq 0$, y la estadística de prueba es:

$$F_c = \frac{rg b_i^2 \sum_{j=1}^n (Y_{.j} - Y_{..})^2}{\frac{SC_{DR}}{(g-1)(n-2)}} \sim F_{(g-1), (n-2)}^1 \quad (5)$$

luego si $F_c \geq F_\alpha$ se rechaza H_0 .

Cuando se requiere comparar dos coeficientes de regresión la hipótesis por probar sería $H_0: \beta_i = \beta_h$ contra $H_a: \beta_i \neq \beta_h$, y bajo la hipótesis nula:

$$F_c = \frac{r(b_i + b_h)^2 \sum_{j=1}^n (Y_{.j} - Y_{..})^2}{\frac{2SC_{DR}}{(g-1)(n-2)}} \sim F_{(g-1), (n-2)}^1 \quad (6)$$

por lo que si $F_c \geq F_\alpha$ se rechaza H_0 .

Prueba de bondad de ajuste del modelo multiplicativo

La prueba de bondad de ajuste del modelo multiplicativo se puede formular mediante la prueba propuesta por Tai (1971), de manera que si el modelo es adecuado:

$$F_c = \frac{\frac{SC_{DR}}{(g-1)(n-2)}}{\frac{CM_E}{(g-1)(r-1)n}} \sim F_{(g-1), (r-1)n}^{(g-1)(n-2)} \quad (7)$$

entonces si $F_c \geq F_\alpha$ se concluye que el modelo multiplicativo no es adecuado al menos para algún genotipo.

Descomposición de SCDR

La manera de identificar en qué genotipo falla el modelo multiplicativo, es descomponer la SC_{DR} en g componentes, uno para cada genotipo como sigue:

$$D_i = r \left[\sum_{j=1}^n (Y_{ij} - Y_{.j})^2 - (1 + b_i)^2 \sum_{j=1}^n (Y_{.j} - Y_{..})^2 \right] \quad (8)$$

en donde D_i/r corresponde a la suma de cuadrados de desviaciones del genotipo i propuesta por Eberhart y Russell (1966).

Finalmente, para probar la hipótesis de que el modelo multiplicativo es adecuado para el i -ésimo genotipo se emplea las estadísticas:

$$F_i = \frac{gD_i}{(g-1)(n-2)} = \frac{CM_{DRi}}{CME} \approx F_{(g-1)(n-2)}^{(g-1)(r-1)n} \quad (9)$$

Las g hipótesis se rechazan si $F_c \geq F_\alpha$, estas pruebas son exactas para cada genotipo, aunque son dependientes entre sí (Cruz, 1990).

En el Cuadro 1 se presenta el criterio de Talbot (1982) de la medida de estabilidad de los genotipos empleado en el programa BASIC de parámetros de estabilidad, en el que se toma en cuenta el coeficiente β_i y las desviaciones D_i .

ESTRUCTURA Y OPERACIÓN DEL PROGRAMA

Con el objeto de incorporar los procedimientos de prueba y facilitar el análisis de la interacción genotipo-ambiente, se elaboró un programa en lenguaje BASIC compuesto de los siguientes módulos:

Módulo de captura de información. Constituido por dos opciones; formar un archivo ASCII con cualquier procesador de palabras como el EDIT del DOS o mediante la subrutina de captura por teclado, integrada en el programa, la cual solicita al usuario la información en forma interactiva formando el archivo temporal **TECLADO.DAT** en la raíz del directorio actual. Este archivo se puede utilizar para el proceso de información o emplear la opción de cambio de nombre del archivo de datos.

Módulo de procesamiento. Constituido por la subrutina para el modelo general multiplicativo, el cual se divide en dos partes, el análisis conjunto de efectos ambientales (**A**), genotipo (**G**) y la interacción genotipo ambiente (**GA**). Si resulta significativa **A** y **GA** se lleva a cabo el análisis de regresión del modelo multiplicativo, que incluye la prueba de no aditividad y la de desviaciones por genotipo.

Módulo de impresión de resultados. Presenta tres opciones: salida por impresora, archivo secuencial ASCII y por pantalla.

Módulo de ayuda. En cada opción de captura, se cuenta con una subrutina de ayuda, que le muestra al usuario la estructura del archivo de datos. Esta opción es de utilidad cuando no se cuenta con el archivo de datos y se desea emplear un procesador de textos para tal fin.

Estructura de la entrada de datos

El archivo que contiene la información para su procesamiento por el programa deberá ser de tipo ASCII y contener la siguiente estructura de información

Titulo del trabajo
Nombre del usuario
Número de ambientes en el estudio
Número de genotipos

Cuadro 1. Criterios de Talbot para la medida de estabilidad de genotipos para el ajuste del modelo multiplicativo.

| Situación | b_i | D_i | Descripción |
|-----------|-------|-------|---|
| 1 | = 0 | = 0 | Genotipo con sensibilidad promedio y buen ajuste (al modelo multiplicativo) |
| 2 | = 0 | > 0 | Sensibilidad promedio pero con falta de ajuste. |
| 3 | < 0 | = 0 | Respuesta mejor en ambientes desfavorables (sensibilidad negativa) y con buen ajuste. |
| 4 | < 0 | > 0 | Sensibilidad negativa y con falta de ajuste. |
| 5 | > 0 | = 0 | Respuesta mejor en ambientes favorables (sensibilidad positiva) y con buen ajuste. |
| 6 | > 0 | > 0 | Sensibilidad positiva pero con falta de ajuste. |

Número de repeticiones por ambiente

Nombre del ambiente 1

Nombre del ambiente a

Nombre del genotipo 1

Nombre del genotipo g

 $\mu_{11}, \mu_{12}, \mu_{13}, \dots, \mu_{1n}$ medias del genotipo 1 en cada ambiente $\mu_{21}, \mu_{22}, \mu_{23}, \dots, \mu_{2n}$ medias del genotipo 2 en cada ambiente $\mu_{g1}, \mu_{g2}, \mu_{g3}, \dots, \mu_{gn}$ medias del genotipo g en cada ambiente $SCR_1, SCR_2, \dots, SCR_n$ Suma de cuadrados de repeticiones en cada ambiente $SCE_1, SCE_2, \dots, SCE_n$ Suma de cuadrados del error en cada ambiente gl_1, gl_2, \dots, gl_n Grados de libertad del error en cada ambiente

Salida de resultados

Para ilustrar la salida de resultados se presenta el listado de un ejemplo resuelto, en el cual se utiliza información obtenida del programa de mejoramiento genético del algodónero en el Campo Experimental de la Laguna del INIFAP-CIRNOC-CELALA e incluye doce

líneas en seis ambientes (años 1989-1994). Para efectos de incluir un caso resuelto con efectos A, G y GA significativos se modificaron los promedios por ambiente de las líneas CS8307_1 y EX_22 en el ambiente A_1991.

Requerimientos del sistema

Computadora personal compatible con IBM, tipo PC, XT o AT, con por lo menos 520 k de memoria RAM, unidad de disco de 3.5" o 5.25", monitor VGA y una impresora de matriz de punto.

CONCLUSIONES

El análisis de la interacción genotipo-ambiente, es de utilidad para el estudio del comportamiento del material genético en los programas de fitomejoramiento. Uno de los enfoques para su análisis es el modelo multiplicativo, en el cual se incluyen las pruebas exactas de Tai para el análisis de la interacción genotipo ambiente lineal y la propuesta por Cruz, para el análisis de las desviaciones de regresión. El paquete computacional descrito en este trabajo, facilita el uso de este modelo y permite al

investigador una mayor disponibilidad de los algoritmos que comprenden estas pruebas.

BIBLIOGRAFÍA

- Cruz M., R. 1990.** Análisis estadístico de la interacción genotipo ambiente. DEGETA. ITA No 21. SEP. 210 p.
- Eberhart, S. A. and W. A. Russell. 1966.** Stability parameters for comparing varieties. Crop Science 6: 36-40
- Finlay, K. W. And G. N. Wilkinson. 1963.** The analysis of adaptation in a plant breeding program. Aust. J. Agric. Res. 14: 742-754.
- Mandel, J. 1961.** Non-additivity in two way analysis of variance. J. Am. Stat. Assoc. 56: 878-263.
- Tai, G. C. C. 1971.** Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. Crop Science 11: 184-190.
- Searle, S. R. 1971.** Linear Models. John Wiley & Sons. Wiley Series in Probability and Mathematical Statistics, New York. 532 p.
- Yates, F. and W. G. Cochran. 1938.** The analysis of groups of experiments. Journal Agric. Sci. 28: 556-580.

ANÁLISIS DE LA INTERACCIÓN (G * A) MODELO MULTIPLICATIVO
 LÍNEAS DE ALGODONERO PRECOCES 1989-1994, INIFAP-CIRNOC-CELALA
 USUARIO: PROGRAMA DE FITOMEJORAMIENTO EN ALGODONERO
 08-26-1998

| FV | GL | SC | CM | Fc | P(Fc) |
|-------------------|-----|-----------|-----------|----------|------------|
| ANÁLISIS CONJUNTO | | | | | |
| A | 5 | 29.11E+5 | 58.21E+04 | 3.79E+00 | 2.74E-02* |
| R:A | 12 | 18.45E+05 | 15.37E+04 | | |
| G | 11 | 14.68E+05 | 13.35E+04 | 3.44E+00 | 3.37E-04** |
| GA | 55 | 45.03E+05 | 81.88E+03 | 2.11E+00 | 2.83E-04** |
| ERROR | 132 | 51.22E+05 | 38.80E+03 | | |
| TOTAL | 215 | 15.85E+06 | | | |

En caso de que el efecto de ambiente (A), así como la interacción (GA) sean significativos se debe incluir el análisis de la interacción (genotipo-ambiente) mediante el modelo multiplicativo.

LÍNEAS DE ALGODONERO PRECOCES 1989-1994, INIFAP-CIRNOC-CELALA
 VALORES DE MEDIAS POR GENOTIPO-AMBIENTE

| Genotipo | A m b i e n t e s | | | | | | Media |
|----------|-------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| | A_1989 | A_1990 | A_1991 | A_1992 | A_1993 | A_1994 | |
| EX_07 | 13.25E+02 | 18.69E+02 | 16.87E+02 | 16.72E+02 | 17.43E+02 | 15.75E+02 | 16.45E+02 |
| L_89 | 15.21E+02 | 15.78E+02 | 15.87E+02 | 16.26E+02 | 17.17E+02 | 14.95E+02 | 15.87E+02 |
| EX_32 | 13.74E+02 | 16.26E+02 | 11.85E+02 | 15.83E+02 | 18.61E+02 | 19.15E+02 | 15.91E+02 |
| CJ8307_3 | 16.40E+02 | 14.79E+02 | 15.29E+02 | 15.61E+02 | 17.05E+02 | 17.54E+02 | 16.11E+02 |
| CS8301_7 | 17.58E+02 | 18.34E+02 | 11.27E+02 | 14.96E+02 | 16.71E+02 | 15.84E+02 | 15.78E+02 |
| DP_80 | 15.90E+02 | 17.22E+02 | 13.66E+02 | 15.54E+02 | 16.79E+02 | 18.24E+02 | 16.22E+02 |
| EX_27 | 16.18E+02 | 14.33E+02 | 11.07E+02 | 16.05E+02 | 19.22E+02 | 18.02E+02 | 15.81E+02 |
| EX_37 | 15.83E+02 | 17.03E+02 | 15.92E+02 | 15.10E+02 | 18.39E+02 | 17.41E+02 | 16.61E+02 |
| CS8305_1 | 17.55E+02 | 12.77E+02 | 14.33E+02 | 15.78E+02 | 15.06E+02 | 18.93E+02 | 15.74E+02 |
| CS8307_1 | 15.03E+02 | 14.10E+02 | 11.19E+02 | 15.01E+02 | 11.85E+02 | 15.91E+02 | 13.85E+02 |
| EX_22 | 14.86E+02 | 14.41E+02 | 11.30E+02 | 14.96E+02 | 11.39E+02 | 17.26E+02 | 14.03E+02 |
| CS8312_2 | 14.51E+02 | 16.52E+02 | 12.29E+02 | 16.23E+02 | 17.44E+02 | 17.42E+02 | 15.73E+02 |
| Media | 15.50E+02 | 15.85E+02 | 13.41E+02 | 15.67E+02 | 16.43E+02 | 17.20E+02 | 15.68E+02 |

LÍNEAS DE ALGODONERO PRECOCES 1989-1994, INIFAP-CIRNOC-CELALA
USUARIO: PROGRAMA DE FITOMEJORAMIENTO EN ALGODONERO

| FV | GL | SC | CM | Fc | P(Fc) |
|-------|-----|-----------|-----------|----------|-------------|
| NA | 11 | 12.60E+05 | 11.46E+04 | 1.55E+00 | 1.47E-01 NS |
| DR | 44 | 32.43E+05 | 73.71E+03 | 1.90E+00 | 2.86E-03 ** |
| D(1) | 4 | 50.94E+04 | 12.74E+04 | 3.28E+00 | 1.34E-02 * |
| D(2) | 4 | 93.64E+03 | 23.41E+03 | 6.03E-01 | 6.64E-01 NS |
| D(3) | 4 | 15.07E+04 | 37.67E+03 | 9.71E-01 | 5.73E-01 NS |
| D(4) | 4 | 96.62E+03 | 24.15E+03 | 6.22E-01 | 6.50E-01 NS |
| D(5) | 4 | 48.93E+04 | 12.23E+04 | 3.15E+00 | 1.64E-02 * |
| D(6) | 4 | 37.46E+03 | 93.65E+02 | 2.41E-01 | 9.13E-01 NS |
| D(7) | 4 | 25.01E+04 | 62.53E+03 | 1.61E+00 | 1.74E-01 NS |
| D(8) | 4 | 14.99E+04 | 37.46E+03 | 9.66E-01 | 5.70E-01 NS |
| D(9) | 4 | 57.37E+04 | 14.34E+04 | 3.70E+00 | 7.05E-03 ** |
| D(10) | 4 | 33.51E+04 | 83.78E+03 | 2.16E+00 | 7.61E-02 NS |
| D(11) | 4 | 49.23E+04 | 12.31E+04 | 3.17E+00 | 1.59E-02 * |
| D(12) | 4 | 64.95E+03 | 16.24E+03 | 4.18E-01 | 7.97E-01 NS |
| ERROR | 132 | 51.22E+05 | 38.80E+03 | | |
| TOTAL | 215 | 15.85E+06 | | | |

LÍNEAS DE ALGODONERO PRECOCES 1989-1994, INIFAP-CIRNOC-CELALA
VALORES DE MEDIAS POR GENOTIPO/AMBIENTE ESTIMADAS

| Genotipo | Ambientes | | | | | | Media |
|----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| | A_1989 | A_1990 | A_1991 | A_1992 | A_1993 | A_1994 | |
| EX_07 | 16.46E+02 | 16.44E+02 | 16.55E+02 | 16.45E+02 | 16.42E+02 | 16.39E+02 | 16.45E+02 |
| L_89 | 15.88E+02 | 15.87E+02 | 15.97E+02 | 15.87E+02 | 15.84E+02 | 15.81E+02 | 15.87E+02 |
| EX_32 | 15.55E+02 | 16.27E+02 | 11.25E+02 | 15.89E+02 | 17.44E+02 | 19.04E+02 | 15.91E+02 |
| CJ8307_3 | 16.02E+02 | 16.21E+02 | 14.86E+02 | 16.11E+02 | 16.53E+02 | 16.96E+02 | 16.11E+02 |
| CS8301_7 | 15.54E+02 | 16.03E+02 | 12.66E+02 | 15.77E+02 | 16.82E+02 | 17.89E+02 | 15.78E+02 |
| DP_80 | 16.02E+02 | 16.43E+02 | 13.55E+02 | 16.21E+02 | 17.11E+02 | 18.02E+02 | 16.22E+02 |
| EX_27 | 15.46E+02 | 16.17E+02 | 11.23E+02 | 15.79E+02 | 17.32E+02 | 18.89E+02 | 15.81E+02 |
| EX_37 | 16.52E+02 | 16.71E+02 | 15.40E+02 | 16.61E+02 | 17.02E+02 | 17.43E+02 | 16.61E+02 |
| CS8305_1 | 15.59E+02 | 15.88E+02 | 13.86E+02 | 15.73E+02 | 16.36E+02 | 17.00E+02 | 15.74E+02 |
| CS8307_1 | 13.68E+02 | 14.01E+02 | 11.74E+02 | 13.84E+02 | 14.54E+02 | 15.26E+02 | 13.85E+02 |
| EX_22 | 13.83E+02 | 14.23E+02 | 11.49E+02 | 14.02E+02 | 14.87E+02 | 15.74E+02 | 14.03E+02 |
| CS8312_2 | 15.47E+02 | 16.00E+02 | 12.37E+02 | 15.72E+02 | 16.85E+02 | 18.00E+02 | 15.73E+02 |
| Media | 15.50E+02 | 15.85E+02 | 13.41E+02 | 15.67E+02 | 16.43E+02 | 17.20E+02 | 15.68E+02 |

ANÁLISIS DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO * AMBIENTE
LINEAS DE ALGODONERO PRECOCES 1989-1994, INIFAP-CIRNOC-CELALA
USUARIO: PROGRAMA DE FITOMEJORAMIENTO EN ALGODONERO

| Genotipo | Rendimiento original | β | Sdi | Situación |
|----------|----------------------|---------------|--------------|-------------|
| EX_07 | 16.45E+02 | -10.42E-01 NS | 50.94E+04 * | SITUACIÓN 2 |
| L_89 | 15.87E+02 | -10.42E-01 NS | 93.64E+03 NS | SITUACIÓN 1 |
| EX_32 | 15.91E+02 | 10.54E-01 * | 15.07E+04 NS | SITUACIÓN 5 |
| CJ8307_3 | 16.11E+02 | -44.70E-02 NS | 96.62E+03 NS | SITUACIÓN 1 |
| CS8301_7 | 15.78E+02 | 37.98E-02 NS | 48.93E+04 * | SITUACIÓN 2 |
| DP_80 | 16.22E+02 | 17.95E-02 NS | 37.46E+03 NS | SITUACIÓN 1 |
| EX_27 | 15.81E+02 | 10.19E-01 NS | 25.01E+04 NS | SITUACIÓN 1 |
| EX_37 | 16.61E+02 | -46.32E-02 NS | 14.99E+04 NS | SITUACIÓN 1 |
| CS8305_1 | 15.74E+02 | -17.12E-02 NS | 57.37E+04 ** | SITUACIÓN 2 |
| CS8307_1 | 13.85E+02 | -72.62E-03 NS | 33.51E+04 NS | SITUACIÓN 1 |
| EX_22 | 14.03E+02 | 12.12E-02 NS | 49.23E+04 * | SITUACIÓN 2 |
| CS8312_2 | 15.73E+02 | 48.38E-02 NS | 64.95E+03 NS | SITUACIÓN 1 |

1_ / Sensibilidad promedio y buen ajuste al modelo multiplicativo.

2_ / Sensibilidad promedio pero con falta de ajuste.

3_ / Respuesta mejor en ambientes desfavorables
(Sensibilidad negativa) y con buen ajuste.

4_ / Sensibilidad negativa y con falta de ajuste.

5_ / Respuesta mejor en ambientes favorables.
(sensibilidad positiva) y con buen ajuste.

6_ / Sensibilidad positiva pero con falta de ajuste.

Los coeficientes b son equivalentes a $(\beta + 1)$ en el modelo de Eberhart y Russell