

**EVALUACION DE LAS FUENTES DE VARIACION EN ESTUDIOS DE  
INTERACCION GENOTIPO POR AMBIENTE EN ALGODÓN (*Gossypium  
hirsutum* L.) PARA EL CARIBE COLOMBIANO.**

**HERNANDO ALBERTO ARAÚJO VASQUEZ**

**UNIVERSIDAD DE CORDOBA  
FACULTAD DE CIENCIAS AGRÍCOLAS  
MAESTRIA EN CIENCIAS AGRONOMICAS  
AREA DE FORMACION EN FITOMEJORAMIENTO  
MONTERIA – CORDOBA  
2020**

**EVALUACION DE LAS FUENTES DE VARIACION EN ESTUDIOS DE  
INTERACCION GENOTIPO POR AMBIENTE EN ALGODÓN (*Gossypium  
hirsutum* L.) PARA EL CARIBE COLOMBIANO.**

**HERNANDO ALBERTO ARAÚJO VASQUEZ**

**Trabajo de grado como requisito parcial para optar al título de Master en Ciencias  
Agronómicas, Énfasis Fitomejoramiento**

**DIRECTOR: Miguel Espitia Camacho, I.A. Ph. D.**

**Profesor Titular Facultad de Ciencias Agrícolas - Universidad de Córdoba**

**UNIVERSIDAD DE CORDOBA  
FACULTAD DE CIENCIAS AGRÍCOLAS  
MAESTRIA EN CIENCIAS AGRONOMICAS  
MONTERIA – CORDOBA**

**2020**

**La responsabilidad ética, legal y científica de las ideas expresadas, conceptos y resultados del proyecto son responsabilidad del autor.**

**Artículo 17, acuerdo No. 039 del 24 de junio de 2005 del Consejo Superior de la Universidad de Córdoba.**

**Nota de aceptación**

---

---

---

---

MIGUEL ESPITIA CAMACHO, Ph.D

**Director**

---

HERMES ARAMÉNDIZ TATIS, Ph.D

**Jurado**

---

CARLOS MARIO SIERRA NARANJO, M.Sc.

**Jurado**

**Montería, agosto de 2020**

## **DEDICATORIA**

A Dios, por darme sabiduría durante este ciclo de aprendizaje y fortaleza en los momentos difíciles.

A mi madre Gladis Vásquez German, por su apoyo incondicional y sacrificio para que nada faltara. Siempre te lo agradeceré.

A mi padre Hernando Alberto Araujo Ortega, por su apoyo, colaboración y esfuerzo para conseguir este logro.

A mis hermanos y a todas aquellas personas que formaron parte de un capítulo imborrable para mi vida por su sinceridad y tener una voz de aliento en los momentos apropiados.

## **AGRADECIMIENTOS**

A la Universidad de Córdoba por brindar un espacio para el desarrollo personal y todo el plantel que conforma la Facultad de Ciencias Agrícolas, por brindar sus conocimientos en mi formación profesional.

Sincero agradecimiento y admiración al director de este estudio, el Dr. Miguel Espita Camacho por mostrar un verdadero sentido de apropiación, apoyo y motivación en mi posgrado; por guiarme y realizar el respectivo seguimiento con aportes técnicos-científicos durante la planeación y finalización de este proyecto.

Al ingeniero Carlos Mario Sierra Naranjo y al Dr. Hermes Araméndiz Tatis, por su colaboración oportuna y dirección durante la realización de este trabajo.

Y, a los algodoneros propietarios de cada una de las fincas en donde se establecieron las pruebas por facilitar los terrenos y participar activamente durante el desarrollo de esta investigación.

## TABLA DE CONTENIDO

	<b>pág.</b>
LISTADO DE TABLAS .....	xiii
LISTADO DE FIGURAS .....	xvii
RESUMEN GENERAL .....	xx
GENERAL ABSTRACT .....	xxii
CAPÍTULO I: INTRODUCCION GENERAL .....	25
1. INTRODUCCION .....	26
2. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA .....	28
3. GENERALIDADES DE LA TEMÁTICA .....	30
3.1. EL CULTIVO DEL ALGODON EN COLOMBIA .....	30
3.2. FACTORES AMBIENTALES QUE AFECTAN EL CULTIVO DE ALGODÓN .....	31
3.3. DEFINICIÓN E IMPORTANCIA DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO POR AMBIENTE (GxA) .....	33
3.4. CAUSAS Y NATURALEZA DE LA INTERACCIÓN GXA .....	34
3.5. ESTUDIOS DE INTERACION GENOTIPO POR AMBIENTE EN ALGODÓN .....	36
3.6. IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN EN ESTUDIOS DE INTERACCION GXA EN ALGODON. ....	39
4. OBJETIVOS .....	45
4.1 OBJETIVO GENERAL .....	45
4.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	45
5. HIPÓTESIS .....	46
6. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	47
CAPÍTULO II: EVALUACIÓN DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN EN ALGODÓN PARA EL RENDIMIENTO DE ALGODÓN – SEMILLA, PORCENTAJE DE FIBRA Y RENDIMIENTO DE FIBRA, EN EL CARIBE SECO Y HÚMEDO COLOMBIANO. ....	53
RESUMEN.....	54
ABSTRACT.....	56
1. INTRODUCCIÓN .....	58
2. MATERIALES Y METODOS .....	60
2.1. LOCALIZACIÓN .....	60

2.2 PROCEDIMIENTO .....	62
2.3 VARIABLES.....	63
2.3.1 Variables independientes.....	63
2.3.3. Variables dependientes.....	64
2.4. ANÁLISIS ESTADÍSTICOS DE LOS DATOS.....	64
3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	68
3.1. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS DE VARIACIÓN PARA EL RENDIMIENTO DE ALGODÓN – SEMILLA (RENDAS), PORCENTAJE DE FIBRA (POFIB) Y RENDIMIENTO DE FIBRA (RENDIF), EN EL CARIBE SECO.....	68
3.1.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS): .....	68
3.1.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el porcentaje de fibra (POFIB):.....	72
3.1.3. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el rendimiento de fibra (RENDIF):.....	75
3.2. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA EL RENDIMIENTO DE ALGODÓN – SEMILLA (RENDAS), PORCENTAJE DE FIBRA (POFIB) Y RENDIMIENTO DE FIBRA (RENDIF), EN EL CARIBE HUMEDO.....	79
3.2.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el rendimiento de algodón – semilla.....	79
3.2.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el porcentaje de fibra.....	83
3.2.3. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el rendimiento de fibra.....	86
3.3. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS DEL CARIBE SECO VERSUS EL CARIBE HÚMEDO, COLOMBIANO.....	89
3.3.1. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS). .....	89
3.3.2. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para el porcentaje de fibra (POFIB). .....	92
3.3.3. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para el rendimiento de fibra (RENDIF).....	94
4. CONCLUSIONES .....	97
5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	98

CAPÍTULO III: EVALUACIÓN DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN EN ALGODÓN PARA COMPONENTES DE RENDIMIENTO, EN EL CARIBE SECO Y HÚMEDO COLOMBIANO.....	103
RESUMEN.....	104
ABSTRACT.....	106
1. INTRODUCCIÓN .....	108
2. MATERIALES Y METODOS .....	110
2.1. LOCALIZACIÓN .....	110
2.2 PROCEDIMIENTO .....	112
2.3 VARIABLES.....	113
2.3.1 Variables independientes.....	113
2.3.3. Variables dependientes.....	114
2.4. ANÁLISIS ESTADÍSTICOS DE LOS DATOS.....	114
3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	118
3.1. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA NUMERO DE MOTAS POR PLANTA (NUMO) Y PESO DE MOTA (PMOTA), EN EL CARIBE SECO.....	118
3.1.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para número de motas por planta (NUMO).....	118
3.1.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para peso de mota: .....	121
3.2. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA NUMERO DE MOTAS POR PLANTA (NUMO) Y PESO DE MOTA (NUMO), EN EL CARIBE HUMEDO.....	125
3.2.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para número de motas por planta (NUMO).....	125
3.2.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para peso de mota (PMOTA).....	128
3.3. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS DEL CARIBE SECO VERSUS EL CARIBE HÚMEDO, COLOMBIANO.....	131
3.3.1. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para número de motas por planta (NUMO): .....	131
3.3.2. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para peso de mota (PMOTA).....	133
4. CONCLUSIONES .....	136

5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	137
CAPÍTULO IV: EVALUACIÓN DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN EN ALGODÓN PARA CALIDAD DE FIBRA, EN EL CARIBE SECO Y HÚMEDO COLOMBIANO.....	
RESUMEN.....	143
ABSTRACT.....	145
1. INTRODUCCIÓN .....	147
2. MATERIALES Y METODOS .....	150
2.1. LOCALIZACIÓN .....	150
2.2 PROCEDIMIENTO .....	152
2.3 VARIABLES.....	153
2.3.1 Variables independientes.....	153
2.3.3. Variables dependientes.....	154
2.4. ANÁLISIS ESTADÍSTICOS DE LOS DATOS.....	155
3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	158
3.1. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA LONGITUD (LONG), UNIFORMIDAD (UNIF), RESISTENCIA (RESIS), ELONGACIÓN (ELON) Y FINURA (FINU), EN EL CARIBE SECO.....	158
3.1.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para longitud de fibra (LONG): .....	158
3.1.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para uniformidad de fibra (UNIF): .....	161
3.1.3. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para resistencia de fibra (RESIS):.....	164
3.1.4. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para elongación (ELON):.....	167
3.1.5. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para finura (FINU): .....	170
3.2. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA LONGITUD (LONG), UNIFORMIDAD (UNIF), RESISTENCIA (RESIS), ELONGACIÓN (ELON) Y FINURA (FINU), EN EL CARIBE HUMEDO. ....	173
3.2.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para longitud de fibra (LONG): .....	173
3.2.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para uniformidad (UNIF):.....	177

3.2.3. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para resistencia (RESIS): .....	180
3.2.4. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para elongación (ELON):.....	183
3.2.5. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para finura (FINU): .....	186
3.3. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS DEL CARIBE SECO VERSUS EL CARIBE HÚMEDO, COLOMBIANO.....	189
3.3.1. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para longitud de fibra (LONG): .....	189
3.3.2. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para uniformidad (UNIF): .....	191
3.3.3. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para resistencia (RESIS):.....	194
3.3.4. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para elongación (ELON): .....	196
3.3.5. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para finura (FINU):.....	198
4. CONCLUSIONES .....	201
5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	202
CAPÍTULO V: DISCUSION GENERAL.....	207
1. DISCUSIÓN GENERAL PARA VARIABLES DE RENDIMIENTO EN ALGODÓN .....	208
1.1. Comparación de los resultados del análisis combinado de varianza (ANAVACO) del Caribe seco (CS) con los del Caribe húmedo (CH) para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS). .....	208
1.2. Comparación de los resultados de los análisis combinado de varianza (ANAVACO) del Caribe seco (CS) con los del Caribe húmedo (CH) para el porcentaje de fibra (POFIB). .....	210
1.3. Comparación de los resultados del análisis combinado de varianza (ANAVACO) del Caribe seco (CS) con los del Caribe húmedo (CH) para el rendimiento de fibra (RENDIF).....	212
2. DISCUSIÓN GENERAL PARA VARIABLES DE COMPONENTES EN RENDIMIENTO DE ALGODÓN. ....	214
2.1. Comparación de los resultados del análisis combinado de varianza (ANAVACO) del Caribe seco (CS) con los del Caribe húmedo (CH) para número de motas por planta (NUMO). .....	214

2.2. Comparación de los resultados de los análisis combinado de varianza (ANAVACO) del Caribe seco (CS) con los del Caribe húmedo (CH) para peso de motas (PMOTA). .....	215
3. DISCUSIÓN GENERAL PARA VARIABLES DE CALIDAD DE FIBRA EN ALGODÓN. ....	216
3.1. Comparación de los resultados del análisis combinado de varianza (ANAVACO) del Caribe seco (CS) con los del Caribe húmedo (CH) para longitud (LONG). ....	216
3.2. Comparación de los resultados de los análisis combinado de varianza (ANAVACO) del Caribe seco (CS) con los del Caribe húmedo (CH) para uniformidad (UNIF).....	218
3.3. Comparación de los resultados del análisis combinado de varianza (ANAVACO) del Caribe seco (CS) con los del Caribe húmedo (CH) para la resistencia de fibra (RESIS).....	219
3.4. Comparación de los resultados del análisis combinado de varianza (ANAVACO) del Caribe seco (CS) con los del Caribe húmedo (CH) para elongación (ELON).....	220
3.5. Comparación de los resultados del análisis combinado de varianza (ANAVACO) del Caribe seco (CS) con los del Caribe húmedo (CH) para finura (FINU). ....	222
4. CONCLUSIONES GENERALES .....	224
5. RECOMENDACIONES .....	225
6. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	226

## LISTADO DE TABLAS

pág.

### CAPÍTULO I

- Tabla 1.** Resultados promedio de estudios previos que dividen el porcentaje de las contribuciones totales de los ambientes (A), genotipos (G) y la interacción genotipo por ambiente (GxA) para los componentes de rendimiento y rendimiento 41
- Tabla 2.** Resultados de estudios previos que dividieron el porcentaje de la variabilidad total contribuida por los ambientes (A), genotipos (G) y la interacción GxA para las características de la calidad de la fibra. 42
- Tabla 3.** Medias para rendimiento, componentes de rendimiento y sus componentes de varianza expresados como porcentaje de la varianza total de los datos de la prueba RHQ de 2001-2007. 43
- Tabla 4.** Medias de rasgos de fibra y sus componentes de varianza de instrumentos de alto volumen expresados como porcentaje de la varianza total. 44

### CAPÍTULO II

- Tabla 5.** Años de evaluación agronómica de las fuentes de variación de los análisis combinados de varianza en el Caribe colombiano. 60
- Tabla 6.** Localidades del Caribe húmedo durante el año 2003/2004 y 2009/2010 para la evaluación GxA. 61
- Tabla 7.** Localidades del Caribe seco durante el año 2003/2004 y 2007/2008 para la evaluación GxA. 62
- Tabla 8.** Genotipos evaluados para el Caribe húmedo y seco durante las cosechas 2003/2004, 2007/2008 y 2009/2010. 63
- Tabla 9.** Análisis de varianza combinado esperado para la interacción GxA 66
- Tabla 10.** Análisis de varianza combinado para el rendimiento de algodón – Semilla (RENDAS) para el Caribe Seco Colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008. 70
- Tabla 11.** Análisis de varianza combinado para el porcentaje de fibra (POFIB) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008 74
- Tabla 12.** Análisis de varianza combinado para el rendimiento de fibra (RENDIF) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008. 76

<b>Tabla 13.</b> Análisis de varianza combinado para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010	80
<b>Tabla 14.</b> Análisis de varianza combinado para el porcentaje de fibra (POFIB) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.	84
<b>Tabla 15.</b> Análisis de varianza combinado para el rendimiento de fibra (RENDIF) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.	87
<b>Tabla 16.</b> Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).	90
<b>Tabla 17.</b> Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para el porcentaje de fibra (POFIB), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).	92
<b>Tabla 18.</b> Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (%SC), en los análisis combinado de varianza para el rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).	95

### CAPÍTULO III

<b>Tabla 19.</b> Años de evaluación agronómica de las fuentes de variación de los análisis combinados de varianza en el Caribe colombiano.	110
<b>Tabla 20.</b> Localidades del Caribe húmedo durante el año 2003/2004 y 2009/2010 para la evaluación GxA.	111
<b>Tabla 21.</b> Localidades del Caribe seco durante el año 2003/2004 y 2007/2008 para la evaluación GxA.	112
<b>Tabla 22.</b> Genotipos evaluados para el Caribe húmedo y seco durante las cosechas 2003/2004, 2007/2008 y 2009/2010.	113
<b>Tabla 23.</b> Análisis de varianza combinado esperado para la interacción GxA	116
<b>Tabla 24.</b> Análisis de varianza combinado para número de motas por planta (NUMO) para el Caribe Seco Colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.	120
<b>Tabla 25.</b> Análisis de varianza combinado para número de motas por planta (NUMO) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.	123

<b>Tabla 26.</b> Análisis de varianza combinado para peso de mota (PMOTA) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.	127
<b>Tabla 27.</b> Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para número de motas por planta (NUMO), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).	129
<b>Tabla 28.</b> Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para peso de mota (PMOTA), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).	132
<b>Tabla 29.</b> Comparación de los resultados en la resta (Caribe húmedo – Caribe seco) de la suma de cuadrados (SC) para número de motas por planta (NUMO) y peso de mota (PMOTA).	134

#### CAPÍTULO IV

<b>Tabla 30.</b> Años de evaluación agronómica de las fuentes de variación de los análisis combinados de varianza en el Caribe colombiano.	150
<b>Tabla 31.</b> Localidades del Caribe húmedo durante el año 2003/2004 y 2009/2010 para la evaluación GxA.	151
<b>Tabla 32.</b> Localidades del Caribe seco durante el año 2003/2004 y 2007/2008 para la evaluación GxA.	152
<b>Tabla 33.</b> Genotipos evaluados para el Caribe húmedo y seco durante las cosechas 2003/2004, 2007/2008 y 2009/2010.	153
<b>Tabla 34.</b> Análisis de varianza combinado esperado para la interacción GxA	156
<b>Tabla 35.</b> Análisis de varianza combinado para longitud (LONG) para el Caribe Seco Colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.	159
<b>Tabla 36.</b> Análisis de varianza combinado para uniformidad (UNIF) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.	162
<b>Tabla 37.</b> Análisis de varianza combinado para la resistencia de fibra (RESIS) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.	165
<b>Tabla 38.</b> Análisis de varianza combinado para elongación (ELON) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.	168
<b>Tabla 39.</b> Análisis de varianza combinado para finura (FINU) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.	171
<b>Tabla 40.</b> Análisis de varianza combinado para longitud (LONG) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.	175

<b>Tabla 41.</b> Análisis de varianza combinado para uniformidad (UNIF) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.	178
<b>Tabla 42.</b> Análisis de varianza combinado para resistencia (RESIS) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.	181
<b>Tabla 43.</b> Análisis de varianza combinado para elongación (ELON) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.	184
<b>Tabla 44.</b> Análisis de varianza combinado para finura (FINU) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.	187
<b>Tabla 45.</b> Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para longitud (LONG), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).	190
<b>Tabla 46.</b> Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para uniformidad (UNIF), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).	192
<b>Tabla 47.</b> Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (%SC), en los análisis combinado de varianza para resistencia (RESIS), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).	195
<b>Tabla 48.</b> Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para elongación (ELON), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).	197
<b>Tabla 49.</b> Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para finura (FINU), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).	199

## LISTADO DE FIGURAS

pág.

### CAPÍTULO I

- Figura 1.** Comportamiento de dos genotipos (G1 y G2) en dos ambientes (A1 y A2). a) Ausencia de interacción. b) Interacción simple o cuantitativa y c) Interacción cruzada o cualitativa. 35

### CAPÍTULO II

- Figura 2.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78). 71
- Figura 3.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para el porcentaje de fibra (POFIB), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78). 75
- Figura 4.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para el rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78). 78
- Figura 5.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910). 82
- Figura 6.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para el porcentaje de fibra (POFIB), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910). 85
- Figura 7.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para el rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910). 88
- Figura 8.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910). 91
- Figura 9.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para el porcentaje de fibra (POFIB), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910). 94

<b>Figura 10.</b> Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para el rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).	96
--	----

### CAPÍTULO III

<b>Figura 11.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para número de motas por planta (NUMO), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).	121
---	-----

<b>Figura 12.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para el peso de mota (PMOTA), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).	124
---	-----

<b>Figura 13.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para número de motas por planta (NUMO), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).	128
---	-----

<b>Figura 14.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para peso de motas (PMOTA), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).	130
---	-----

<b>Figura 15.</b> Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para número de motas por planta (NUMO), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).	133
---	-----

<b>Figura 16.</b> Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para peso de mota (PMOTA), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).	135
--	-----

### CAPÍTULO IV

<b>Figura 17.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para longitud (LONG), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).	160
---	-----

<b>Figura 18.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para la uniformidad de fibra (UNIF), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).	163
--	-----

<b>Figura 19.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para la resistencia de fibra (RESIS), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).	166
---	-----

<b>Figura 20.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para la elongación (ELON), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).	169
<b>Figura 21.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para finura (FINU), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).	172
<b>Figura 22.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para longitud (LONG), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).	176
<b>Figura 23.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para uniformidad (UNIF), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).	179
<b>Figura 24.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para la resistencia (RESIS), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).	182
<b>Figura 25.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para la elongación (ELON), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).	185
<b>Figura 26.</b> Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para finura (FINU), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).	188
<b>Figura 27.</b> Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para longitud (LONG), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).	191
<b>Figura 28.</b> Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para uniformidad (UNIF), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).	193
<b>Figura 29.</b> Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para resistencia (RESIS), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).	196
<b>Figura 30.</b> Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para elongación (ELON), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).	198
<b>Figura 31.</b> Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para finura (FINU), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).	200

## RESUMEN GENERAL

En la región Caribe se presentan una serie de microambientes que originan fuentes de variación (FV) en los cultivares sembrados, debidas al genotipo (G), el efecto del ambiente (A) y la interacción con el genotipo (GxA). El estudio correcto de las FV en el análisis combinado de varianzas (ANAVACO), constituyen un problema importante, especialmente cuando se quiere definir el número de ambientes óptimos para identificar y liberar cultivares de mayor rendimiento, adaptabilidad y estabilidad fenotípica en zonas productoras tropicales. El objetivo de esta investigación fue evaluar la significancia estadística y la importancia de las FV en diferentes pruebas de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) en algodón para diez variables de rendimiento, componentes de rendimiento y calidad de fibra, en el Caribe seco (CS) y húmedo (CH) colombiano. Se utilizaron los datos de cuatro PEAM donde se evaluaron 10 genotipos de fibra media diferentes, empleando el diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Cada PEAM estuvo conformada por los resultados de cuatro ambientes representativos de las zonas productoras del CH y CS. Las PEAM se realizaron durante las cosechas 2003/2004(CH y CS), 2007/2008 (CS) y 2009/2010(CH). Para determinar la significancia estadística de las FV del ANAVACO se utilizó la prueba de F basada en cuadrados medios (CM) y la importancia de las FV se calculó ponderando en porcentaje la variación de A, G y GxA, sobre el total de la suma de cuadrados (SC) de estas FV. En promedio de las dos cosechas, la mayor parte de la variación en la SC para rendimiento de algodón-semilla y rendimiento de fibra estuvo asociada al A, siendo altamente significativo y superior al 64% para CS y CH. Para porcentaje de fibra el mayor aporte a la variabilidad en la CS estuvo asociada al G con 74,5% y en el CH fue el A con 57,2%, ambos altamente significativos. Para número de motas por planta, la mayor parte de la variación de la SC estuvo asociada al A que fue altamente significativo y superior al 55% para CS y CH. Para peso de mota en el CS, estuvo asociada al G con promedio de 53,4% y en el CH al A con 70,5%, ambos altamente significativos. La variable uniformidad en el CS tuvo su mayor aporte por GxA que fue altamente significativo, con promedio de 47,7% y en el CH la GxA con 40,1%, siendo no significativa. Para resistencia y elongación el mayor aporte a la SC es del G, que fue altamente significativo y superior al 38% en CS y CH. La variable longitud en el CS tuvo su mayor contribución con G que fue altamente

significativo, con promedio de 44,9% y en el CH la GxA con 41,7%. Para finura, en el CS estuvo dada por el A y explicó el 61,9% y en CH fue el G con 37,9%, ambos fueron altamente significativos. Se hace una recomendación hacia las entidades que mejoran el cultivo de algodón a que aumenten el número de ambientes para las PEAM.

**Palabras clave:** Partición de sumas de cuadrados, rendimiento, componentes del rendimiento, propiedad de fibra, Caribe seco, Caribe húmedo.

## GENERAL ABSTRACT

In the Caribbean region is presented a serie of microenvironments that originate sources of variation (SV) in the cultivar planted, due to genotype (G), environment effect (E) and the interaction with the genotype (GxE). The correct study of the SV in the combined analysis of variances (VAANACO) stablish an important problem, especially when you want to definite the number of optimum environments to identify and liberate cultivars with higher yield, adaptability phenotypic stability in tropical producing areas. The objective of this research was to evaluate the statistical significance and the importance of the VS in the multi-environment agronomic evaluation tests (MAET) in cotton for ten performance variables, fiber quality and performance components in the dry and wet Colombian Caribbean (DC) (WC). It used the data of four MAET where they were evaluated ten different medium fiber genotypes, using complete blocks design at random with four repetitions. Every MAET was formed by the results of four representative environment of the producing areas of the WC and DC. The MAET was made during the harvests 2003/2004 (WC and DC), 2007/2008 (DC) and 2009 /2010 (WC). to determinate the statistical significance of SV of the VAANACO used the test of S based on middle squares (MS) and the importance of SV was calculated weighing the percentage of the variation of E, G and GxE, over the total sum of squares (SS) of these SV. On overage of two harvests, most of the variation in the SS for cotton seed yield and fiber yield was associated to E, being highly significant and higher to 64% for DC and WC. For percentage of fiber the greatest contribution to the variability in the DC was associated to G with 74,5% and in the WC was E with 57,2%, both highly significant. For number of specks per plants, the most of the variation of the DC was associated to E than was highly significant and higher to 55% for DC and WC. For weight of specks in the DC, was associated to G with overage of 53,4% and in the WC to E with 70,5%, both highly significant. The variable uniformity in the DC had its greatest contribution for GxE that was highly significant, with overage of 47,7% and in the WC the GxE with 40,1% being not significant. For attendance and engolation the greatest contribution to the SS is of the G that was highly significant and higher to 38% in DC and WC. The variable longitude in the DC had its greatest contribution with G that was highly significant with overage of 44,9% and in the WC the GxE with 41,7%. For finesse, in the DC was given by the E and

explained the 61,9% and in WC was the G with 37,9%, both were highly significant. A recommendation is made to the entities that improve the cotton cultivations to increase the number of environments for the MAET.

**Keywords:** Partition of sums of squares, yield, yield components, fiber property, dry Caribbean, wet Caribbean.

**CAPÍTULO I: INTRODUCCION GENERAL**

**CHAPTER I: GENERAL INTRODUCTION**

## 1. INTRODUCCION

El cultivo de algodón (*Gossipyum hirsutum* L.) es un cultivo cuyo aprovechamiento principal es la fibra para la producción de textiles y sus semillas la cual se procesa para obtener fibras de celulosa, cuerdas gruesas, aceite comestible y en el aprovechamiento de la torta como forraje (SAGARPA, 2014). Durante varias décadas Colombia fue un importante productor y exportador de fibra de algodón, característica que fue perdiendo hasta convertirse en un importador neto (FINAGRO, 2014). La producción global de fibra se estimada para el año 2018 fue 25.955.096 t, destacándose países como China (6.840.000 t), India (5.321.000 t) y EE.UU (3.598.000 t). Colombia solo participó con 9.158 t de la producción mundial (FAOSTAT, 2018).

El cultivo de algodón en toda Colombia para la temporada 2018 generó un total de 18.071 empleos totales, de los cuales 9.599 correspondieron a la región Caribe (CONALGODÓN, 2018). Durante la cosecha 2017/2018 la región Caribe aportó aproximadamente el 52% del área total sembrada en el país (5.440 ha), alcanzando una producción de fibra y algodón – semilla de 3.936 t y 5.395 t, respectivamente. Los rendimientos registrados por CONALGODÓN (2018), en porcentajes para fibra, algodón – semilla y merma, fueron de 36,7%, 50,3% y 12,9%, respectivamente; lo que comparado con la cosecha del 2016/2017; presenta un aumento aproximado de mil (1.000 t) de fibra y algodón - semilla, siendo así, una producción muy marcada, a diferencia del rendimiento en fibra que presenta un aumento de una (1) tonelada (CONALGODÓN, 2017 y 2018).

La gran diversidad de ambientes y microambientes donde se desarrolla el algodón ocasionan unas expresiones fenotípicas variables en la conducta de las variedades, por lo tanto, se hace necesario estudiar la respuesta diferencial ocasionada por las diversas fuentes de variación sobre rendimiento de algodón semilla y fibra, componentes del rendimiento y propiedades de fibra de los genotipos (Espitia, Araméndiz y Mendoza, 1993).

El análisis de las fuentes de variación en estudios de interacción genotipo por ambiente permite mejorar la comprensión acerca de cómo los cultivares se adaptan a cada una de las condiciones representativas de las zonas productoras de la región Caribe y eliminaría el

riesgo de establecer en las áreas de cultivos, variedades que puedan tener un comportamiento impredecible respecto a la variación de la oferta ambiental propia del trópico.

De no realizarse este estudio, se dejaría de analizar el efecto cambiante en los sistemas de producción agrícola en algodón para el Caribe seco y húmedo colombiano, debido a la variación ocasionada por los genotipos, el ambiente y la interacción GxA, y no se compararían los resultados de estudios obtenidos para determinar la importancia de las sumas de cuadrados de las fuentes de variación de los ANAVACOS en los estudios de interacción GxA para las principales características agronómicas y calidad de fibra.

El análisis de la interacción GxA y sus componentes de variación tienen un impacto significativo en los esfuerzos para desarrollar cultivares de algodón de alto rendimiento, alta calidad y estables ambientalmente. El conocimiento de ambos puede y debe usarse para diseñar programas óptimos de mejoramiento y criterios de selección efectivos (Campbell et al. 2012).

La etapa final de cualquier programa de mejoramiento genético, exige la realización de experimentos en ambientes divergentes, en razón a que los productores realizan sus cultivos en condiciones muy complejas, con un gran efecto ambiental en la expresión del genotipo y cambios en la expresión del fenotipo (Araméndiz, Espitia, Agámez, Cardona y Robles, 2007); lo que hace necesario, estimar el potencial de rendimiento, calidad y propiedades de fibra de cultivares avanzados en esas ofertas ambientales y de manejo agronómico y así realizar recomendaciones mucho más precisas y refinadas a esas condiciones impredecibles y acordes a las particularidades de las zonas productoras de la región Caribe, especialmente las concerniente con el régimen de lluvia.

De acuerdo con el planteamiento anterior, la presente investigación tuvo como objetivo; evaluar la significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación en los estudios de interacción genotipo por ambiente en algodón (*Gossypium hirsutum* L.) en la región Caribe colombiana.

## 2. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

A nivel nacional el cultivo del algodón presenta altos costos de producción (\$4.106.218 por hectárea para una producción de 2.427 kg/ha de algodón semilla y 891 kg/ha de fibra en la temporada 2018), sustentados en gran parte por labores de recolección, mano de obra, el costo de semilla y siembra, limitantes tecnológicas y la respuesta diferencial de las variedades a las condiciones ambientales cambiantes de las zonas productoras, lo cual influye en gran medida a la inestabilidad del rendimiento de algodón – semilla, fibra y calidad de la fibra de algodón en el Caribe colombiano (CONALDOGON, 2018).

La competitividad del sector algodonero se ha visto afectada por la disminución del área de siembra, comparado con la temporada 2007/2008 se han dejado de sembrar 35.293 ha y de producir 26.892 t de fibra, generando un déficit de \$137.606.364.000 (con un precio de \$5.117.000 por tonelada). Por su parte, la región Caribe para la temporada 2017/2018 aportó el 37,78% de la producción de fibra nacional (2.907 t ) y un rendimiento de 724 kg de fibra/ha similar a años anteriores, y bajo cuando comparado con el promedio de rendimiento de fibra nacional (891 t fibra por ha) (CONALGODÓN, 2018).

En las zonas algodoneras de la región Caribe existen dos grandes sub-zonas productoras, que son el Caribe húmedo y Caribe seco, las cuales presentan condiciones edafoclimáticas diferentes que generan fuentes de variación cambiantes que afectan la expresión de las variables agronómicas interés; dentro de estas se encuentran las debidas al ambiente, genotipo y su interacción GxA (CONALDOGON, 2018); (Sierra, Espitia y Cadena, 2017). Por lo tanto, se hace necesario una evaluación más prolongada de los materiales bajo condiciones de producción propias de una micro región para evitar una recomendación errónea de variedades y paquetes agronómicos (Espitia et al. 1993). Para la región Caribe durante cosecha 2017/2018 municipios como Chima y Cotorra presentaron los valores más altos de rendimiento de fibra con 1.280 y 1.084 kg/ha de fibra para unos ingresos por hectárea de \$6.549.760 y \$5.545.191, sin embargo, el municipio de Ciénaga de Oro presentó el valor más bajo de rendimiento de fibra con 470 kg/ha de fibra para unos ingresos de \$2.403.332 (CONALGODON, 2018), lo cual pone de presente como los factores ambientales influyen en las variables agronómicas de interés.

Con frecuencia las premisas del análisis de varianza basado en un modelo lineal tradicional son asumidas sin tener un estricto cumplimiento, con el fundamento de que, si el número de observaciones es elevado, los datos pueden llegar a ajustarse a la normalidad y en ocasiones no es correcto suponer una distribución normal. Los modelos lineales clásicos suponen que la varianza del error es constante entre las observaciones; sin embargo, hay datos para los cuales la varianza de las observaciones aumenta con el valor de la media (Bandera y Pérez, 2018). Existen contextos donde no es posible utilizar modelos lineales clásicos para el análisis de varianzas, porque al realizar mediciones repetidas en el tiempo o en el espacio en las mismas unidades experimentales, se incumplen los supuestos de independencia, normalidad, homocedasticidad y linealidad (Bandera y Pérez, 2018). Estas limitantes han contribuido al surgimiento de los modelos mixtos, permitiendo ser aplicado a un rango más amplio de datos y detectar diferencias significativas entre genotipos, no evidenciadas por el modelo clásico.

A pesar que en Colombia y la Región Caribe colombiana se han realizado estudios para determinar la significancia estadística de las fuentes de variación del análisis combinado de varianza (ANAVACO) en los estudios de adaptabilidad y estabilidad fenotípica, para identificar, zonificar, recomendar y liberar comercialmente los nuevos genotipos para las sub-zonas productoras: Sierra et al. (2017); Salim (2018); Sirisha, Lal Ahamed, Kuamr, Kumari y Rao (2018); Teodoro et al. (2019); El-Seidy, Shaker y El-Ganayny (2017); Ali et al. (2018); Nadeem et al. (2018); Shahzad et al. (2019); Greveniotis y Sioki (2017); Nandhini, Saraswathi, Premalatha, Sakthivel y Kumaravadivel (2019); Mejía, Galeano, Burbano, Vallejo y Arango (2020); Albuquerque, Cavalcanti, Farias, Queiroz y Carvalho (2020); Cotrim et al. (2019); Mukoyi, Gasura y Makunde (2018); Ribeiro et al. (2018); sin embargo, no se han reportado y comparado los resultados obtenidos para determinar la importancia de las sumas de cuadrados de las fuentes de variación de los ANAVACO en los estudios de interacción GxA para las principales características agronómicas y calidad de fibra de interés en algodón en el Caribe Seco y Húmedo colombiano.

Por lo anterior, en este estudio se plantea la siguiente pregunta problema: ¿Las fuentes de variación de los ANAVACO en los estudios de interacción GxA, tienen la misma significancia estadística e importancia en la variación para las variables de rendimiento, componentes del rendimiento y calidad de fibra de algodón en el Caribe seco y húmedo?

### **3. GENERALIDADES DE LA TEMÁTICA**

#### **3.1. EL CULTIVO DEL ALGODON EN COLOMBIA**

El algodón se cultiva en más de 100 países en el mundo, sin embargo, sólo en un pequeño grupo se concentra la mayor porción de la producción mundial. La producción global de fibra para el año 2018 fue de 25.955.096 t, destacándose países como China (6.840.000 t), India (5.321.000 t) y EE.UU (3.598.000 t). Colombia solo participo con 9.158 t (0.035%) de la producción mundial (FAOSTAT, 2018).

Durante varias décadas Colombia fue un importante productor y exportador de fibra de algodón, característica que se fue perdiendo progresivamente, a la vez que también disminuía el área de siembra hasta convertirse en un importador neto de este bien. (FINAGRO, 2014). Las producciones nacionales están representadas por dos cosechas algodonerías principalmente, la cosecha “Costa - Llanos” la cual aporta aproximadamente el 53% de la producción nacional y la cosecha “Interior” donde está concentrada la menor parte de la producción nacional con un 47% (CONALGODON, 2018). Dado que el algodón es un cultivo semestral y que existen diferencias en la oferta ambiental para cada una de estas temporadas, las épocas de siembra difieren, permitiendo de esta forma que el país conserve un flujo de producción de fibras constantes a largo del año y una continuidad en la oferta.

Las épocas de siembra en Colombia para el cultivo del algodón varían entre departamentos, la cosecha Costa – Meta para el año 2019 fue del mes de agosto hasta octubre. El departamento de Córdoba por ejemplo, está compuesto por tres zonas que comprenden diferentes periodos de siembra (alta: 1 de agosto – 15 de septiembre, media: 25 de agosto – 30 de septiembre, baja: 5 de septiembre – 5 de octubre) y la cosecha del interior comprende desde febrero hasta el mes de abril ( Tolima: febrero – 30 de marzo, Valle del Cauca: 25 de febrero – 10 de abril, Huila: 11 de febrero – 30 de marzo) (CONALGODON, 2019).

La introducción de las variedades transgénicas a Colombia se ha dado desde el año 2003, iniciando con la introducción del cultivar DP NuOpal, de origen americano. Esta variedad contenía la proteína Cry1Ac (Bollgard), que confería resistencia a lepidópteros plaga.

Actualmente, los cultivares transgénicos contienen genes que les confieren tolerancia a diferentes tipos de herbicidas. Los cultivares transgénicos usados en la actualidad incluyen variedades como Deltapine (DP), Stoneville (SV) y FiberMax (FM); estas dos últimas han dominado el mercado colombiano durante la última década (Figueroa, Mercado, Pastrana y Torres, 2018).

El desarrollo de variedades nacionales de algodón ha estado a cargo de dos entidades; en primer lugar, durante los primeros años de desarrollo del cultivo el desarrollo de nuevos materiales genéticos estuvo a cargo del Instituto Colombiano Agropecuario (ICA), y a partir de 1993, de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA). Las variedades de la serie Gossica fueron desarrolladas por ICA en las décadas de los setenta y ochenta. CORPOICA ha desarrollado variedades a partir de los cruces entre variedades de alto rendimiento de fibra introducidas de África y variedades colombianas. Estas variedades corresponden a las series de líneas Cesar (LC) y, más recientemente, líneas Cereté (LCER). Ambas series corresponden a variedades convencionales seleccionadas por calidad de fibra requerida por el mercado, estabilidad fenotípica, arquitectura de planta y adaptación específica a los diferentes ambientes ecológicos de las zonas aldoneras colombianas (Figueroa et al. 2018).

### **3.2. FACTORES AMBIENTALES QUE AFECTAN EL CULTIVO DE ALGODÓN**

El cultivo de algodón y su comportamiento en las principales variables de interés agronómico e industrial, está afectado principalmente por factores ambientales. Las condiciones climáticas benefician o desfavorecen la expresión de las características de las variedades convencionales o variedades mejoradas genéticamente. En Colombia el rendimiento y la calidad de la fibra son importantes en la economía del país, sobre todo para la generación de empleo, aporte a la industria textilera, y manufacturera (Mejía, 2014).

Los factores ambientales más importantes incluyen la estimación de parámetros como la retención de humedad, la infiltración y el método de riego, que permiten establecer los estimativos de las necesidades mínimas agua, la cantidad de luz solar/día y la humedad relativa. Teniendo en cuenta que los requerimientos de agua del cultivo del algodónero

se concentran en 15% en la fase de establecimiento; 65% en la reproductiva y 20% en la de maduración, todos estos parámetros contribuyen significativamente en la producción y la calidad de la fibra (Mejía, 2014).

En la fase reproductiva es determinante la influencia de la temperatura media, debido al inicio de la etapa lineal de crecimiento y ganancia de peso que ocurre como consecuencia de la elongación del tallo y la formación del área foliar, por lo tanto se espera maximizar la interceptación de irradiación para favorecer el proceso fotosintético, con el crecimiento del área foliar y asegurar una buena retención de los botones florales, las condiciones favorables pueden estar alrededor del 24°C y 25°C con una radiación de 145 cal cm<sup>-2</sup> día<sup>-1</sup> (Mejía, 2014).

El proceso de formación de la fibra se distribuye en cuatro etapas: La iniciación de la formación que puede ocurrir unos días antes de la apertura floral; la elongación (entre 15 y 27 días), alcanzando una longitud de 20 mm a los 14 días, el engrosamiento y la pérdida de humedad. A pesar de que la respuesta de este carácter está dada por la constitución genética de la variedad, el manejo integrado del cultivo y las condiciones agroecológicas de la zona enmarcan las particularidades finales (Mejía, 2014; Montenegro, Paz y Fernández, 2008).

La calidad de fibra demanda condiciones ambientales, que son altamente influyentes sobre la uniformidad, longitud, resistencia y finura. Cuando la fibra soporta lluvias excesivas (mayores al 50 mm), está sujeta a roturas durante el procesado. La radiación y brillo solar, está asociado a los climas secos, la exposición de los frutos por periodos largos de sol fuerte, reducen la resistencia de la fibra, no obstante, la humedad relativa también influye, mejorando la respuesta de un ambiente a otro (Mejía, 2014; Montenegro et al. 2008).

La finura, por ejemplo, es la variable asociada con el grado de engrosamiento y la calidad de las capas de celulosa depositadas en la fibra, esta variable puede ser influenciada durante el periodo de crecimiento, debido principalmente a condiciones ambientales tales como humedad, temperatura, luz solar, nutrientes de la planta y extremos en poblaciones de plantas o capullos de algodón. La finura de la fibra tiene importancia ya que afecta el comportamiento del proceso y la calidad textil del producto final elaborado del Algodón. Los hilados confeccionados con fibras más finas resultan en mayores cantidades de fibras

por sección transversal, lo que a su vez produce mayor resistencia, retención y observancia de la tinta, estos parámetros de calidad varían con la madurez de la fibra proporcionalmente (Mejía, 2014).

### **3.3. DEFINICIÓN E IMPORTANCIA DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO POR AMBIENTE (GxA)**

La interacción GxA se puede definir como el comportamiento relativo diferencial que muestran los genotipos cuando se les somete a diferentes ambientes; o expresado, en otros términos, es la incapacidad de un genotipo para responder similarmente cuando se le siembra en varios ambientes. La interacción GxA reduce la asociación entre los valores genotípicos y fenotípicos y obliga a los fitomejoradores a considerar la estabilidad o adaptabilidad de los materiales (Vallejo y Estrada, 2016; Rodríguez et al. 2011).

Valencia y Ligarreto (2010) argumentan que los mejoradores de plantas en sus procesos de selección afrontan con regularidad el fenómeno conocido como interacción GxA, que reduce la correlación entre fenotipo y genotipo, y la ganancia genética, lo que dificulta la selección y recomendación de cultivares. La interacción GxA generalmente hace alusión a la variación que no puede ser explicada por los efectos principales del genotipo (G) o del ambiente (A).

Acevedo et al. (2010) argumentan que en los programas de mejoramiento genético los genotipos con alto potencial de rendimiento de grano y buenas características agronómicas deben ser evaluados en un conjunto de ambientes (localidades y años) en las principales zonas de producción del cultivo. Definen la interacción GxA como el comportamiento diferencial de los genotipos en los diversos ambientes, dificultándose la selección de los que están ampliamente adaptados como los más estables. Por otro lado, la presencia de GxA afecta las estimativas de la varianza genética y por ende sobre o subestima la ganancia genética esperada por selección, afectando negativamente el éxito de los programas de mejoramientos.

Vallejo y Estrada (2016) afirman que en la agricultura de escala donde la utilización de tecnología es fundamental, se busca que los mejores genotipos rindan en los mejores ambientes. A pesar de esto la tendencia generalizada en muchos países del mundo que enfrentan limitaciones de áreas óptimas para el desarrollo de los cultivos, se han evaluado

los efectos de la interacción GxA con la finalidad de encontrar genes (análisis de QTL) los cuales permitan a los cultivares un grado de adaptación a esas condiciones en tanto que la calidad de las producciones no se afecte de manera drástica.

### **3.4. CAUSAS Y NATURALEZA DE LA INTERACCIÓN GXA**

Según Allard (1999) los efectos fenotípicos no están normalmente relacionados con los genes de un modo directo. Más bien resultan de una sucesión de seis relaciones físico-químicas e interacciones iniciadas por ciertos genes, pero modificadas por un sistema de reacciones controladas o modificadas por otros genes, y por el ambiente externo hasta determinar el fenotipo final.

Cualquier característica que se mide en los genotipos de cualquier planta, se conoce como valor fenotipo (F), ésta es la resultante de la acción de los genes que controlan tal característica, conocida también como genotipo (G), más la acción de los factores bióticos y abióticos ambientales, conocido como ambiente (A) y la interacción de los genes (G) con el ambiente (A), conocida como interacción genotipo x ambiente (GxA). La interacción GxA generalmente hace alusión a la variación que no puede ser explicada por los efectos principales del genotipo (G) o del ambiente (A), por tanto, la ecuación universal que define la expresión de una característica que se evalúa en varios ambientes, es:  $F = G + A + GxA$  (Mejía, 2014; Araméndiz et al. 2007).

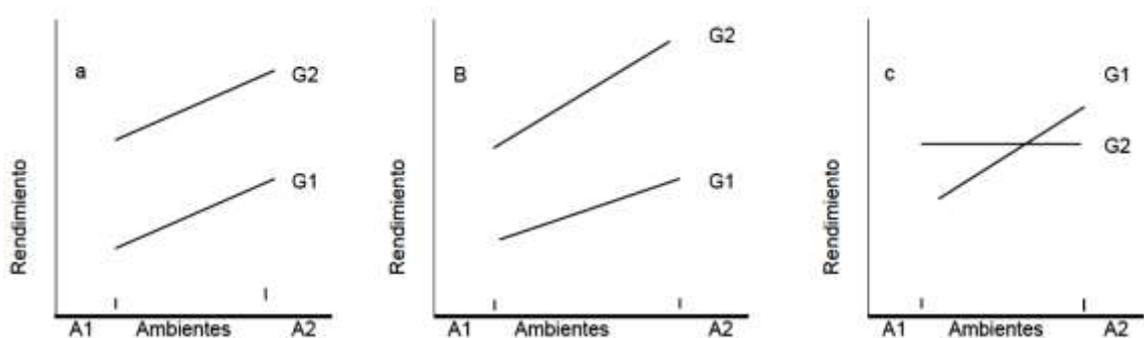
Los programas de mejoramiento genético tienen como finalidad desarrollar cultivares estables y con buenos atributos para un rango amplio de condiciones ambientales. En caracteres controlados por pocos genes la interacción GxA no es importante al no ser una fuente de varianza significativa. En cambio, cuando el carácter es controlado por una gran cantidad de genes con pequeños efectos, la interacción genotipo por ambiente resulta significativa y adquiere mayor importancia; se sabe que varios tipos de efectos de los genes actúan con el ambiente para expresar su fenotipo (Damba, 2008).

Cuando una GxA significativa es detectada, el interés se concentra en conocer las causas de esa interacción a fin de hacer una predicción precisa del comportamiento de un determinado genotipo bajo una variedad de ambientes (Li et al., 2013). Entender las respuestas de un genotipo a factores individuales ayuda a una mejor interpretación y explotación la GxA. Un componente ambiental representa un estrés cuando presenta un

nivel fuera del óptimo. Yan y Kang (2003) indican que diferencias en la tasa de aumento de la respuesta genotípica a un nivel sub-óptimo refleja diferencias en la eficiencia y las diferencias en las tasas de decrecimiento de la respuesta genotípica a un nivel súper-óptimo, refleja diferencias en tolerancia. Por ejemplo, en condiciones de sequía ocurre que el agua está a un nivel sub-óptimo y pueden ser identificados genotipos que hagan un uso eficiente del agua; en condiciones de inundación hay un nivel súper-óptimo y en este caso la selección se dirigirá a la identificación de genotipos tolerantes a excesos de humedad.

En cuanto a la naturaleza de la interacción, diferencias en la adaptación de genotipos resultan, de variaciones en la constitución génica para los caracteres importantes en esta adaptación. La reacción a diferentes cambios ambientales se puede dar desde los mecanismos de regulación génica hasta los caracteres morfológicos finales. Cuando se consideran caracteres métricos de importancia para el mejoramiento debe haber varias fuentes de variación actuando en los diferentes niveles, desde la regulación génica hasta la manifestación final (Chaves, 2001).

Allard y Bradshaw (1964) presentan una situación simple donde son considerados dos genotipos en dos ambientes para ilustrar algunos tipos de interacción y las implicaciones que ello tiene en programas de mejoramiento genético. En la Figura 1 se tiene la representación gráfica de algunas de estas situaciones en la GxA.



**Figura 1.** Comportamiento de dos genotipos (G1 y G2) en dos ambientes (A1 y A2). a) Ausencia de interacción. b) Interacción simple o cuantitativa y c) Interacción cruzada o cualitativa.

En la Figura “a” el cambio en las condiciones ambientales afecta por igual el comportamiento de los genotipos, caracterizándose la ausencia de interacción. Para el caso “b” y “c” los cambios del ambiente afectan de forma diferente la manifestación del carácter para los dos genotipos, es decir, la diferencia entre genotipos varía entre ambientes. Para el caso de “b” el orden de respuesta de un genotipo no cambia de un ambiente a otro, siendo este tipo de interacción denominada simple o cuantitativa. Para el caso “c” la interacción es denominada cruzada o cualitativa (Becker y Leon 1988).

En las situaciones “a” y “b” un mismo genotipo (G2) es adaptado a las dos condiciones ambientales y una selección basada en el promedio de los ambientes beneficiará siempre al mejor genotipo. En la situación “c”, la selección basada en el promedio de los ambientes no es capaz de satisfacer el conjunto de los ambientes pudiendo llevar a la selección de genotipos mal adaptados a una situación particular (Chaves, 2001).

### **3.5. ESTUDIOS DE INTERACION GENOTIPO POR AMBIENTE EN ALGODÓN**

El análisis de las variables como el rendimiento de fibra en algodón, está determinado por el número de cápsulas por unidad de superficie, semillas por cápsula y fibras por semilla, estas variables son prácticas para el fitomejorador, sin embargo, son caracteres complejos que dependen de un gran número de factores y de sus interacciones (Espitia, Araméndiz, y Cadena, 2008).

Sierra et al. (2017) en su estudio determinaron la interacción GxA en 10 genotipos de algodón para rendimiento de fibra, evaluados en seis ambientes del Caribe Húmedo colombiano, usó un diseño de bloques completo al azar por ambiente. El análisis de varianza combinado detectó diferencias altamente significativas para ambientes e interacción GxA.

Salim (2018) evaluó la interacción GxA para 15 líneas endogámicas de algodón americano y un testigo comercial durante las temporadas 2013/14 y 2014/15 para rendimiento de algodón semilla, componentes de rendimiento y la calidad de la fibra. Utilizaron un diseño de bloques completamente al azar con cuatro repeticiones, reportando diferencias altamente significativas en la interacción GxA para las variables

de peso de mota en el ambiente de Rahad y para número de motas por planta y el peso de 100 semillas en el ambiente de Sennar.

Sirisha et al. (2018) estudiaron el comportamiento de 45 híbridos de algodón en tres ambientes durante las temporadas 2013 y 2014 con el fin de estudiar la interacción GxA para variables de calidad de fibra. En los resultados encontraron diferencias altamente significativas para interacción GxA en las variables de longitud, resistencia, elongación, uniformidad y finura. Resultados semejantes, fueron reportados por Ali et al. (2018), Teodoro et al. (2019), para experimentos realizados en diferentes cosechas, tanto para variables agronómicas como de calidad de fibra.

Nadeem et al. (2018) realizaron estudios de interacción GXA en poblaciones F<sub>5</sub> junto con genotipos parentales en dos fechas de siembra diferentes en algodón americano (upland). Los efectos de la interacción GxA fueron altamente significativos para las ramas / planta, capsulas / ramas, cápsulas por planta e índice de semilla.

Ali et al. (2017) evaluaron 28 genotipos de algodón americano en la temporada normal de cultivo de algodón durante 2012 y 2013 en tres lugares de Pakistán. Hubo diferencias altamente significativas ( $p < 0,01$ ) para ambiente, genotipo e interacción GxA en el rendimiento del algodón en semilla. En general, la variación se atribuyó principalmente a los ambientes (48,46%), seguido de GxA (36,22%) y genotipos (15,33%). De igual manera, Riaz et al. (2019), reportaron para dos cosechas, que las estimaciones del rendimiento combinado del algodón - semilla fueron altamente significativas para los genotipos, ambiente y la interacción GxA. Bajo condiciones normales de riego, el 72,4% de la variación total correspondió al ambiente, 18,4% a la interacción GxA y 8,2% al genotipo, mientras en condiciones de déficit hídrico, la variabilidad del 78,7% se debió al ambiente, 15,7% a la interacción GxA y 4,7% al genotipo.

Ali et al. (2017) evaluaron 28 genotipos de algodón americano en la temporada normal de cultivo de algodón durante 2012 y 2013 en tres lugares de Pakistán. Hubo diferencias altamente significativas ( $p < 0,01$ ) para ambiente, genotipo e interacción GxA en el rendimiento del algodón en semilla. En general, la variación se atribuyó principalmente a los ambientes (48,46%), seguido de GxA (36,22%) y genotipos (15,33%).

Shahzad et al. (2019) realizaron un estudio en seis ambientes en el Instituto de Investigación sobre el algodón de la Academia China de Ciencias Agrícolas, Anyang, Alar y Wuwei, en 2016–2017 con el fin de comparar el rendimiento y la estabilidad de 11 líneas endogámicas y 30 híbridos intraespecíficos de algodón. El análisis de varianza utilizando los efectos principales aditivos y el modelo de interacción multiplicativa reveló que el genotipo, el ambiente y la interacción GxA tuvieron efectos altamente significativos en los rasgos de rendimiento y calidad de la fibra. Además, una mayor parte de la variabilidad total en los rasgos de rendimiento fue explicada por ambiente.

Nandhini et al. (2019) realizaron una investigación con el fin de identificar genotipos estables y una estación adecuada para la expresión de cinco rasgos de calidad de fibra entre 220 líneas endogámicas recombinantes de algodón en el Departamento de Algodón, TNAU, Coimbatore durante tres temporadas (2017-18, verano 2018 y 2018-19). El análisis de varianza reveló diferencias altamente significativas entre los genotipos, los ambientes y la interacción GxA para la longitud media superior de la fibra, el índice de uniformidad, la resistencia del haz y la finura de la fibra.

Mejía et al. (2020) evaluaron nueve variedades de algodón transgénico en diez localidades situadas en dos ecorregiones: valles geográficos de los ríos Magdalena y Cauca con el fin de seleccionar variedades de algodón con alto potencial de rendimiento de semilla y porcentaje de fibra. El rendimiento de algodón semilla presentó genotipo, ambiente e interacción GxA significativa, en cambio el porcentaje de fibra presentó solo diferencia significativa para ambiente.

Albuquerque et al. (2020) en su estudio seleccionaron genotipos de fibra de algodón coloreada para las características de fibra agronómica y tecnológica para las condiciones semiáridas brasileñas en dos ambientes durante la temporada 2016. Evaluaron rasgos de rendimiento de la semilla de algodón, porcentaje de fibra, longitud, resistencia y micronaire, mostrando diferencias significativas ( $p < 0.01$ ) para todos los rasgos.

Cotrim et al. (2019) realizaron un estudio con el fin de identificar entornos similares para el cultivo de algodón en el Cerrado brasileño y determinaron la significancia estadística para rasgos de rendimiento de semilla de algodón y porcentaje de fibra, longitud, micronaire, resistencia de la fibra. El genotipo fue significativo para todos los rasgos

evaluados, excepto el rendimiento de algodón semilla y para ambiente e interacción GxA, los rasgos fueron significativos.

### **3.6. IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN EN ESTUDIOS DE INTERACCION GXA EN ALGODON.**

Las interacciones GXA han sido de gran interés para los mejoradores de algodón. Las pruebas de evaluación agronómica de genotipos de algodón a largo plazo proporcionan una excelente y abundante fuente de información para estudiar las interacciones (Meredith et al. 2012).

El análisis la interacción GxA y sus componentes de variación tienen un impacto significativo en los esfuerzos para desarrollar cultivares de algodón de alto rendimiento, alta calidad y estables ambientalmente. El conocimiento de ambos puede y debe usarse para diseñar programas óptimos de mejoramiento y criterios de selección efectivos. Los mejoradores de algodón usan este recurso para seleccionar líneas específicas con una mayor estabilidad ambiental, además pueden usar dicha información para seleccionar genotipos que representen eventos de recombinación y combinen un alto rendimiento y un potencial de calidad de fibra (Campbell et al. 2011).

La necesidad de investigar la importancia de las fuentes de variación en algodón es el efecto siempre cambiante de la tecnología, la cual ocasiona un comportamiento diferencial de la interacción GxA. Tres factores que cambian constantemente en los sistemas de producción agrícola de algodón son el genotipo (G), el componente ambiental (A) y la necesidad de estimar la interacción GxA para los nuevos instrumentos y equipos utilizados, con el fin de mejorar aún más la experimentación o medir nuevas características de interés agronómico y de calidad en algodón. La genética y el mejoramiento genético de plantas han sufrido grandes cambios que obligan a las entidades de investigación a ofertar nuevos materiales para las diferentes zonas productoras. Además de los cambios del G, se puede resaltar los cambios significativos en las áreas (A) de producción de algodón y el reciente desarrollo de nuevos instrumentos para medir las propiedades de calidad de la fibra, que destaca la importancia de continuar con los análisis de interacción GxA, sobre caracteres de interés agronómico de algodón (Meredith et al. 2012).

Meredith et al. (2012) en su revisión de literatura, cita seis (6) estudios que informan sobre resultados de rendimiento y calidad de fibra en evaluaciones de interacción GXA en algodón. Estos estudios involucran métodos de análisis de ambiente (A), genotipo (G) y la interacción GxA ampliamente diferentes para rendimiento, componentes de rendimiento y calidad de fibra, los cuales se pueden observar en las tablas 1, 2, 3 y 4. Lo más notable es que para el rendimiento, el 86% de la variación total se debió al A, el 5% al G y el 9% a la interacción GxA, para el porcentaje de fibra, el 52% de la variación total se debió al A, el 29% al G y el 19% a la interacción GxA, para el peso de capsula el 45% de la variación total se debió al A, el 25% al G y el 30% a la interacción GxA y finalmente para el peso de semilla el 39% de la variación total se debió al A, el 38% al G y el 24% a la interacción GxA (Tabla 1).

En cuanto a las variables de calidad de la fibra de los estudios realizados, para longitud de fibra, el 56% de la variación total se debió al A, el 27% al G y el 17 % a la interacción GxA, para resistencia de fibra, el 40% de la variación total se debió al A, el 44% al G y el 16% a la interacción GxA y finalmente para la variable de micronaire, el 66% de la variación total se debió al A, el 18% al G y el 16% a la interacción GxA (Tabla 2)

**Tabla 1.** Resultados promedio de estudios previos que dividen el porcentaje de las contribuciones totales de los ambientes (A), genotipo (G) y la interacción genotipo por ambiente (GxA) para los componentes de rendimiento y rendimiento.

Estudio Autor	% de componentes totales		
	Ambiente (A)	Genotipo (G)	GxA
	<b>Rendimiento de fibra</b>		
DeLacy et al., 1990 (T)	90	3	8
DeLacy et al., 1990 (A)	80	11	9
Kerby et al., 2000 (E)	94	1	6
Kerby et al., 2000 (M)	90	1	9
Meredith, 2003	80	7	13
Campbell and Jones, 2005	90	2	8
Blanche et al., 2006	92	3	5
Campbell et al., 2011	72	9	19
<b>PROMEDIO</b>	86	5	9
	<b>Porcentaje fibra</b>		
Kerby et al., 2000	55	24	21
Kerby et al., 2000	82	6	12
Meredith, 2003	57	26	17
Campbell and Jones, 2005	23	57	20
Blanche et al., 2006	28	38	34
Campbell et al., 2011	66	21	13
<b>PROMEDIO</b>	52	29	19
	<b>Peso de la cápsula</b>		
Meredith, 2003	55	27	19
Blanche et al., 2006	36	38	26
Campbell et al., 2011	44	10	46
<b>PROMEDIO</b>	45	25	30
	<b>Peso de la semilla</b>		
Meredith, 2003	47	36	18
Blanche et al., 2006	26	48	27
Campbell et al., 2011	43	29	28
<b>PROMEDIO</b>	39	38	24

**Tabla 2.** Resultados de estudios previos que dividieron el porcentaje de la variabilidad total contribuida por los ambientes (A), los genotipos (G) y la interacción GxA para las características de la calidad de la fibra.

Estudio Autor	% de componentes totales		
	Ambiente (A)	Genotipo (G)	GxA
	<b>Longitud %</b>		
DeLacy et al., 1990 (A)	38	49	13
Kerby et al., 2000 (E)	85	6	9
Kerby et al., 2000 (M)	85	6	9
Meredith, 2003	50	31	19
Campbell and Jones, 2005	47	45	8
Blanche et al., 2006	57	19	23
Campbell et al., 2011	32	33	35
<b>PROMEDIO</b>	<b>56</b>	<b>27</b>	<b>17</b>
	<b>Resistencia %</b>		
DeLacy et al., 1990 (A)	22	65	13
Kerby et al., 2000 (E)	29	54	17
Kerby et al., 2000 (M)	66	15	19
Meredith, 2003	34	44	22
Campbell and Jones, 2005	14	63	8
Blanche et al., 2006	56	27	17
Campbell et al., 2011	58	38	20
<b>PROMEDIO</b>	<b>40</b>	<b>44</b>	<b>16</b>
	<b>Micronaire %</b>		
DeLacy et al., 1990 (A)	56	25	19
Kerby et al., 2000 (E)	59	21	20
Kerby et al., 2000 (M)	78	6	16
Meredith, 2003	61	21	18
Campbell and Jones, 2005	81	10	9
Blanche et al., 2006	49	33	18
Campbell et al., 2011	82	7	11
<b>PROMEDIO</b>	<b>66</b>	<b>18</b>	<b>16</b>

**Tabla 3.** Medias para rendimientos, componentes de rendimiento y sus componentes de varianza expresados como porcentaje de la varianza total de los datos de la prueba RHQ de 2001-2007.

Rasgo	Media	Ambiente				Genotipo Total	Genotipo por ambiente			
		(Y)	(L)	YL	Total %	(G)	GY	GL	GYL	Total %
<b>Fibra, kgha<sup>-1</sup></b>	<b>1227</b>	<b>0</b>	<b>39,6</b>	<b>44,7</b>	<b>84,3</b>	<b>7,4</b>	<b>0,0</b>	<b>1,7</b>	<b>6,6</b>	<b>8,4</b>
		(.) <sup>z</sup>	1,7	4,4		5,9	(.)	2,0	7,2	
<b>Semilla, kgha<sup>-1</sup></b>	<b>1818</b>	<b>0,4</b>	<b>37,5</b>	<b>50,4</b>	<b>88,6</b>	<b>3,6</b>	<b>0,0</b>	<b>2,1</b>	<b>5,7</b>	<b>7,8</b>
		0,1	1,5	3,6		3,8	(.)	2,0	5,2	
<b>Fibra %</b>	<b>40,1</b>	<b>0,0</b>	<b>20,2</b>	<b>36,8</b>	<b>57,0</b>	<b>33,1</b>	<b>1,1</b>	<b>4,7</b>	<b>4,0</b>	<b>9,8</b>
		(.)	1,3	3,6		4,5	3,3	1,5	2,9	
<b>Peso de Capsula</b>	<b>5,11</b>	<b>4,2</b>	<b>35,2</b>	<b>31,6</b>	<b>71,0</b>	<b>16,2</b>	<b>0,0</b>	<b>0,0</b>	<b>12,8</b>	<b>12,8</b>
		0,7	1,7	3,9		6,0	(.)	(.)	11,0	
<b>Peso de Semilla</b>	<b>9,72</b>	<b>1,3</b>	<b>70,1</b>	<b>11,0</b>	<b>82,4</b>	<b>10,8</b>	<b>0,3</b>	<b>4,1</b>	<b>2,4</b>	<b>6,8</b>
		0,6	0,6	3,6		5,9	1,9	6,6	4,1	

Donde: Y = año; L = localidad; YL = Interacción YxL; G = genotipo; GY = Interacción GxY; GL = Interacción GxL; GYL = Interacción GxYxL

**Tabla 4.** Medias de rasgos de fibra y sus componentes de varianza expresados como porcentaje de la varianza total.

Rasgo	Media	Ambiente				Genotipo Total	Genotipo por ambiente			
		(Y)	(L)	YL	Total %	(G)	GY	GL	GYL	Total %
<b>Muestras de instrumentos de alto volumen</b>										
<b>Lontitud UHM, mm</b>	<b>29,4</b>	<b>2,4</b>	<b>15,8</b>	<b>37,6</b>	<b>55,8</b>	<b>36,3</b>	<b>0,0</b>	<b>2,7</b>	<b>5,1</b>	<b>7,8</b>
		<b>0,3</b>	<b>1,4</b>	<b>4,0</b>		<b>6,2</b>	<b>1,2</b>	<b>1,1</b>	<b>2,3</b>	
<b>Relación de Uniformidad Ratio, %</b>	<b>83,5</b>	<b>6,2</b>	<b>19,0</b>	<b>53,4</b>	<b>78,6</b>	<b>14,7</b>	<b>0,8</b>	<b>2,1</b>	<b>3,7</b>	<b>6,6</b>
		<b>0,8</b>	<b>1,2</b>	<b>4,1</b>		<b>5,7</b>	<b>1,2</b>	<b>2,4</b>	<b>2,4</b>	
<b>Resistencia</b>	<b>31,5</b>	<b>3,3</b>	<b>4,9</b>	<b>30,7</b>	<b>38,9</b>	<b>47,9</b>	<b>0,3</b>	<b>2,0</b>	<b>11,0</b>	<b>13,3</b>
		<b>0,2</b>	<b>1,0</b>	<b>4,3</b>		<b>3,6</b>	<b>3,9</b>	<b>3,1</b>	<b>5,0</b>	
<b>Elongación</b>	<b>8,0</b>	<b>38,1</b>	<b>1,0</b>	<b>35,4</b>	<b>74,5</b>	<b>20,7</b>	<b>0,3</b>	<b>2,2</b>	<b>2,4</b>	<b>4,9</b>
		<b>1,5</b>	<b>0,2</b>	<b>4,2</b>		<b>6,6</b>	<b>1,4</b>	<b>4,4</b>	<b>3,5</b>	
<b>Micronaire</b>	<b>4,49</b>	<b>5,6</b>	<b>31,2</b>	<b>38,1</b>	<b>74,9</b>	<b>17,7</b>	<b>0,0</b>	<b>1,2</b>	<b>6,2</b>	<b>7,4</b>
		<b>0,8</b>	<b>1,7</b>	<b>4,1</b>		<b>1,4</b>	<b>1,4</b>	<b>0,8</b>	<b>5,6</b>	

Donde: Y = año; L = localidad; YL = Interacción YxL; G = genotipo; GY = Interacción GxY; GL = Interacción GxL; GYL = Interacción GxYxL

## **4. OBJETIVOS**

### **4.1 OBJETIVO GENERAL**

Evaluar y obtener las fuentes de variación del análisis combinado de varianza (ANAVACOS) de los estudios de interacción genotipo por ambiente (GxA) de algodón en el Caribe colombiano, durante el periodo 2003/2004, 2007/2008 y 2009/2010.

### **4.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- a) Estimar la significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación del análisis combinado de varianza (ANAVACO) en los estudios de interacción GxA del rendimiento de algodón – semilla, porcentaje de fibra y rendimiento de fibra, en el Caribe Seco y Húmedo.
- b) Evaluar la significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación del análisis combinado de varianza (ANAVACO) en los estudios de la interacción GxA de los componentes del rendimiento de algodón – semilla en el Caribe Seco y Húmedo.
- c) Determinar la significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación del análisis combinado de varianza (ANAVACO) en los estudios de la interacción GxA para las propiedades de la fibra en el Caribe Seco y Húmedo.

## **5. HIPÓTESIS**

- a)** Las fuentes de variación asociadas al rendimiento de algodón – semilla, porcentaje de fibra y rendimiento de fibra, en el Caribe Seco y Húmedo presentan la misma significancia estadística e importancia en la variación en los análisis combinados de varianza (ANAVACOS).
- b)** Las fuentes de variación asociadas a los componentes del rendimiento de algodón, en el Caribe Seco y Húmedo presentan la misma significancia estadística e importancia en la variación en los análisis combinados de varianza (ANAVACOS).
- c)** Las fuentes de variación asociadas a la calidad de fibra de algodón, en el Caribe Seco y Húmedo presentan la misma significancia estadística e importancia en la variación en los análisis combinados de varianza (ANAVACOS).

## 6. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. **Acevedo, M., Reyes, E., Castrillo, W., Torres, O., Marín, C., Álvarez, R. & Torres, E. (2010).** Estabilidad fenotípica de arroz de riego en Venezuela utilizando los modelos LIN-BINNS y AMMI. *Agronomía tropical*, 60(2),131-138.
2. **Albuquerque, R. R. S. D., Cavalcanti, J. J. V., Farias, F. J. C., Queiroz, D. R., & Carvalho, L. P. D. (2020).** Estimates of genetic parameters for selection of colored cotton fiber. *Revista Caatinga*, 33(1), 253-259.
3. **Ali, I., Khan, N. U., Mohammad, F., Iqbal, M. A., Abbas, A., Farhatullah, Z. B., ... & Rahman, M. (2017).** Genotype by environment and GGE-biplot analyses for seed cotton yield in upland cotton. *Pak. J. Bot*, 49(6), 2273-2283.
4. **Ali, I., Khan, N. U., Rahman, M., Gul, R., Bibi, Z., Gul, S., & Haq, H. A. (2018).** Genotype by environment and biplot analyses for yield and fiber traits in upland cotton. *Intl. J. Agric. Biol*, 20(5), 1979-1990.
5. **Allard, R.; Bradshaw, A. (1964).** Implications of genotype-environment interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, 4(5), 503-508.
6. **Allard. L. W. (1999).** Principles of Plant Breeding. John Wiley y Sons. New York. 254p.
7. **Alves, R. S., Teodoro, P. E., Farias, F. C., Farias, F. J. C., de CARVALHO, L. P., Rodrigues, J. I. S. & De RESENDE, M. D. V. (2017).** Evaluation of genotype x environment interactions in cotton using the method proposed by Eberhart and Russell and reaction norm models. *Embrapa Florestas-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
8. **Aramendiz, H.; Espitia, M.; Agamez, A.; Cardona, C. Y Robles, J. (2007).** Estabilidad fenotípica de genotipos de algodón (*Gossypium hirsutum L.*). *Revista U.D.C.A Actualidad y divulgación científica*, 10(2),65–73.
9. **Bandera-Fernandez, E., & Pérez-Pelea, L. (2018).** Los modelos lineales generalizados mixtos. Su aplicación en el mejoramiento de plantas. *Cultivos Tropicales*, 39(1):127-133.
10. **Becker, H.; Leon, J. (1988).** Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*, 101(1), 1-23.

11. **Campbell, B. T., Chee, P. W., Lubbers, E., Bowman, D. T., Meredith, W. R., Johnson, J., & Fraser, D. E. (2011).** Genetic improvement of the Pee Dee cotton germplasm collection following seventy years of plant breeding. *Crop science*, 51(3), 955-968.
12. **Campbell, B. T., Chee, P. W., Lubbers, E., Bowman, D. T., Meredith, W. R., Johnson, J. & Jones, D. C. (2012).** Dissecting genotype× environment interactions and trait correlations present in the Pee Dee cotton germplasm collection following seventy years of plant breeding. *Crop science*, 52(2),690-699.
13. **Chaves, L. J. (2001).** Interação de genótipos com ambientes. *Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT*, 675-712.
14. **CONALGODON. (2017).** Indicadores del Cultivo del Algodón en Colombia: área, producción, rendimientos, número de agricultores, comercio exterior y empleo generado. Unidad de Estadística y Análisis Económico – CONALGODON. <http://conalgodon.com/> [Accedido 18-04-18]
15. **CONALGODON. (2018).** Indicadores del Cultivo del Algodón en Colombia: área, producción, rendimientos, número de agricultores, comercio exterior y empleo generado. Unidad de Estadística y Análisis Económico – CONALGODON. <http://conalgodon.com/> [Accedido 18-04-18]
16. **CONALGODON. (2019).** Indicadores del Cultivo del Algodón en Colombia: área, producción, rendimientos, número de agricultores, comercio exterior y empleo generado. Unidad de Estadística y Análisis Económico – CONALGODON. <http://conalgodon.com/> [Accedido 05-11-19]
17. **Cotrim, M. F., Farias, F. J. C., de Carvalho, L. P., Teodoro, L. P. R., Bhering, L. L., & Teodoro, P. E. (2019).** Environmental stratification in the brazilian cerrado on the yield and fiber quality of cotton genotypes. *Bioscience journal*, 35(5).
18. **Crossa, J., Vargas, M., Cossani, C. M., Alvarado, G., Burgueño, J., Mathews, K. L., & Reynolds, M. P. (2015).** Evaluation and interpretation of interactions. *Agronomy Journal*, 107(2):736-747.

19. **Damba, G. (2008).** Evaluación de métodos para análisis de estabilidad en diferentes ambientes en genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). *Trabajo de grado en fitomejoramiento. Palmira. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. pág, 16.*
20. **El-Seidy, E. H., Shaker, S. A., & El-Ganayny, H. A. (2017).** Evaluation of Some Egyptian Cotton Cultivars for Yield Constancy and Adaptability.
21. **Espitia Camacho, M. M., Araméndiz Tatis, H., & Mendoza Olivella, A. M. (1993).** Selección simultánea de genotipos de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) por altos rendimientos y estabilidad. *Revista ICA (Colombia), 28(3),227-234*
22. **Espitia, M., Aramendiz, H. Y Cadena, J. (2008).** Correlaciones y análisis de sendero en algodón (*Gossypium hirsutum* L.) en el Caribe colombiano. *Revista de la facultad nacional de agronomía, 61(1),4325-4335*
23. **FAO. (2018).** Datos sobre alimentación y agricultura. Recuperado el 18 de mayo de 2018, de <http://www.fao.org/faostat/es/#data>
24. **Farias, F. J. C., de CARVALHO, L. P., da SILVA FILHO, J. L., & Teodoro, P. E. (2016).** Correlations and path analysis among agronomic and technological traits of upland cotton. *Embrapa Algodão-Artigo em periódico indexado (ALICE).*
25. **Figuroa, O. B., Mercado, K. S. M., Pastrana, I. J., & Torres, J. C. (2018).** Introducción y desarrollo de variedades de algodón Upland en el sistema productivo colombiano: Una revisión. *Revista Ciencia y Agricultura, 15(1), 29-44.*
26. **FINAGRO. (2014).** Sistema de información sectorial. Algodón/Algodón en Colombia. <http://www.finagro.com.co> [Accedido 15-04-18]
27. **Gbur, E. E., Stroup, W. W., McCarter, K. S., Durham, S., Young, L. J., Christman, M., & Kramer, M. (2012).** Generalized linear mixed models. In *Analysis of generalized linear mixed models in the agricultural and natural resources sciences. American Society of Agronomy, 156, 109-184.*
28. **Greveniotis, V., & Sioki, E. (2017).** Genotype by environment interactions on cotton fiber traits and their implications on variety recommendation. *J. Agric. Stud, 5(2), 86-106.*

29. **Gul, S., Khan, N. U., Gul, R., Baloch, M., Latif, A., & Khan, I. A. (2016).** Genotype by environment and phenotypic adaptability studies for yield and fiber variables in upland cotton. *J. Anim. Plant Sci*, 26(3), 776-786.
30. **Li, T.; Raman, a.; Marcaida, M.; Kumar, A.; Angeles, O.; Radanielson, A. (2013).** Simulation of genotype performances across a larger number of environments for rice breeding using ORYZA2000. *Field Crops Research*, 149, 312–321.
31. **Mejía Salazar, Julián. (2014).** Evaluación de la interacción genotipo por ambiente para variedades transgénicas de algodón (*Gossypium hirsutum* L.). Trabajo de grado en fitomejoramiento. Universidad nacional de Colombia, posgrados facultad de ciencias agropecuarias palmira. pág, 16.
32. **Mejía-Salazar, J. R., Galeano-Mendoza, C. H., Burbano-Erazo, E., Vallejo-Cabrera, F. A., & Arango, M. (2020).** Interacción genotipo por ambiente de nueve variedades de algodón para los Valles interandinos en Colombia. *Agronomía Mesoamericana*, 31(1), 31-42.
33. **Meredith Jr, W. R., Boykin, D. L., Bourland, F. M., Caldwell, W. D., Campbell, B. T., Gannaway, J. R., & Zhang, J. (2012).** Genotype x environment interactions over seven years for yield, yield components, fiber quality, and gossypol traits in the regional high quality tests. *J Cotton Sci*, 16,160-9.
34. **Montenegro, A., Paz, J., & Fernández, P. (2008).** Evaluación de la calidad de fibra de algodón por parámetros tecnológicos y comerciales. *Idia XXI. Cultiv. Ind*, 8(10),141-144.
35. **Mukoyi, F., Gasura, E. y Makunde, GS (2018).** Implicaciones de las correlaciones y las interacciones genotipo por medio ambiente entre rasgos de algodón. *African Crop Science Journal* , 26 (2), 219-235.
36. **Nadeem, F., Khan, N. U., Khalid, S., Azam, S., Saeed, B., Jan, T., & Khan, M. R. (2018).** Genotype× environment interaction studies in F5 populations of upland cotton under agro-climatic condition of Peshawar. *Pure and Applied Biology (PAB)*, 7(3),973-991.
37. **Nandhini, K., Saraswathi, R., Premalatha, N., Sakthivel, N., & Kumaravadivel, N. (2019).** Assessment of G× E interaction for fibre quality traits in

recombinant inbred lines of cotton. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 8(6), 351-360.

38. **Riaz, M., Farooq, J., Ahmed, S., Amin, M., Chattha, W. S., Ayoub, M., & Kainth, R. A. (2019).** Stability analysis of different cotton genotypes under normal and water-deficit conditions. *J. Integr. Agric*, 18, 1257-1265.

39. **Ribeiro, L. P., Carvalho, L. P. D., Farias, F. J. C., Rodrigues, J. I. D. S., Teodoro, P. E., & Bhering, L. L. (2018).** Genetic gains in agronomic and technological traits of elite cotton genotypes. *Bragantia*, 77(3), 466-475.

40. **Rodríguez-González, R. E., Ponce-Medina, J. F., Rueda-Puente, E. O., Avendaño-Reyes, L., Paz Hernández, J. J., Santillano-Cazares, J., & Cruz-Villegas, M. (2011).** Interacción genotipo-ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de Mexicali, BC, México. *Tropical and subtropical agroecosystems*, 14(2), 543-558.

41. **Salim, H. S. A. (2018).** Assessment of Genotype by Environment Interaction and Phenotypic Stability Analyses of Yield and Fiber Quality of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) in Central Suda (Doctoral dissertation, University of Gezira).

42. **Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. SAGARPA. (2014).** Análisis de la cadena de valor en la producción de algodón en México. Informa final. pag. 60.

43. **Shahzad, K., Qi, T., Guo, L., Tang, H., Zhang, X., Wang, H., & Shahid Iqbal, M. (2019).** Adaptability and stability comparisons of inbred and hybrid cotton in yield and fiber quality traits. *Agronomy*, 9(9), 516.

44. **Sierra, M., Espitia, M And Cadena, J. (2017).** Correlación entre rendimiento, estabilidad fenotípica y métodos de selección simultánea en algodón. Universidad de Córdoba, *Revista TEMAS AGRARIOS*, 22(1), 21-30

45. **Sirisha, A. B. M., Lal Ahamed, M., Kuamr, P. R., Kumari, S. R., & Rao, V. S. (2018).** AMMI analysis for quality characters in upland cotton. *IJCS*, 6(3), 3050-3056.

46. **Teodoro, P. E., Farias, F. J. C., de Carvalho, L. P., Ribeiro, L. P., Nascimento, M., Azevedo, C. F., & Bhering, L. L. (2019).** Adaptability and Stability of Cotton Genotypes Regarding Fiber Yield and Quality Traits. *Crop Science*, 59(2), 518-424.
47. **Valencia, R. A., & Ligarreto, G. (2010).** Análisis de la interacción soya-cepa (*Bradyrhizobium japonicum*) por ambiente, en oxisoles de la orinoquia colombiana. *Agronomía Colombiana*, 28(3),361-371
48. **Vallejo, F. A. y Estrada, E. I. (2016).** Mejoramiento genético de plantas. Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira (UNAPAL), *FERIVA SA*. ISBN:958-8095-11-5. 185p, 225 – 227p.
49. **Yan, W; Kang, M. (2003).** GGE Biplot analysis: a graphical tool breeders, geneticists, and agronomist. CRC Press LLC, Boca Raton, FL, USA, 276 p.

**CAPÍTULO II: EVALUACIÓN DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN EN  
ALGODÓN PARA EL RENDIMIENTO DE ALGODÓN – SEMILLA,  
PORCENTAJE DE FIBRA Y RENDIMIENTO DE FIBRA, EN EL CARIBE  
SECO Y HÚMEDO COLOMBIANO.**

**CHAPTER II: EVALUATION OF THE VARIATION SOURCES IN COTTON  
FOR COTTON-SEED YIELD, FIBER PERCENTAGE AND FIBER YIELD IN  
THE DRY AND WET COLOMBIAN CARIBBEAN.**

## RESUMEN

El estudio de las fuentes de variación (FV) en los análisis combinados de varianzas (ANAVACO), relacionados con genotipos (G), ambientes (A) e interacción genotipo x ambiente (GxA), constituyen un problema importante para los fitomejoradores, especialmente cuando se quiere definir el número de ambientes óptimos para identificar y liberar cultivares de mayor rendimiento, adaptabilidad y estabilidad fenotípica en zonas productoras tropicales. El objetivo de este capítulo fue evaluar la significancia estadística y la importancia de las FV en las pruebas de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) en algodón para rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), porcentaje de fibra (POFIB) y rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe Seco (CS) y Húmedo (CH) colombiano. Se utilizaron los datos de cuatro PEAM, donde se evaluaron 10 genotipos de fibra media diferentes, empleando el diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Cada PEAM estuvo conformada por los resultados de cuatro ambientes representativos del CH y CS. Las PEAM se realizaron durante las cosechas 2003/2004(CH y CS), 2007/2008 (CS) y 2009/2010(CH). Para determinar la significancia estadística de las FV del ANAVACO se utilizó la prueba de F basada en cuadrados medios (CM) y la importancia de las FV se calculó ponderando en porcentaje la variación de A, G y GxA, sobre el total de la suma de cuadrados (SC) de estas FV. En promedio de las dos cosechas, la mayor parte de la variación de la SC para RENDAS en el CS estuvo asociada con el A que fue altamente significativo ( $p < 0,01$ ), representando en promedio el 90,1%, seguido de GxA con 7,4% y G con 2,6%, en el CH se presentó tendencia similar, con una explicación de la variación del A de 71,8%, seguido de GxA con 17,1% y G con 11,1%. En promedio la mayor parte de la variabilidad para POFIB en el CS, estuvo asociada con G que fue altamente significativo, con promedio de 74,5%, seguido del A con 18% también altamente significativo y 7,7% para GxA, en el CH el A expresó el 57,2% de la variación, seguido del G con 34,7% y la GxA con 8,1%, siendo las tres fuentes significativas ( $p < 0,05$ ). En promedio el mayor aporte a la SC del RENDIF en el CS estuvo dada por el A, el cual fue altamente significativo y explicó el 87,2% de la variación, seguido de GxA con 8,1% y del G con 4,7%, en CH el efecto del A también fue altamente significativo y respondió por el 64% de la variación de la SC, seguido del G con 18,1% y la GxA con 17,9%. Los resultados de las PEAM de algodón en el CH y

CS mostraron tendencia similar en la significancia estadística y en la explicación de la variación de la SC, sobresaliendo los efectos del A, como los más importantes, pero con valores más altos en CS. La variación debida al A tuvo más efecto en la expresión del RENDAS y RENDIF, por ello se sugiere aumentar el número de ambientes para las PEAM en el Caribe colombiano.

**Palabras clave:** Análisis combinado de varianza, Ambientes, Genotipos, GXA, significancia estadística, suma de cuadrados.

## ABSTRACT

The study of the variation source (SV) in the combined analysis of variances (VAANACO), related with genotypes (G), environments (E) and genotype interaction x environment (GxE), establish an important problem for the plant breeders especially when you wants to definite the number of optimum environments to identify and liberate cultivars with higher yield, adaptability phenotypic stability in tropical producing areas. The objective of this chapter was evaluate the statistical significance and the importance of the SV in the multi-environment agronomic evaluation tests (MAET) in cotton, for cotton yield - seeds (SEYIC), fiber percentage (PERF) and fiber yield in the dry and wet Colombian Caribbean (DC) (WC). It used the data of four MAET where they were evaluated ten different medium fiber genotypes, using complete blocks design at random with four repetitions. Every MAET was formed by the results of four representative environment of the producing areas of the WC and DC. The MAET was made during the harvests 2003/2004(WC) and (DC), 2007/2008 (DC) and 2009/2010 (WC). to determinate the statistical significance of SV of the VAANACO used the test of S based on middle squares (MS) and the importance of SV was calculated weighing the percentage of the variation of E, G and GxE, over the total sum of squares (SS) of these SV. On overage of two harvests, most of the variation in the SS for SEYIC in the DC was associated with E, that was highly significant ( $p < 0,01$ ) represented on overage the 90,1 % followed by GxE with 7,4% and G with 2,6%, the WC presented similar trend with an explanation of the variation to the E of 71,8%, followed by GxE with 17,1% and G with 11,1%. On overage most of the variability for PERF in the DC was associated with G that was highly significant, with overage of 74,5%, followed by the E with 18% also highly significant and 7,7% for Gx E in the WC the E expressed the 57,2% of the variation followed by the G with 34,7% and the GxE with 8,1% being the three significative sources ( $p < 0,05$ ). On overage the greatest contribution to the SS of FIYI in the DC was given by E, which was highly significant and explained the 87, 2% of the variation, followed by GxE with 17,9%. The results of the MAET of cotton and the WC and DC showed similar trend in the statistical significance and the explanation of the variation of the SS, standing out the effects of the E as the most important, but with higher values in DC. The variation due to E had more effect in the expression of the SEYIC and

FIYI, thus it is suggested to increase the number of environments for the MAET in the Colombian Caribbean.

**Keywords:** Combined variance analysis, environments, genotypes, GxE, statistical significance, sum of squares.

## 1. INTRODUCCIÓN

El algodón es la especie más importante para la producción de fibra en todo el mundo, utilizada en la fabricación de tejidos, textiles y confecciones. Teniendo en cuenta que el rendimiento de algodón semilla, porcentaje de fibra y rendimiento de fibra son las características de interés económico más importantes para el cultivo. Estas características son de complejidad genética, que dependen de un gran número de factores y de sus interacciones, por lo tanto, para que un cultivar logre tener éxito comercial, debe tener un mejor rendimiento en toda la gama de ambientes (Nadeem et al. 2018).

Debido a la alta variación en cuanto a suelos, clima y manejo agronómico entre localidades productoras, los cultivares expresan un comportamiento diferencial que se atribuye en consecuencia a los efectos de la interacción GxA (Dewdar 2013). Entre las principales limitantes que la interacción GxA plantea a un programa de mejora genética, se destaca que genera cambios en la clasificación o rango de los genotipos entre los ambientes, enmascara la expresión del carácter de interés, disminuye la correlación entre los valores fenotípicos y genotípicos, reducen el progreso de la selección y finalmente, dificulta la labor de selección y posterior recomendación de los genotipos para una o varias localidades (Abate et al. 2015; Vargas et al. 2016).

Vallejo y Estrada (2016), afirman que la interacción GxA obliga a los fitomejoradores a considerar la estabilidad o adaptabilidad de los materiales y al encontrar una interacción GxA relevante, se deben enfocar esfuerzos para conocer las causas de esa interacción a fin de hacer una predicción precisa del comportamiento de un determinado genotipo bajo una variedad de ambientes.

El cultivo de algodón en el Caribe colombiano presenta un factor ambiental que delimita a los departamentos, puesto que se diversifican en bosque seco tropical, representada por; Atlántico, La Guajira, Cesar y Magdalena, caracterizada por un ambiente muy seco y precipitaciones escasas y el bosque húmedo tropical, representada por los departamentos; Córdoba, Sucre y Bolívar, con precipitaciones que superan los 750 mm anuales (PBA, 2010; Dictyt 2011). Sin embargo, con el tiempo los cultivos de algodón se establecieron en lo que se conoce hoy como zonas algodonerías y congruente a lo planteado, se les exige cada vez más a las variedades cultivadas.

Según Meredith et al. (2012), durante los últimos 50 años, se produjeron pocos cambios en los componentes de varianza A, G y GxA. Sin embargo, Araméndiz et al. (2007), sugiere que se debe realizar experimentos en ambientes divergentes, en razón a que los productores realizan sus cultivos en condiciones muy complejas, con un gran efecto ambiental en la expresión del genotipo y cambios en la expresión del fenotipo.

El análisis de las fuentes de variación en estudios de interacción de GxA en el algodón, es necesario para que a los genotipos promisorios que se evalúan se les estime el potencial de rendimiento de algodón – semilla, porcentaje de fibra y rendimiento de fibra en diferentes ofertas ambientales y de manejo agronómico, eso presenta una ventaja para los agricultores, ya que así se podrá realizar recomendaciones de genotipos que serán mucho más precisas a esas condiciones impredecibles y acordes a las particularidades, necesidades, requerimientos y condiciones de los productores y de las zonas productoras del Caribe colombiano.

A pesar de que en distintos países del mundo y en Colombia se han realizado estudios en el cultivo del algodón para variables de rendimiento con el fin determinar la significancia estadística de las fuentes de variación del análisis combinado de varianza (ANAVACO) y estudios de adaptabilidad y estabilidad fenotípica, para identificar, zonificar, recomendar y liberar comercialmente los nuevos genotipos para las sub-zonas productoras: Sierra et al. (2017); Salim (2018); Sirisha et al. (2018); De Teodoro et al. (2019); El-Seidy et al. (2017); Ali et al. (2018); Nadeem et al. (2018); Shahzad et al. (2019); Greveniotis y Sioki (2017); Nandhini et al. (2019); Mejía et al. (2020); Riaz et al. (2019); Ali et al. (2017); Alves et al. (2017); no se han reportado y comparado los resultados obtenidos para determinar la importancia de las sumas de cuadrados de las fuentes de variación de los ANAVACO en los estudios de interacción GxA para las principales características agronómicas de rendimiento en algodón en el Caribe seco y húmedo colombiano.

De acuerdo con el planteamiento anterior, el presente capítulo tuvo como objetivo; evaluar la significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación en las pruebas de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), porcentaje de fibra (POFIB) y rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe colombiano.

## 2. MATERIALES Y METODOS

### 2.1. LOCALIZACIÓN

Para el presente estudio se utilizaron cuatro conjuntos de datos, obtenidos de la evaluación de 10 genotipos diferentes de fibra media en cuatro ambientes representativos de las zonas productoras del Caribe húmedo y Caribe seco colombiano, realizados durante las cosechas algodoneras 2003/2004, 2007/2008 y 2009/2010 (Tabla 5). Las Tablas 6 y 7 presentan las localidades o ambientes del Caribe húmedo y seco, donde estuvieron sembradas las pruebas de evaluación agronómica.

**Tabla 5.** Años de evaluación agronómica de las fuentes de variación de los análisis combinados de varianza en el Caribe colombiano.

Periodo	Caribe seco	Caribe húmedo
2003/2004	10G-4A-4R	10G-4A-4R
2007/2008	10G-4A-4R	
2009/2010		10G-6A-4R

**G:** Genotipos, **A:** Ambiente, **R:** Repeticiones

**Tabla 6.** Localidades del Caribe húmedo durante el año 2003/2004 y 2009/2010 para la evaluación GxA.

No.	Localidad	Departamento	Año de cosecha	Temperatura media (°C)	Precipitación (mm)	ASNМ (m)	Fertilidad de suelos
1	Cereté (Retiro de los indios)	Córdoba	2003/2004	28	1300	20	media
2	San Pelayo (Corocito)	Córdoba	2003/2004	27	1500	20	media
3	Cotorra (La Culebra)	Córdoba	2003/2004	27	1500	20	media
4	Aguachica	Cesar	2003/2004	27.7	1456	220	media
1	Cereté - Retiro de los indios 1	Córdoba	2009/2010	28	1300	20	media
2	Cereté - Manguelito 1	Córdoba	2009/2010	27	1220	12	media
3	Km 3 vía Cerete – Ciénaga de Oro	Córdoba	2009/2010	27	1220	12	media
4	Ciénaga de oro – Malagana	Córdoba	2009/2010	27	1220	33	media
5	Cereté - Retiro de los indios 2	Córdoba	2009/2010	28	1300	20	media
6	Cereté - Manguelito 2	Córdoba	2009/2010	27	1220	12	media

**Tabla 7.** Localidades del Caribe seco durante el año 2003/2004 y 2007/2008 para la evaluación GxA.

No.	Localidad	Departamento	Año de cosecha	Temperatura media (°C)	Precipitación (mm)	ASNM (m)	Fertilidad De Suelos
1	Riohacha (Maicao)	Guajira	2003/2004	28.2	621	53	Baja
2	El Copey	Cesar	2003/2004	27,5	1369	80	Baja
3	Codazzi (Motilonia)	Cesar	2003/2004	28.8	1605	180	Media
4	San Juan del Cesar	Guajira	2003/2004	29.5	1100	250	Baja
1	Riohacha (Maicao)	Guajira	2007/2008	28.2	621	53	Baja
2	Codazzi (Motilonia)	Cesar	2007/2008	28.8	1605	180	Media
3	San Juan del Cesar	Guajira	2007/2008	29.5	1100	250	Baja
4	Valledupar	Cesar	2007/2008	28.1	961	138	Media

## 2.2 PROCEDIMIENTO

Para el objetivo del presente estudio, cada conjunto de datos se originó de los resultados obtenidos de cuatro pruebas de evaluación agronómica multiambientes (PEAM). En cada PEAM, se sembraron cuatro ensayos de evaluación de 10 genotipos diferentes de fibra media comprendidas por cuatro ambientes de las zonas productoras del Caribe húmedo en 2003/2004, seis ambientes del Caribe húmedo en 2009/2010 y cuatro ambientes en los años 2003/2004 y 2007/2008 del Caribe seco colombiano (Tabla 5).

## 2.3 VARIABLES

**2.3.1 Variables independientes.** En cada PEAM, se evaluaron 10 genotipos de algodón diferentes de fibra media, conformados por siete líneas promisorias en las cosechas 2003/2004 y ocho líneas promisorias de algodón en las cosechas 2007/2008 y 2009/2010 para el Caribe seco y húmedo respectivamente, obtenidas por el Programa de Mejoramiento genético de Algodón de CORPOICA en el CI Motilonia y Turipaná y dos variedades comerciales nacionales y una internacional en las cosechas 2003/2004 y una variedad comercial nacional y una internacional en las cosechas 2007/2008 y 2009/2010 para el Caribe seco y húmedo respectivamente, empleadas como testigo, por su buena adaptación, rendimiento, calidad de fibra y aceptada comercialmente por los productores (Tabla 8).

**Tabla 8.** Genotipos evaluados para el Caribe húmedo y seco durante las cosechas 2003/2004, 2007/2008 y 2009/2010.

Nº	CARIBE HUMEDO Y SECO 2003/2004	CARIBE SECO 2007/2008	CARIBE HUMEDO 2009/2010	Características
1	LC-149	L-Cer 0014	LC.159	Línea promisorias de fibra media
2	LC-151	L-Cer 0016	LC.160	Línea promisorias de fibra media
3	LC-153	L-Cer 0034	LC164	Línea promisorias de fibra media
4	LT-1	L-Cer 0044	LC.165	Línea promisorias de fibra media
5	LT-2	SEL-ORO BLANCO	LC.166	Línea promisorias de fibra media
6	LT-3	L-Cer 0060	LC.168	Línea promisorias de fibra media
7	LT-4	L-Cer 0007	LC.169	Línea promisorias de fibra media
8	CM-123	L-Cer 0046	LC.158	Línea promisorias de fibra media
9	SM-137	SINUANA M – 137	ORO B.M 151	Variedad Colombiana de fibra media (Testigo)
10	DP-opal	Nuopal	DELTAOPAL	Variedad Americana de fibra media

Los genotipos resaltados en gris corresponden a las variedades testigos.

**2.3.2 Diseño Experimental:** De acuerdo a los datos de origen, las PEAM fueron establecidas bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con 10 genotipos diferentes y cuatro repeticiones, conforme lo exige la resolución ICA No. 00148 del 18

enero de 2005. Cada ensayo de evaluación en cada PEAM, tuvo un proceso de aleatorización diferente de los 10 genotipos en las unidades experimentales de cada bloque. El tamaño de parcela o unidad experimental (UE) fue de seis surcos de 10 m de longitud, separados a una distancia de 0,9 m (separación entre plantas de 0.2 m), con un área experimental por prueba de 2.332 m<sup>2</sup>.

**2.3.3. Variables dependientes.** Se dispuso de la base de datos creada y mencionadas anteriormente (Tabla 5), con los cuales se realizó el análisis combinado de varianza (ANAVACO), con genotipos como efectos fijos y ambientes como efectos aleatorios para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), porcentaje de fibra (POFIB) y rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe seco y húmedo.

A continuación, se describe como se estimaron cada una de las variables consideradas para este capítulo:

1. **Rendimiento de algodón - semilla – RENDAS (Kg.ha<sup>-1</sup>):** Es el peso en kilogramos por hectárea de la producción de algodón – semilla, recolectado en los dos (2) surcos centrales de cada UE.
2. **Rendimiento de fibra – RENDIF (Kg ha<sup>-1</sup>):** Es el peso en kilogramos por hectárea de la fibra de algodón recolectado en los dos (2) surcos centrales de cada UE. El valor de esta variable se obtiene mediante el producto del rendimiento de algodón – semilla x porcentaje de fibra/100 para cada genotipo.
3. **Porcentaje de fibra – POFIB (%):** Es la relación expresada en porcentaje, después del desmote experimental, entre el peso de una muestra de fibra de algodón y el peso de la misma cantidad con la semilla. Generalmente producto de 50 motas de algodón con semillas cosechadas al azar en cada UE.

## **2.4. ANÁLISIS ESTADÍSTICOS DE LOS DATOS**

Los datos de campo obtenidos en cada ensayo de cada PEAM, en el Caribe seco y húmedo en las cosechas mencionadas en la Tabla 5, se almacenaron en un archivo de Excel para cada ambiente y luego se creó un archivo combinado con los datos de los cuatro ambientes, correspondientes a cada PEAM y posteriormente se realizó un ANAVACO, asumiendo un modelo mixto, con genotipos como efectos fijos y ambientes como efectos aleatorios.

La significancia estadística de cada fuente de variación del ANAVACO para cada variable dependiente de interés, se realizó a través de la relación estadística de los cuadrados medios (CM) mediante la prueba F y para determinar la importancia de las fuentes de variación, se hizo la ponderación en porcentaje de las sumas de cuadrados (SC), tal como se señala en la Tabla 9. El modelo estadístico del análisis combinado ANAVACO, es el siguiente:

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

Dónde:  $k$  = Efecto del  $i$ -ésimo genotipo, en el ambiente y en la  $k$ -ésima repetición;  $\mu$  = media general,  $A_j$  = es el efecto del  $j$ -ésimo ambiente;  $R_{k(j)}$  = efecto de la  $k$ -ésima repetición en el  $j$ -ésimo ambiente;  $G_i$  = efecto del  $i$ -ésimo genotipo,  $(GA)_{ij}$  = es el efecto de la interacción del  $i$ -ésimo genotipo por el  $j$ -ésimo ambiente,  $\varepsilon_{ij}$  = error aleatorio, con los supuestos usuales  $\varepsilon_{ij} \sim NI(0, \sigma^2)$ .

**Tabla 9.** Análisis de varianza combinado esperado para la interacción GxA

<b>Fuentes de variación (FV)</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>E(CM)</b>	<b>Prueba F</b>	<b>Importancia FV (%)</b>
Ambientes (A)	(a-1)	SC <sub>a</sub>	CM <sub>a</sub>	$\sigma^2_e + g \sigma^2_b + gr \sigma^2_a$	CM <sub>a</sub> / CM <sub>b</sub>	(SC <sub>a</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Repeticiones (b)/A	a (r-1)	SC <sub>b</sub>	CM <sub>b</sub>	$\sigma^2_e + r \sigma^2_b$		(SC <sub>b</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Genotipos (G)	(g-1)	SC <sub>g</sub>	CM <sub>g</sub>	$\sigma^2_e + \sigma^2_{ga} + ar/(g-1)\Sigma(g_i - \bar{g})^2$	CM <sub>g</sub> / CM <sub>ga</sub>	(SC <sub>g</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Interacción (GxA)	(g-1)(a-1)	SC <sub>ga</sub>	CM <sub>ga</sub>	$\sigma^2_e + r \sigma^2_{ga}$	CM <sub>ga</sub> / CM <sub>e</sub>	(SC <sub>ga</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Error (e)	a(g-1)(r-1)	SC <sub>e</sub>	CM <sub>e</sub>	$\sigma^2_e$	CM <sub>e</sub>	(SC <sub>e</sub> / SC <sub>t</sub> ) *100
Total (t)	(agr-1)	SC <sub>t</sub>				

Donde: **a** = ambientes; **r** = repeticiones; **g** = genotipos; **GL** = Grados de libertad; **SC** = Suma de cuadrados; **CM** = Cuadrado medios; **E(CM)**=Cuadrados medios esperados; **SC<sub>t</sub>** = SC<sub>(A+G+GxA)</sub>;  $\sigma^2_e$  = Varianza del error;  $\sigma^2_b$  = Varianza de la repetición;  $\sigma^2_a$  = Varianza ambiental;  $\sigma^2_{ga}$  = Varianza de la interacción GxA;  $ar/(g-1)\Sigma(g_i - \bar{g})^2$  = Varianza genética.

La significancia estadística de las F, se realizó mediante la comparación con los valores de F de tabla con sus respectivos grados de libertad y niveles del 5% o 1% de probabilidad (Tabla 9).

La regla de decisión es la siguiente: Sí  $F_c \geq F_{\text{tabla}}$ : Entonces, existe diferencia estadística al 5% o al 1%, y sí  $F_c < F_{\text{tabla}}$ : Entonces, No existe diferencia estadística para la respectiva fuente de variación.

Todos los análisis estadísticos se realizarán utilizando el programa computacional GENES versión Windows (2014.6.1), desarrollado por Cruz (2016).

### 3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### 3.1. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA EL RENDIMIENTO DE ALGODÓN – SEMILLA (RENDAS), PORCENTAJE DE FIBRA (POFIB) Y RENDIMIENTO DE FIBRA (RENDIF), EN EL CARIBE SECO.

**3.1.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS).** El análisis de varianza combinado para RENDAS, se presenta en la tabla 10. El coeficiente de variación (CV) expresado en porcentaje (%) presentó una amplitud de variación de 18,0% para la cosecha 2003/2004 y de 24,8% para la cosecha 2007/2008, respectivamente. Los rangos de estos CV's son semejantes a lo reportado por De Carvalho et al. (2015a); Gul et al. (2014); Farias et al. (2016); Mejía et al. (2020) y son un indicativo de que en la cosecha 2003/2004, hubo un mayor control del error experimental y mayor eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación, comparada con la cosecha 2007/2008, RENDAS es un carácter de baja heredabilidad que actúa de forma poligénica, afectado por los efectos ambientales que influyen en el valor fenotípico que se refleja en la precisión experimental. La media general por cosecha fue de: 2.382,5 Kg.ha<sup>-1</sup> (2003/2004) y 3.225,7 Kg.ha<sup>-1</sup> (2007/2008), ello resalta un aumento del 35% aproximadamente de una cosecha a otra, posiblemente por una mejor oferta ambiental en la cosecha 2007/2008 como suelos, precipitación y manejo agronómico, para que los cultivares expresaran su potencial genético de rendimiento.

La significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación de interés en RENDAS, presentaron una tendencia en su comportamiento muy similar en las dos cosechas. Los CM sólo presentaron diferencias altamente significativas ( $p > 0,01$ ) entre A en ambas cosechas. Sin embargo, no hubo significancia estadística de G y GxA, esto sugiere que los G presentaron respuesta promedio similar y que su clasificación no cambió por efecto de las variaciones ambientales, los ambientes resultaron contrastantes por los efectos del trópico, dado que son impredecibles los factores bióticos y abióticos, representados en el Caribe seco por condiciones: de suelos de baja fertilidad, poca precipitación y otros factores como temperatura, humedad relativa, radiación, manejo del suelo, plagas y enfermedades, lo que ocasiona que no se permitan detectar diferencias

entre los genotipos y no concuerda con trabajos previos de Albuquerque et al. (2020), quienes explican que RENDAS no es significativo para A y es altamente significativo para G y GxA.

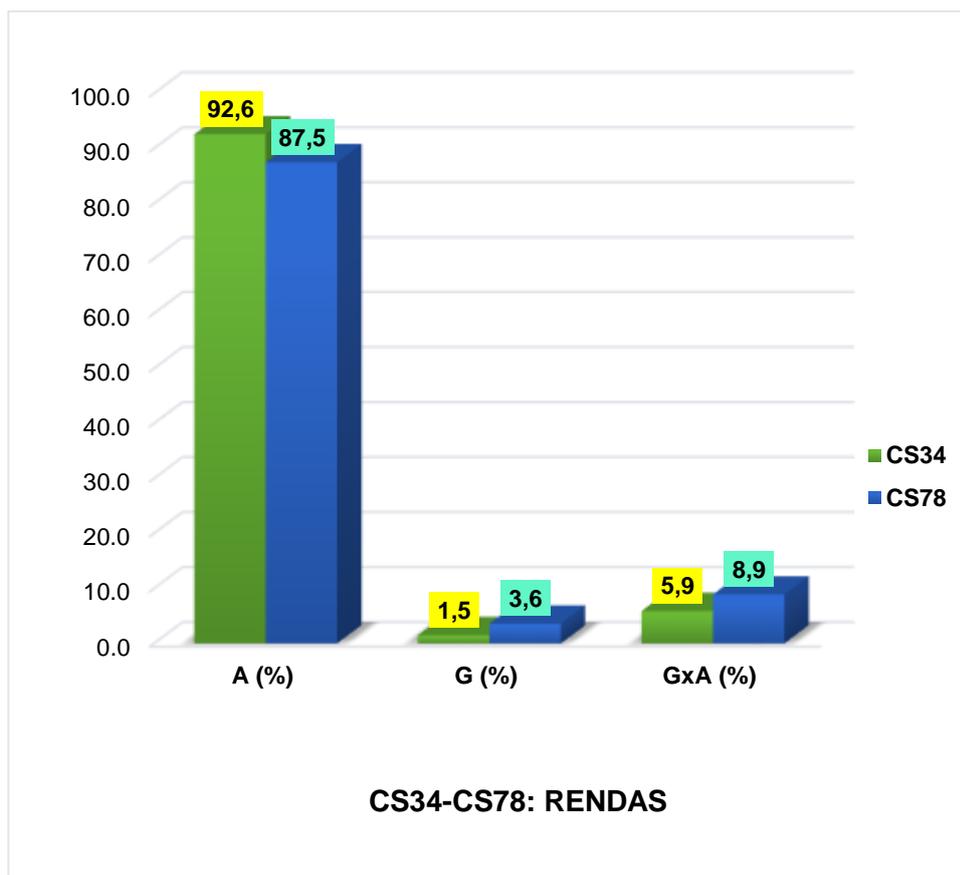
El análisis de la participación de las fuentes de variación más importantes (A, G y GxA) en la suma de cuadrado (SC) para RENDAS, se puede observar en la tabla 10 y figura 2), con una contribución del A, con valores de 92,6% (2003/2004) y 87,5% (2007/2008). En orden de magnitud le siguió la GxA con 5,9% y 8,9%, para las cosechas 2003/2004 y 2007/2008, respectivamente. La fuente de variación G fue quién menos contribuyó a explicar la variación de la SC, con 1,5% (2003/2004) y 3,6% (2007/2008). Según Abd El-Moghny y Mariz, (2015) esto se explica debido a que la relación entre la varianza genotípica y la varianza fenotípica total y los valores de heredabilidad en sentido amplio para RENDAS son bajos, lo que refleja el gran efecto de los ambientes sobre los caracteres cuantitativos. Para Damba (2008); Vallejo y Estrada (2016) y Mejía (2014), es posible explicar los resultados de ambientes contrastantes cuando la sequía o las zonas de lluvias superan los niveles óptimos, pero ello conlleva a la identificación de genotipos superiores, con adaptación a condiciones adversas, pero no de genotipos con los mejores potenciales agronómicos, estos resultados coinciden con Meredith (2003); Campbell et al. (2011); Gul et al. (2014); Cotrim et al. (2019); Mukoyi et al. (2018), los cuales sostienen que el A presenta la participación más alta y difiere de lo reportado por Blanche et al. (2006), que sostiene que el G presenta la partición más alta.

**Tabla 10.** Análisis de varianza combinado para el rendimiento de algodón – Semilla (RENDAS) para el Caribe Seco Colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.

(RENDAS)		Caribe Seco 2003-2004		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	7243102,4		
GENOTIPOS (G)	9	1776972,1	197441,3 ns	1,5
AMBIENTES (A)	3	112388331,6	37462777,2**	92,6
GxA	27	7165581,8	265391,9 ns	5,9
ERROR COMBINADO	108	19852406,2		
TOTAL	159	148426394,0		
<b>Media (Kg.ha-1)</b>		<b>2382,5</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>18,0</b>		
(RENDAS)		Caribe Seco 2007-2008		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	10206087,5		
GENOTIPOS (G)	9	5516494,3	612943,8 ns	3,6
AMBIENTES (A)	3	132523516,1	44174505,4**	87,5
GxA	27	13470710,5	498915,2 ns	8,9
ERROR COMBINADO	108	69248124,1		
TOTAL	159	230964932,4		
<b>Media (Kg.ha-1)</b>		<b>3225,7</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>24,8</b>		

FV = fuente de variación; GL = grados de libertad; SC = suma de cuadrados; CM = cuadrados medios; %SC = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; ns = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; CV(%) = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 2, se puede observar la importancia de las fuentes de variación (A, G y GxA) en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe seco para RENDAS. Los valores extremos correspondieron a las fuentes de variación A y G, el ambiente con la participación más alta y el genotipo con la participación más baja.



**Figura 2.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).

**3.1.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el porcentaje de fibra (POFIB).** El análisis de varianza combinado para POFIB, se presenta en la Tabla 11. El CV (%) registró valores de 2,2% para la cosecha 2003/2004 y de 3,7% para la cosecha 2007/2008, respectivamente. Estos CV (%) resultaron similares a los reportados por De Carvalho et al. (2015b); Gul et al. (2016); Farias et al. (2016) y Mejia et al. (2020), para las dos cosechas e indican a su vez que para la cosecha 2003/2004, hubo ligeramente mayor control del error y mayor eficiencia de la técnica experimental utilizada en la investigación, comparada con la cosecha 2007/2008, POFIB es un carácter con alta heredabilidad que actúa de forma poligénica, pero está controlado por menos genes que los que controlan el rendimiento y tiene una poca influencia el ambiente, como consecuencia de que los genotipos pueden expresar su potencial (Damba, 2008); (Shaha et al. 2014); (Campbell, Dever, Hugie y Kelly, 2018). La media para las cosechas presenta valores de 40,3% (2003/2004) y 43,2% (2007/2008), ello sugiere un aumento en tres puntos para el rendimiento en desmote de una cosecha a otra, debido al peso de las semillas, ya que semillas menos pesadas permiten un mayor porcentaje de fibra. Zeng y Meredith (2009) encontraron en sus estudios una correlación genotípica entre peso de la semilla y porcentaje de fibra de (-0,76), esta alta correlación negativa implica una alta relación compensatoria entre estos dos componentes de rendimiento en la selección.

Los CM presentaron diferencia altamente significativa ( $p > 0,01$ ) entre A y G en ambas cosechas, esto indica que los G presentaron respuesta promedio diferente. En este sentido, Gul et al. (2016), argumentan la existencia de divergencia genética, dado que los genotipos provienen de cruzamientos diferentes y varían de una cosecha a otra, sin embargo, no hubo diferencia significativa en la interacción GxA, lo cual sugiere que el comportamiento de los genotipos no cambio su clasificación por efecto de las variaciones ambientales y es explicado por la amortiguación individual de los genotipos a las oscilaciones ambientales, ya que al provenir de cruzamientos diferentes poseen alta variabilidad genética entre si y la clasificación no se ve afectada por las condiciones adversas; la respuesta de A indica que en los promedios de los ambientes donde se realizaron las evaluaciones, por lo menos uno de los ambientes fue diferente, por factores como suelos, precipitación, manejo, etc, estos resultados concuerdan con Mejía (2014);

De Carvalho et al. (2015b), Farias et al. (2016); demuestra que GxA para POFIB no es significativo y difieren de Ibrahim et al. (2014), De Carvalho et al. (2015a); Ali et al. (2018); Dewdar et al. (2013); Ribeiro et al. (2018); los cuales argumentaron que GxA para POFIB es significativo.

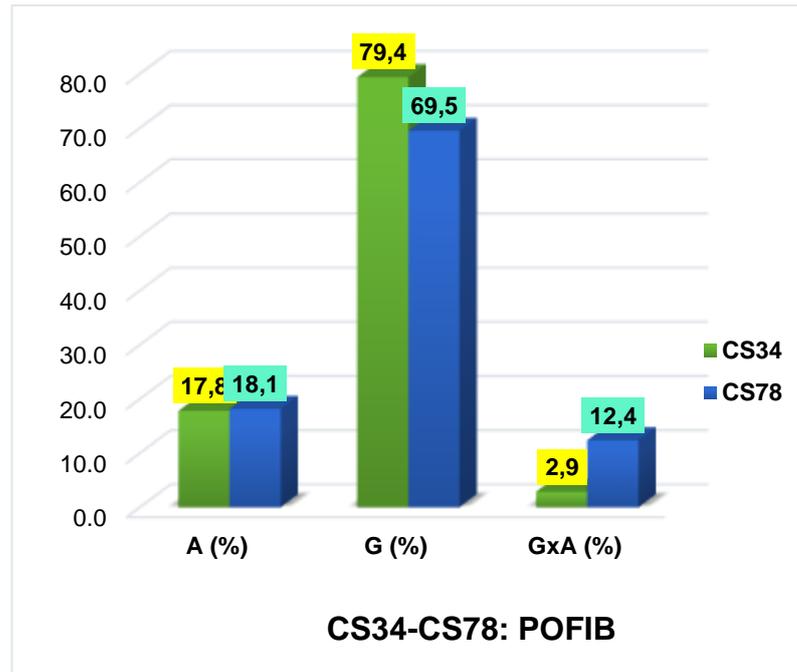
Un análisis de las fuentes de variación A, G y GxA en la SC para POFIB, con respecto a la variación fenotípica (Tabla 11 y Figura 3) acusa su mayor contribución del G, con valores de 79,4% (2003/2004) y 69,5% (2007/2008). En orden de magnitud le siguió el A con 17,8% y 18,1%, para las cosechas 2003/2004 y 2007/2008 respectivamente. La fuente de variación GxA fue quien menos contribuyó a explicar la variación de la SC, con 2,9% (2003/2004) y 12,4% (2007/2008). Gul et al. (2016); Abd El-Moghny y Mariz (2015) analizan este comportamiento por la divergencia genética de los genotipos y la correlación entre fenotipo y genotipo junto a los valores de heredabilidad para POFIB, lo que origina una mayor variación del G, estos resultados coinciden con Campbell y Jones (2005); Blanche et al. (2006); Ribeiro et al. (2018); Albuquerque et al. (2020), al reportar en sus estudios que la fuente de variación G presenta mayor participación en POFIB, y difiere de Meredith (2003); Campbell et al. (2011); Mejía (2014), dado que ellos encontraron que la fuente de variación A presenta mayor participación en el POFIB.

**Tabla 11.** Análisis de varianza combinado para el porcentaje de fibra (POFIB) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.

<b>(POFIB)</b>		<b>Caribe Seco 2003-2004</b>			
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>	
BLOQUES	12	8,3			
GENOTIPOS (G)	9	878,9	97,7**	79,4	
AMBIENTES (A)	3	196,8	65,6**	17,8	
GxA	27	31,7	1,2 ns	2,9	
ERROR COMBINADO	108	84,3			
TOTAL	159	1200,1			
<b>Media (%)</b>		<b>40,3</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>2,2</b>			
<b>(POFIB)</b>		<b>Caribe Seco 2007-2008</b>			
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>	
BLOQUES	12	54,4			
GENOTIPOS (G)	9	465,2	51,7**	69,5	
AMBIENTES (A)	3	121,5	40,5**	18,1	
GxA	27	82,9	3,1 ns	12,4	
ERROR COMBINADO	108	280,1			
TOTAL	159	1004,1			
<b>Media (%)</b>		<b>43,2</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>3,7</b>			

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV (%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 3, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de la fuente de variación (A, G y GxA) en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe seco para POFIB. Los valores extremos los originaron las fuentes de variación G y GxA, mostrando el genotipo la participación más alta y la interacción GxA la participación más baja.



**Figura 3.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para el porcentaje de fibra (POFIB), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).

**3.1.3. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el rendimiento de fibra (RENDIF).** El análisis de varianza combinado para RENDIF, se presenta en la Tabla 12. El CV (%) presentó valores de 17,5% para la cosecha 2003/2004 y de 27,1% para la cosecha 2007/2008, respectivamente. Los rangos de estos CV's son similares a lo reportado por Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011) y sugieren que hubo mayor control del error y eficiencia de la técnica experimental utilizada en 2003/2004, comparada con la cosecha 2007/2008. RENDIF es un carácter que actúa de forma poligénica y es el resultado de la combinación de POFIB y RENDAS, recibiendo casi todo el efecto del rendimiento de algodón – semilla, de manera que RENDAS y RENDIF terminan siendo muy similares.

Los CM presentaron diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) entre A en ambas cosechas, y diferencia significativa ( $p < 0,05$ ) para el G en la cosecha 2003/2004. Sin embargo, no hubo diferencia significativa para la fuente de variación GxA y se explica por la capacidad de amortiguación individual de los genotipos de amortiguar las oscilaciones ambientales y su clasificación no se ve afectada por las condiciones adversas

del Caribe seco, esto se contrapone a los resultados de Mejia (2014); Nadeem et al. (2018); Mukoyi et al. (2018); Ribeiro et al. (2018), quienes sostienen que RENDIF es significativo para GxA.

Estos resultados muestran ligeras diferencias entre RENDAS y RENDIF, con tendencia en su comportamiento muy similar entre ellas en las dos cosechas. Esto sugiere que RENDAS y RENDIF se están comportando como caracteres cuantitativos altamente poligénicos, según Espitia et al. (2008); Nawaz, Sattar y Malik (2019); Gul et al. (2016); Farias et al. (2016); Queiroz et al. (2019), se espera que exista una asociación significativa y positiva entre estas dos variables, por su alta correlación fenotípica y genética (0.8-1.00), lo cual a su vez permite que el análisis de contribución fenotípica (SC) y significancia de fuentes de variación (CM), resultan ser similares.

**Tabla 12.** Análisis de varianza combinado para el rendimiento de fibra (RENDIF) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.

(RENDIF)		Caribe Seco 2003-2004		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	1150910,4		
GENOTIPOS (G)	9	808571,1	89841,2*	4,3
AMBIENTES (A)	3	16902083,0	5634027,7**	90,0
GxA	27	1064998,4	39444,4 ns	5,7
ERROR COMBINADO	108	3033575,2		
TOTAL	159	22960138,0		
<b>Media (Kg.ha-1)</b>		<b>956,6</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>17,5</b>		

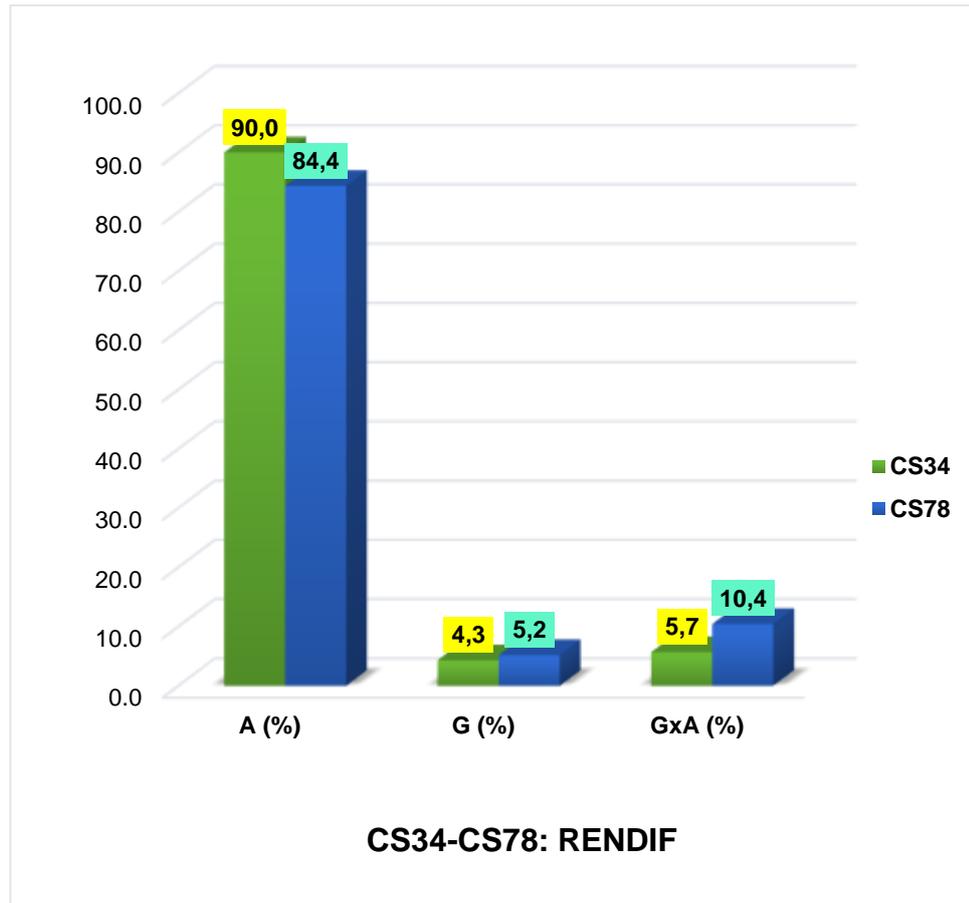
  

(RENDIF)		Caribe Seco 2007-2008 (RENDIF)		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	2149627,6		
GENOTIPOS (G)	9	1485197,0	165021,9 ns	5,2
AMBIENTES (A)	3	24277398,9	8092466,3**	84,4
GxA	27	3001066,9	111150,6 ns	10,4
ERROR COMBINADO	108	15490286,2		
TOTAL	159	46403576,6		
<b>Media (Kg.ha-1)</b>		<b>1395,6</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>27,1</b>		

FV = fuente de variación; GL = grados de libertad; SC = suma de cuadrados; CM = cuadrados medios; %SC = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; ns = No significativo; \* = significancia al 5% p>0,05 en la prueba de F; \*\* = significativo al 1% p>0,01 en la prueba de F; CV (%) = coeficiente de variación en porcentaje.

El aporte de las fuentes de variación A, G y GxA en la SC para RENDIF, se puede observar en la Tabla 12 y Figura 4, donde se aprecia mayor contribución por el A, con valores de 90,0% (2003/2004) y 84,4% (2007/2008). En orden de magnitud le siguió la interacción GxA con 5,7% y 10,4% para las cosechas 2003/2004 y 2007/2008 respectivamente. La fuente de variación G fue quién menos contribuyó a la variación de la SC, con 4,3% (2003/2004) y 5,2% (2007/2008), lo cual coincide con muchos autores a lo largo de las investigaciones de interacción genotipo x ambiente Meredith (2003); Campbell y Jones (2005); Blanche et al. (2006); Campbell et al. (2011); Meredith et al. (2012); Teodoro et al. (2019); Mukoyi et al. (2018), los cuales explican que el A es quien presenta la mayor participación en RENDIF y obedece a que los valores de heredabilidad en sentido amplio y la relación entre la varianza genotípica y fenotípica total son bajos, RENDIF al ser más poligénico se ve afectado por una mayor expresión del ambiente (Abd El-Moghny y Mariz, 2015).

En la figura 4, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de las fuentes de variación (A, G y GxA) en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe seco para RENDIF. Se observa que los valores extremos correspondieron a las fuentes de variación A y G, el ambiente con una participación alta y el genotipo con una participación demasiado baja.



**Figura 4.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para el rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).

## **3.2. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA EL RENDIMIENTO DE ALGODÓN – SEMILLA (RENDAS), PORCENTAJE DE FIBRA (POFIB) Y RENDIMIENTO DE FIBRA (RENDIF), EN EL CARIBE HUMEDO.**

**3.2.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el rendimiento de algodón – semilla.** El análisis de varianza combinado para RENDAS, se presenta en la Tabla 13. El coeficiente de variación (CV) presentó valores de 12,2% para la cosecha 2003/2004 y de 17,2% para la cosecha 2009/2010, respectivamente. Los valores de estos CV's son similares a los encontrados por De Carvalho et al. (2015a); Gul et al. (2014); Farias et al. (2016); Mejia et al. (2020) e indican para la cosecha 2003/2004, hubo mayor control del error experimental y mayor eficacia en la técnica experimental utilizada en la investigación, comparada con la cosecha 2009/2010, y por lo tanto, mayor confiabilidad en los resultados. RENDAS es un carácter que es controlado por muchos genes y actúa de forma poligénica, dado que tiene una alta afectación del ambiente y los valores de los coeficientes de variación que resultan altos debido a que recogen toda esa variabilidad y enmascaran las diferencias genéticas entre los genotipos (Damba, 2008); Ribeiro et al. (2018). La media por cosecha registrada pasó de: 4.197,2 Kg.ha<sup>-1</sup> (2003/2004) a 2.831,1 Kg.ha<sup>-1</sup> (2009/2010), ello demuestra que la media disminuyó en un 33% aproximadamente de una cosecha a otra, ello posiblemente se deba a unas mejores condiciones ambientales en la cosecha 2003/2004 como suelos, precipitación y manejo agronómico, para que los genotipos expresaran su potencial.

La significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación de interés en RENDAS, presentaron un comportamiento diferente en las dos cosechas. Los cuadrados medios (CM) para la cosecha 2003/2004 acusaron ausencia de significancia para A y GxA, encontrándose significancia ( $p < 0,05$ ) para G, mientras que, la cosecha 2009/2010 presentó diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) para A y GxA, sin embargo, no hubo significancia estadística para G. La presencia de significancia para G en la cosecha 2003/2004, indica que, en promedio de todos los ambientes, por lo menos uno de los genotipos se comportó estadísticamente diferente y que no existió un cambio en la clasificación de los genotipos cuando se evaluaron en las diferentes condiciones ambientales. A diferencia de la cosecha 2009/2010 que es todo lo contrario, los resultados sugieren que los G presentaron respuesta promedio similar y que su comportamiento fue

afectado por el ambiente, estos resultados obtenidos en la cosecha 2009/2010 concuerdan con Nadeem et al. (2018), quienes encontraron que la GxA fue altamente significativo para RENDAS, y los resultados de ambas cosechas son contrarios con los obtenidos por Gul et al. (2014), los cuales reportaron que el RENDAS presentó alta significancia en las tres fuentes de variación (A, G y GxA).

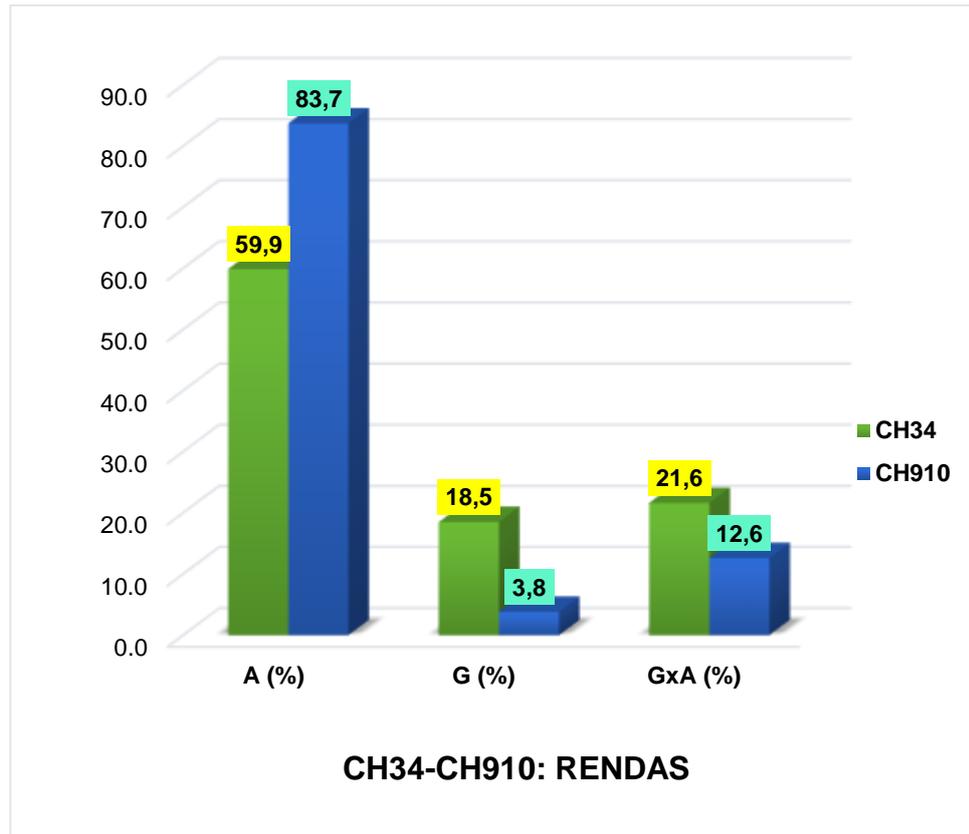
**Tabla 13.** Análisis de varianza combinado para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.

<b>(RENDAS)</b>		<b>Caribe Húmedo 2003-2004</b>			
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>	
BLOQUES	12	39275810,2			
GENOTIPOS (G)	9	9493838,9	1054871,0*	18,5	
AMBIENTES (A)	3	30649866,7	10216622,2 ns	59,9	
GxA	27	11040547,9	408909,2 ns	21,6	
ERROR COMBINADO	108	28515438,1			
TOTAL	159	118975501,7			
<b>Media (Kg.ha-1)</b>		<b>4197,2</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>12,2</b>			
<b>(RENDAS)</b>		<b>Caribe Húmedo 2009-2010</b>			
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>	
BLOQUES	18	10480770,1			
GENOTIPOS (G)	9	9435125,9	1048347,3 ns	3,8	
AMBIENTES (A)	5	209940357,2	41988071,4**	83,7	
GxA	45	31552926,1	701176,1**	12,6	
ERROR COMBINADO	162	38386008,6			
TOTAL	239	299795188,1			
<b>Media (Kg.ha-1)</b>		<b>2831,1</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>17,2</b>			

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV(%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

Un análisis de las fuentes de variación A, G y GxA en la SC para RENDAS, con respecto a la variación fenotípica (Figura 5) acusa su mayor contribución por el A, con valores de 59,9% (2003/2004) y 83,7% (2009/2010). En orden de magnitud le siguió la interacción GxA con 21,6% y 12,6%, para las cosechas 2003/2004 y 2009/2010, respectivamente. La fuente de variación G fue quién menos contribuyó a explicar la variación de la SC, con 18,5% (2003/2004) y 3,8% (2009/2010). En resumen el A fue mucho más importante en CH910, pero en CH34 lo fueron también G y GXA, comparado con CH910 (Figura 5),

estos resultados concuerdan con Meredith (2003); Campbell et al. (2011); Mukoyi et al. (2018), en razón a que sus resultados experimentales demuestran que el A es quien más contribuye a la variación fenotípica, especialmente en el trópico y no es concordante con los resultados de Blanche et al. (2006), quienes señalan que el G fue quien más contribuyó. Damba (2008) y Abd El-Moghny y Mariz, (2015), explican que la razón de estos resultados se debe a que RENDAS es un carácter de baja heredabilidad que actúa de forma poligénica, dado que tiene una alta variación por el ambiente, por los efectos del trópico, donde son impredecibles los factores bióticos y abióticos, representados en el Caribe húmedo por condiciones: de suelos de baja a mediana fertilidad, lluvias superiores a los 1.200 mm anuales y otros factores como temperatura, mayor humedad relativa y presión de plagas y enfermedades, por lo tanto el genotipo no expresa todo su potencial, entonces quienes detectan aquel potencial que los genotipos no fueron capaces de mostrar en los análisis estadísticos, son los coeficientes de variación. Para Vallejo y Estrada (2016); Mejía (2014), es posible explicar los resultados de ambientes contrastantes cuando las zonas de lluvias superan los niveles óptimos, el problema siguiente es la identificación de genotipos superiores, la selección termina recurriendo a genotipos para situaciones adversas, pero no de genotipos con los mejores potenciales agronómicos.



**Figura 5.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).

**3.2.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el porcentaje de fibra.** El análisis de varianza combinado para POFIB, se presenta en la tabla 14. El CV presentó valores de 4,1% para la cosecha 2003/2004 y de 3,4% para la cosecha 2009/2010, respectivamente. Estos CV (%) resultaron semejantes a lo encontrado por De Carvalho et al. (2015b); Gul et al. (2016); Farias et al. (2016); Mejía et al. (2020) para las dos cosechas e indican a su vez que para la cosecha 2009/2010, hubo mayor control del error experimental comparada con la cosecha 2003/2004, POFIB está controlado por pocos genes y es un carácter con alta heredabilidad, que tiene una poca influencia del ambiente, por lo tanto los valores de coeficientes de variación resultan bajos como consecuencia de que los genotipos pueden expresar su potencial (Damba, 2008); (Shaha et al. 2014); (Campbell et al. 2018). La media presenta valores de 37,5% (2003/2004) y 39,4% (2009/2010), sugiriendo que los efectos de los genotipos, en cuanto al peso de semillas explican las diferencias porcentuales para el porcentaje de fibra en las dos cosechas.

Los CM presentaron alta diferencia significativa ( $p > 0,01$ ) entre G y A en ambas cosechas. Sin embargo, la GxA para la cosecha 2003/2004 presentó diferencia significativa ( $p < 0,05$ ) y para la cosecha 2009/2010 fue altamente significativa ( $p < 0,01$ ). Esto explica que los G presentaron respuesta promedio diferente y que su comportamiento cambio por efecto de las variaciones ambientales, estos resultados pueden ser explicados por las diferencias que existen entre los genotipos evaluados los cuales varían entre cosechas. Gul et al. (2016), sin embargo, no coincide con los estudios de Mejía (2014), quién reporto que GxA no es significativo para POFIB.

Si analizamos la participación de las fuentes de variación A, G y GxA en la SC para POFIB, se puede observar (Tabla 14 y Figura 6) que la variación fenotípica de la cosecha 2003/2004 tuvo su mayor contribución por el G (49,2%) seguido de A (44,1%) y GxA (6,7%), a diferencia de la cosecha 2009/2010 con una mayor contribución es el A (70,3%) seguido de G (20,3%) y GxA (9,4%), estos resultados muestran que para ambas cosechas quién menos contribuyó a explicar la variación de SC es la fuente de variación GxA, indicando una buena capacidad de amortiguación individual de los genotipos a los cambios ambientales por sus diferencias genéticas, esto para cosecha 2009/2010 concuerda con Campbell y Jones (2005) y Blanche et al. (2006); Ribeiro et al. (2018);

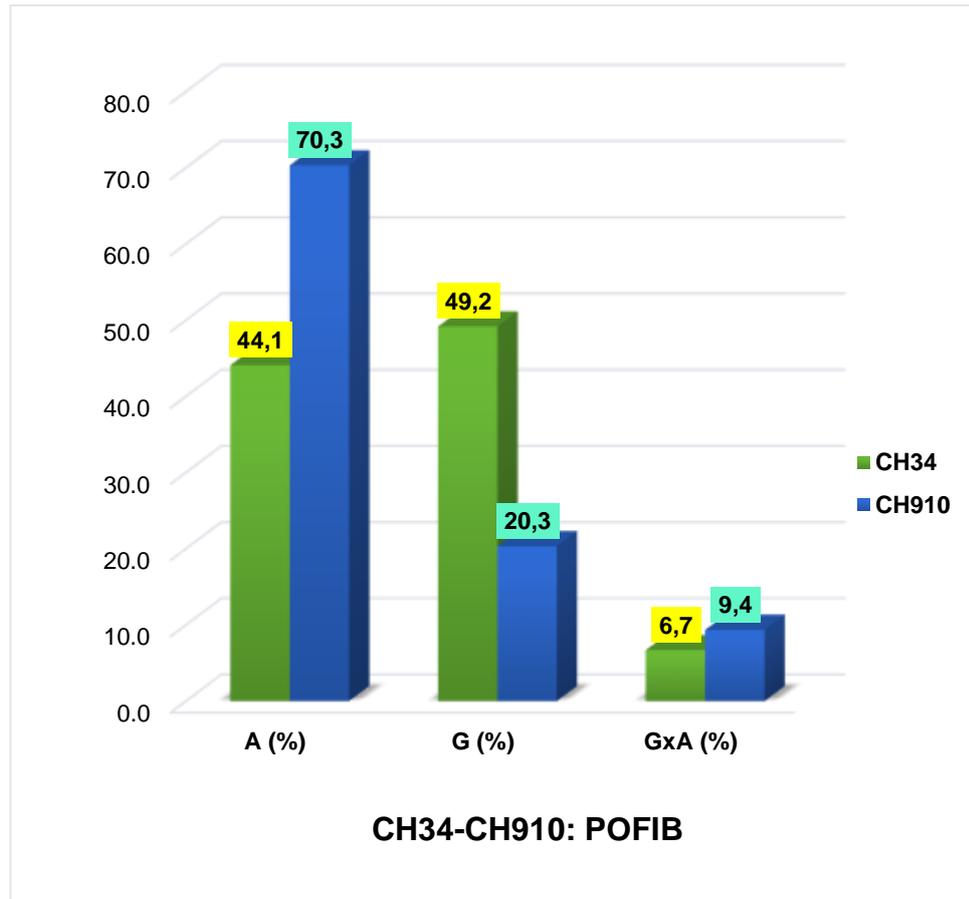
Albuquerque et al. (2020), al reportar que la mayor contribución fenotípica es por el G para POFIB, y los resultados de la cosecha 2003/2004 coinciden con Meredith (2003); Campbell et al. (2011); Mejía (2014), dado que ellos encontraron que el A es quien más contribuyó a la variación fenotípica del POFIB.

**Tabla 14.** Análisis de varianza combinado para el porcentaje de fibra (POFIB) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.

<b>(POFIB)</b>		<b>Caribe Húmedo 2003-2004</b>			
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>	
BLOQUES	12	94,2			
GENOTIPOS (G)	9	760,9	84,5**	49,2	
AMBIENTES (A)	3	682,6	227,5**	44,1	
GxA	27	104,4	3,9*	6,7	
ERROR COMBINADO	108	260,8			
TOTAL	159	1902,9			
<b>Media (%)</b>		<b>37,5</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>4,1</b>			
<b>(POFIB)</b>		<b>Caribe Húmedo 2009-2010 (POFIB)</b>			
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>	
BLOQUES	18	105,7			
GENOTIPOS (G)	9	425,4	47,3**	20,3	
AMBIENTES (A)	5	1471,4	294,3**	70,3	
GxA	45	195,7	4,3**	9,4	
ERROR COMBINADO	162	298,8			
TOTAL	239	2497,1			
<b>Media (%)</b>		<b>39,4</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>3,4</b>			

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significativo al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV (%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 6, se puede observar mejor la tendencia de la importancia de la fuente de variación (A, G y GxA) las cuales difieren entre las dos cosechas, en el Caribe húmedo para POFIB, sobresaliendo la interacción GxA con la participación más baja.



**Figura 6.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para el porcentaje de fibra (POFIB), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).

**3.2.3. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para el rendimiento de fibra.** El análisis de varianza combinado para RENDIF, se presenta en la tabla 15. El CV (%) presentó valores de 13,3% para la cosecha 2003/2004 y de 20,8% para la cosecha 2009/2010, respectivamente. Los valores de estos CV's son semejantes a lo encontrado en los estudios de Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011) e indican que la cosecha 2003/2004 un mayor control del error experimental, comparado con la cosecha 2009/2010. RENDIF es un carácter cuantitativo que está actuando de forma poligénica y es el resultado de la combinación de POFIB y RENDAS, casi que termina recibiendo todo el efecto del rendimiento de algodón – semilla, de manera que RENDAS y RENDIF terminan siendo muy similares.

Los CM presentaron para la cosecha 2003/2004, diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) en G, y no hubo diferencia significativa para A y GxA, y se explica debido a que los ambientes no fueron divergentes y ofrecieron una mejor oferta ambiental como suelos con buena fertilidad, lluvias bien distribuidas y un buen manejo agronómico, para que los cultivares expresaran su potencial genético de rendimiento, a diferencia de la cosecha 2009/2010, la cual presentó diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) para A y GxA, sin embargo, no hubo diferencia significativa para el G. Cotrim et al. (2019) sostienen que puede atribuirse a ambientes con factores bióticos y abióticos impredecibles representados en el Caribe húmedo por condiciones: de suelos de baja a mediana fertilidad, lluvias superiores a los 1.200 mm anuales y otros factores como temperatura, mayor humedad relativa y presión de plagas y enfermedades, por lo tanto el genotipo no expresa todo su potencial y su comportamiento se ve muy influenciado por las diferentes condiciones ambientales, estos resultados difieren un poco de Mejía (2014) y Nadeem et al. (2018), los cuales sostienen que G y GxA son altamente significativos para RENDIF.

La significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación de interés para RENDAS y RENDIF presenta pocas discrepancias, con unos resultados muy semejantes entre ellas y en las dos cosechas. Esto sugiere que RENDAS y RENDIF su control genético es similar, según Espitia et al. (2008); Gul et al. (2016); Farias et al. (2016), dada la fuerte correlación de magnitud y sentido entre estas dos variables, (0.8-1.00), lo cual a su vez permite que el porcentaje de las fuentes de variación y significancia estadística resulten similares.

Si comparamos el aporte de las fuentes de variación A, G y GxA en la SC para RENDIF (Tabla 15 y Figura 7), se puede observar que la variación fenotípica tuvo su mayor contribución por el A, con valores de 46,2% (2003/2004) y 81,7% (2009/2010). Sin embargo, el orden de magnitud difiere entre cosechas. Para la cosecha 2003/2004 quién sigue en el orden de magnitud es G (34,8%) y la fuente que menos contribuyó fue GxA (19,0%). A diferencia de la cosecha 2009/2010 quién sigue en el orden de magnitud es GxA (16,8%) y la fuente que menos contribuyó fue el G (1,5%), estos resultados coinciden con Meredith (2003); Campbell y Jones (2005); Blanche et al. (2006); Campbell et al. (2011) y Meredith et al. (2012); Teodoro et al. (2019); Mukoyi et al. (2018), dado que el A es quien presentó la mayor participación en RENDIF.

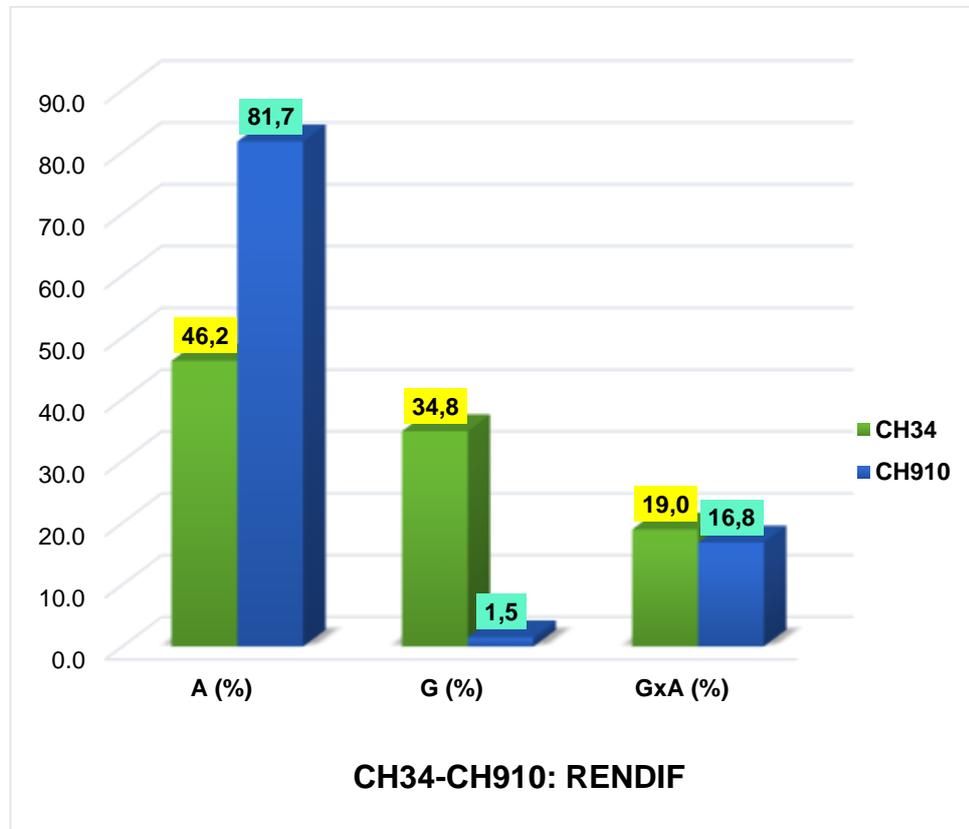
**Tabla 15.** Análisis de varianza combinado para el rendimiento de fibra (RENDIF) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.

<b>(RENDIF)</b>		<b>Caribe Húmedo 2003-2004</b>			
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>	
BLOQUES	12	5232848,4			
GENOTIPOS (G)	9	3387593,8	376399,3**	34,8	
AMBIENTES (A)	3	4498467,0	1499489,0 ns	46,2	
GxA	27	1844083,8	68299,4 ns	19,0	
ERROR COMBINADO	108	4725739,1			
TOTAL	159	19688732,0			
<b>Media (Kg.ha-1)</b>		<b>1569,8</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>13,3</b>			
<b>(RENDIF)</b>		<b>Caribe Húmedo 2009-2010 (RENDIF)</b>			
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>	
BLOQUES	18	1919237,3			
GENOTIPOS (G)	9	490788,6	54532,1 ns	1,5	
AMBIENTES (A)	5	27091476,1	5418295,2**	81,7	
GxA	45	5579397,5	123986,6**	16,8	
ERROR COMBINADO	162	7815048,0			
TOTAL	239	42895947,5			
<b>Media (Kg.ha-1)</b>		<b>1056,8</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>20,8</b>			

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significativo al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F.

En la figura 7, se puede observar mejor la tendencia de la importancia de las fuentes de variación (A, G y GxA), la cual presenta un comportamiento para ambas cosechas ligeramente diferente, en el Caribe húmedo para RENDIF. Se muestra que lo que más

varió en ambas cosechas es el ambiente con la participación más alta, y la participación más baja para cada cosecha.



**Figura 7.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para el rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).

### **3.3. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS DEL CARIBE SECO VERSUS EL CARIBE HÚMEDO, COLOMBIANO**

**3.3.1. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS).** Los resultados de la importancia de las fuentes de variación de interés en ambas sub-zonas, CS y CH para RENDAS, se presenta en la tabla 16. Diferencias (%) se presentan en la comparación de las cosechas, 2003/2004 (CH34) con 2003/2004 (CS34). La participación de las fuentes de variación A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC), evidencian que la variación fenotípica tuvo su mayor contribución por el ambiente (A), con el -32,7%, este valor negativo sugiere que en la resta (Caribe húmedo – Caribe seco) la fuente de variación A fue mayor en la cosecha del Caribe seco. En orden de magnitud le siguió G con 17,0% y por último GxA con el 15,7%, estos valores positivos sugieren que las fuentes de variación G y GxA fueron mayor en la cosecha del Caribe húmedo (CH).

La comparación de las cosechas 2009/2010 (CH910) con 2007/2008 (CS78), presentan una tendencia similar a las cosechas anteriores 2003/2004, ya que la variación fenotípica tuvo mayor contribución por el A, en el Caribe seco, con un valor de -3,8% y, seguido GxA y G, en el Caribe húmedo, con valores de 3,7% y 0,2%, respectivamente.

La media de las fuentes de variación de interés A, G y GxA para RENDAS, en las diferencias (%) señalan que, a nivel general, la mayor contribución fue el ambiente (A), con valores de -18,3% a favor del Caribe seco. En orden de magnitud le siguió la interacción GxA con 9,7% y por último el genotipo (G) con 8,6% a favor del Caribe húmedo.

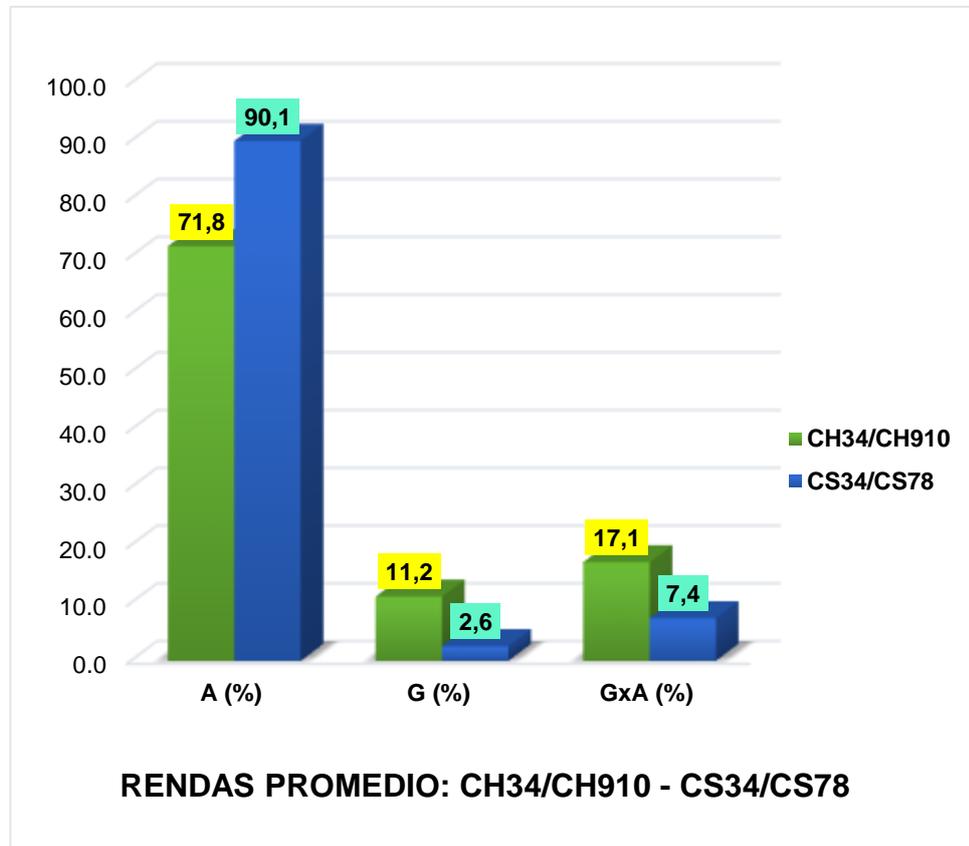
**Tabla 16.** Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).

COSECHAS	%SC (RENDAS)			COSECHAS	%SC (RENDAS)			COSECHAS	DIFERENCIA (%)		
	A	G	GXA		A	G	GXA		A	G	GXA
<b>CH34</b>	59,9	18,5	21,6	<b>CS34</b>	92,6	1,5	5,9	<b>CH34-CS34</b>	-32,7	17,0	15,7
<b>CH910</b>	83,7	3,8	12,6	<b>CS78</b>	87,5	3,6	8,9	<b>CH910-CS78</b>	-3,8	0,2	3,7
<b>Media</b>	<b>71,8</b>	<b>11,2</b>	<b>17,1</b>		<b>90,1</b>	<b>2,6</b>	<b>7,4</b>		<b>-18,3</b>	<b>8,6</b>	<b>9,7</b>

Si analizamos la media de la participación de las fuentes de variación A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC) para RENDAS, en cada sub-zona, se puede observar en la figura 8, que la fuente de variación que tuvo mayor contribución es el A, en ambas sub-zonas, con valores de 71,8% (Caribe húmedo) y 90,1% (Caribe seco). En orden de magnitud le siguió la interacción GxA con 17,1% y 7,4%, para las sub-zonas Caribe húmedo (CH) y Caribe seco (CS), respectivamente. La fuente de variación G fue quien menos contribuyó a explicar la variación de la SC, con 11,2% (CH) y 2,6% (CS). Estos resultados indican para RENDAS, que el número de ambientes para cada prueba de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) no es suficiente, dado que el ambiente termina explicando la variación de los datos y entonces no permite que se seleccionen con más seguridad los mejores cultivares para un mejor aprovechamiento de su genética. Por lo tanto, sería necesario que se aumentaran el número de ambientes para las PEAM.

En la figura 8, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento de ambas sub-zonas para RENDAS, se evidencia que la fuente de variación más marcada es el ambiente y se resalta aún más en el Caribe seco, según Damba (2008), estos resultados pueden obedecer a unos ambientes contrastantes donde factores bióticos y abióticos del trópico en el Caribe seco son impredecibles y cambiantes por condiciones: de suelos de baja fertilidad, poca precipitación y otros factores como temperatura, baja humedad relativa, radiación, manejo del suelo, presión de plagas y enfermedades, que afectan la expresión y el potencial genético de los genotipos y queda reflejado en unos altos coeficientes de variación, cuyos valores son característicos de las zonas marginales o ambientes desfavorables de producción, estos resultados concuerdan con Meredith (2003);

Campbell et al. (2011); Mukoyi et al. (2018), los cuales sostienen que el A es quien más contribuye a la variación fenotípica para RENDAS, y no es concordante con los resultados de Blanche et al. (2006), quienes reportaron que el G es quien más contribuye en la variación fenotípica para RENDAS.



**Figura 8.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para el rendimiento de algodón – semilla (RENDAS), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).

**3.3.2. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para el porcentaje de fibra (POFIB).** Los resultados de la importancia de las fuentes de variación de interés en ambas sub-zonas, CS y CH para POFIB, se presenta en la tabla 17. Las diferencias (%) en la comparación de las cosechas, 2003/2004 (CH) con 2003/2004 (CS) para las fuentes de variación A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC), indican mayor contribución por el G, con el -30,2%, este valor negativo sugiere que en la resta (CH-CS) la fuente de variación G fue mayor en la cosecha del Caribe seco. En el orden de magnitud le siguió el A, con 26,3% y por último la interacción GxA, con el 3,8%, estos valores positivos sugieren que las fuentes de variación A y GxA fueron mayor en la cosecha del Caribe húmedo.

La comparación de las cosechas 2009/2010 (CH910) con 2007/2008 (CS78), presentan una tendencia diferente a las cosechas anteriores 2003/2004, en razón a que variación fenotípica tuvo mayor contribución por el A, en el Caribe húmedo, con el 52,2% y, seguido G y GxA, en el Caribe seco, con valores de -49,2% y -3,0%, respectivamente.

La media de las fuentes de variación de interés (A, G y GxA) para POFIB, en las diferencias (%) señalan que, a nivel general, la variación fenotípica, tanto el A y G fueron importantes ya que la diferencia entre ellos fue muy pequeña. Solo que el (G), con el -39,7% fue mayor a favor del Caribe seco, mientras que el (A), con 39,3% fue mayor a favor del Caribe húmedo. Por último, la interacción GxA con el 0,4% no fue importante para ambas zonas, con un valor muy bajo.

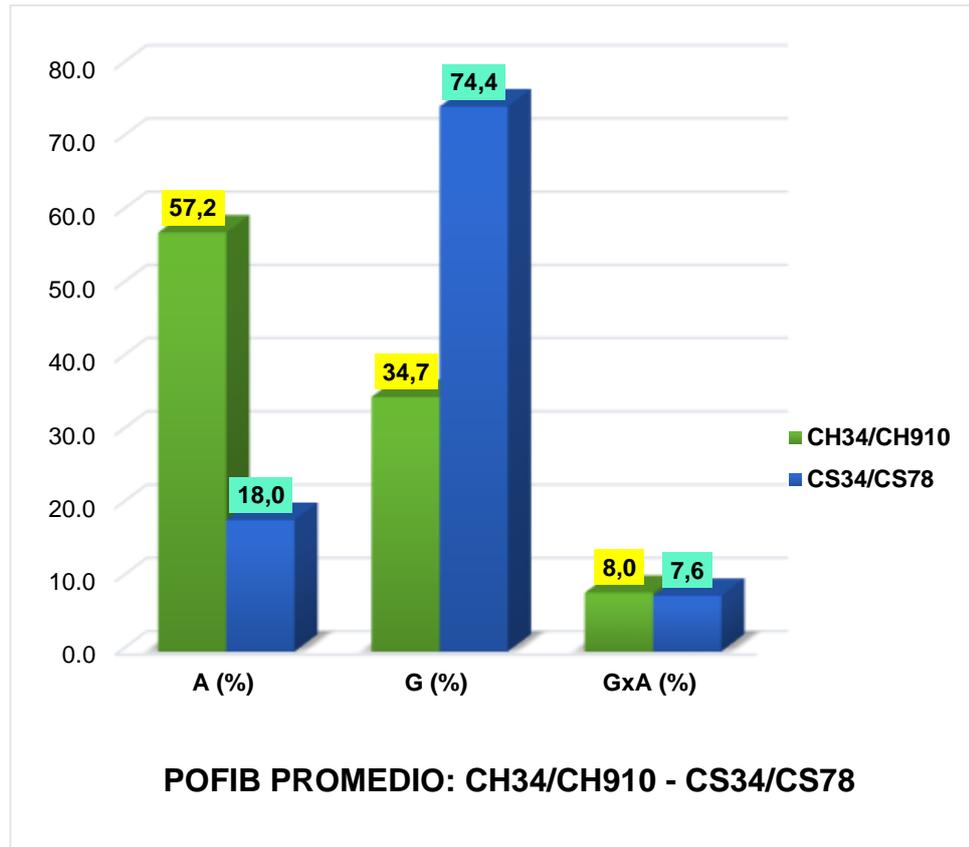
**Tabla 17.** Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para el porcentaje de fibra (POFIB), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).

COSECHAS	%SC (POFIB)			COSECHAS	%SC (POFIB)			COSECHAS	DIFERENCIA (%)		
	A	G	GXA		A	G	GXA		A	G	GXA
CH34	44,1	49,2	6,7	CS34	17,8	79,4	2,9	CH34-CS34	26,3	-30,2	3,8
CH910	70,3	20,3	9,4	CS78	18,1	69,5	12,4	CH910-CS78	52,2	-49,2	-3,0
Media	57,2	34,7	8,0		18,0	74,4	7,6		39,3	-39,7	0,4

La participación de las fuentes de variación A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC) para POFIB, en cada sub-zona, se puede observar que la variación

fenotípica (Figura 9) registró una mayor contribución por el G, en el Caribe seco, con un valor de 74,4%, mientras que el A presentó mayor contribución en el Caribe húmedo, con un valor de 57,2%. En el orden de magnitud para el Caribe seco, siguió el A con 18,0% y, para el Caribe húmedo, le siguió el G con 34,7%. La fuente de variación GxA fue quien menos contribuyó a explicar la variación de la SC, para ambas sub-zonas, con valores de 8,0% (CH) y 7,6% (CS), esto sugiere para POFIB, que el número de ambientes para cada PEAM permite detectar diferencias a nivel de genotipos en el Caribe seco, sin embargo sería necesario aumentar su número en el Caribe húmedo.

En la figura 9, se puede observar mejor la tendencia de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento de ambas sub-zonas para POFIB. Se puede evidenciar que la participación más alta es del genotipo (G) para el Caribe seco, esto se puede explicar por ambientes poco contrastantes donde los factores bióticos y abióticos del trópico en el Caribe seco ofrecen una mejor oferta para POFIB por condiciones de suelos, precipitación y manejo agronómico, para que los genotipos expresaran su potencial de acuerdo a Gul et al. (2016), caso contrario ocurrió en el Caribe húmedo, donde la mayor participación es el ambiente (A). según (Damba, 2008), estos resultados pueden obedecer a unos ambientes muy variables donde los factores bióticos y abióticos del trópico en el Caribe húmedo son impredecibles para POFIB por condiciones: de suelos de baja a mediana fertilidad, precipitaciones superiores a los 1.200 mm anuales y otros factores como temperatura, alta humedad relativa, radiación, manejo del suelo, presión de plagas y enfermedades, el factor ambiental está presente en un nivel diferente al óptimo y representa un estrés que afecta la expresión y el potencial genético de los genotipos. Los resultados del Caribe seco coinciden con Campbell y Jones (2005) y Blanche et al. (2006); Ribeiro et al. (2018); Albuquerque et al. (2020), los cuales reportaron que la fuente de variación G es la que mayor contribuye en la variación del POFIB, y los resultados del Caribe húmedo concuerdan con Meredith (2003); Campbell et al. (2011) y Mejía (2014), sostienen que para el POFIB la fuente de variación A es la de mayor contribución.



**Figura 9.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para el porcentaje de fibra (POFIB), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).

**3.3.3. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para el rendimiento de fibra (RENDIF).** Los resultados de las fuentes de variación de interés en ambas sub-zonas, CS y CH para RENDIF, se presentan en la tabla 18, para las cosechas, 2003/2004 (CH) con 2003/2004 (CS), para A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC). Se observa que la variación fenotípica tuvo mayor contribución por el A, con el -43,8%, este valor negativo sugiere que en la resta (CH-CS) la fuente de variación A fue mayor en la cosecha del Caribe seco, le siguió el G, con 30,5% y, por último, la interacción GxA con el 13,3%, estos valores positivos sugieren que las fuentes de variación G y GxA fueron mayor en la cosecha del Caribe húmedo.

La comparación de las cosechas 2009/2010 (CH910) con 2007/2008 (CS78), presentan una tendencia diferente a las cosechas anteriores 2003/2004, dado que la variación

fenotípica tuvo mayor contribución por la interacción GxA, en el Caribe húmedo, con el 6,4% y, seguido por G y A, en el Caribe seco, con valores de -3,7% y -2,7%, respectivamente.

La media de las fuentes de variación de interés (A, G y GxA) para RENDIF, en las diferencias (%) señalan que, a nivel general, la variación fenotípica que tuvo mayor contribución es el ambiente (A), con un valor de -23,2% a favor del Caribe seco, le siguió el genotipo (G) con 13,4% y, por último, la interacción GxA en el 9,8%, esto a favor del Caribe húmedo.

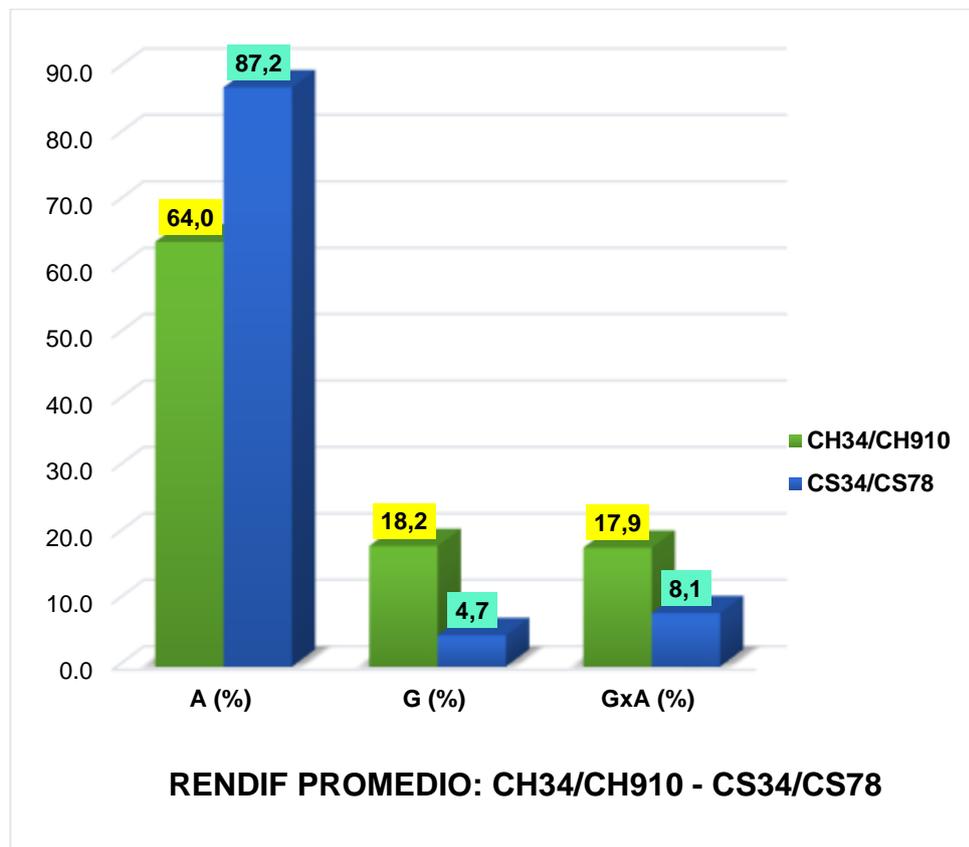
**Tabla 18.** Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (%SC), en los análisis combinado de varianza para el rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).

COSECHAS	%SC (RENDIF)			COSECHAS	%SC (RENDIF)			COSECHAS	DIFERENCIA (%)		
	A	G	GXA		A	G	GXA		A	G	GXA
CH34	46,2	34,8	19,0	CS34	90,0	4,3	5,7	CH34-CS34	-43,8	30,5	13,3
CH910	81,7	1,5	16,8	CS78	84,4	5,2	10,4	CH910-CS78	-2,7	-3,7	6,4
<b>Media</b>	<b>64,0</b>	<b>18,2</b>	<b>17,9</b>		<b>87,2</b>	<b>4,7</b>	<b>8,1</b>		<b>-23,2</b>	<b>13,4</b>	<b>9,8</b>

Si analizamos la media de la participación de A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC) para RENDIF, en cada sub-zona, se puede observar en figura 10 que la contribución a la variación fenotípica en ambas sub-zonas fue el A, con valores de 87,2% (Caribe seco) y 64,0% (Caribe húmedo). En orden de magnitud, para el Caribe húmedo, siguió el G con 18,2% y la interacción GxA con el 17,9% y, para el Caribe seco, le siguió la interacción GxA con el 8,1% y el G con 4,7%. Estos resultados indican la necesidad de hacer un replanteamiento en las pruebas de evaluación agronómica, para mayor confiabilidad en la selección de genotipos.

En la figura 10, se puede observar mejor la tendencia de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento de ambas sub-zonas para RENDIF. Se detecta que la fuente de variación más marcada es el ambiente (A), especialmente en el Caribe seco, esto es debido a las condiciones ambientales contrastantes e impredecibles que ocasionan un nivel fuera del óptimo, representando un estrés que afecta la expresión y el potencial genético de los genotipos (Damba, 2008), estos resultados coinciden con

Meredith (2003); Campbell y Jones (2005); Blanche et al. (2006); Campbell et al. (2011) y Meredith et al. (2012); Teodoro et al. (2019); Mukoyi et al. (2018), los cuales reportan que el A es quien presenta la mayor participación en RENDIF.



**Figura 10.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para el rendimiento de fibra (RENDIF), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).

#### 4. CONCLUSIONES

La significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación de interés (A, G y GXA) para el rendimiento de algodón semilla y fibra presentaron una tendencia en su comportamiento muy similar entre ellas en las dos sub-zonas productoras colombianas, siendo el A quien aporta la mayor variación a las SC's, por ser caracteres cuantitativos altamente poligénicos, muy influenciados por el ambiente.

La fuente de variación más importante para rendimiento de algodón semilla y fibra fue el ambiente, presentó alta diferencia significativa y la participación de la suma de cuadrados fue superior al 50% para ambas sub-zonas aldoneras.

Para porcentaje de fibra en el Caribe seco, la fuente de variación más importante es el genotipo, con una participación superior del 65% en la suma de cuadrado, al igual que la cosecha 2003/2004 del Caribe húmedo, en cambio para la cosecha 2009/2010 es el ambiente.

La fuente de variación GxA, fue la menos importante en las dos sub-zonas y actuó de forma similar para rendimiento de algodón semilla, porcentaje y rendimiento de ficha y también entre cosechas.

En el Caribe seco hay más producción de fibra que en el Caribe húmedo, por un menor peso de semillas, lo cual tiene influencia en la rentabilidad del cultivo.

La variación debida al A tuvo más efecto en la expresión del rendimiento de algodón semilla y rendimiento de fibra, por ello se sugiere aumentar el número de ambientes para las PEAM en el Caribe colombiano.

## 5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. **Abate, F., Mekbib, F. and Dessalegn, Y. (2015).** Association of Different Parametric and Non parametric Stability Models in Durum Wheat (*Triticum turgidum* Desf.) Genotypes. *International Journal of Plant & Soil Science*, 7(4),192-201.
2. **Abd El-Moghny, A. M., & Mariz, S. M. (2015).** Genotypic stability and phenotypic adaptability for some yield traits in some long staple cotton genotypes. *Egypt. J. Agric. Res*, 93(1), 85-100
3. **Albuquerque, R. R. S. D., Cavalcanti, J. J. V., Farias, F. J. C., Queiroz, D. R., & Carvalho, L. P. D. (2020).** Estimates of genetic parameters for selection of colored cotton fiber. *Revista Caatinga*, 33(1), 253-259
4. **Ali, I., Khan, N. U., Mohammad, F., Iqbal, M. A., Abbas, A., Farhatullah, Z. B., & Rahman, M. (2017).** Genotype by environment and GGE-biplot analyses for seed cotton yield in upland cotton. *Pak. J. Bot*, 49(6), 2273-2283
5. **Ali, I., Khan, N. U., Rahman, M., Gul, R., Bibi, Z., Gul, S., & Haq, H. A. (2018).** Genotype by environment and biplot analyses for yield and fiber traits in upland cotton. *Intl. J. Agric. Biol*, 20, 1979-1990.
6. **Alves, R. S., Teodoro, P. E., Farias, F. C., Farias, F. J. C., de CARVALHO, L. P., Rodrigues, J. I. S. & de RESENDE, M. D. V. (2017).** Evaluation of genotype x environment interactions in cotton using the method proposed by Eberhart and Russell and reaction norm models. *Embrapa Florestas-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
7. **Blanche S. B., Myers G. O., Zumba J. Z., Caldwell D., y Hayes J. (2006).** Stability Comparisons Between Conventional And Near-isogenic Transgenic Cotton Cultivars. *The Journal of Cotton Science* 10, 17–28.
8. **Campbell, B. T., & Jones, M. A. (2005).** Assessment of genotype× environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. *Euphytica*, 144(1-2), 69-78.
9. **Campbell, B. T., Chee, P. W., Lubbers, E., Bowman, D. T., Meredith, W. R., Johnson, J., & Fraser, D. E. (2011).** Genetic improvement of the Pee Dee cotton

germplasm collection following seventy years of plant breeding. *Crop science*, 51(3), 955-968.

10. **Campbell, B. T., Dever, J. K., Hugie, K. L., & Kelly, C. M. (2018).** Cotton fiber improvement through breeding and biotechnology. In *Cotton Fiber: Physics, Chemistry and Biology* (pp. 193-215). Springer, Cham.

11. **Cotrim, M. F., Farias, F. J. C., de Carvalho, L. P., Teodoro, L. P. R., Bhering, L. L., & Teodoro, P. E. (2019).** Environmental stratification in the brazilian cerrado on the yield and fiber quality of cotton genotypes. *Bioscience journal*, 35(5)

12. **Damba, G. (2008).** Evaluación de métodos para análisis de estabilidad en diferentes ambientes en genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). *Trabajo de grado en fitomejoramiento. Palmira. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. pág, 16*

13. **De Carvalho, L. P., Salgado, C. C., Farias, F. J. C., & Carneiro, V. Q. (2015b).** Estabilidade e adaptabilidade de genótipos de algodão de fibra colorida quanto aos caracteres de fibra. *Ciência Rural*, 45(4), 598-605.

14. **De Carvalho, L. P., Farias, F. J. C., MORELLO, C. D. L., RODRIGUES, J. D. S., & Teodoro, P. E. (2015a).** Agronomic and technical fibers traits in elite genotypes of cotton herbaceous. *Embrapa Algodão-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.

15. **Dewdar, M. D. H. (2013).** Stability analysis and genotype x environment interactions of some Egyptian cotton cultivars cultivated. *African Journal of Agricultural Research*, 8(41), 5156-5160.

16. **Dicyt. (2011).** El Caribe Colombiano representa la diversidad de ambientes climáticos. Recuperado el día 15 del mes 01 del 2019 de <http://www.dicyt.com/>.

17. **El-Seidy, E. H., Shaker, S. A., & El-Ganayny, H. A. (2017).** Evaluation of Some Egyptian Cotton Cultivars for Yield Constancy and Adaptability.

18. **Espitia, M., Aramendiz, H. Y Cadena, J. (2008).** Correlaciones y análisis de sendero en algodón (*Gossypium hirsutum* L.) en el Caribe colombiano. *Revista de la facultad nacional de agronomía*, 61(1), 4325-4335

19. **Farias, F. J. C., de CARVALHO, L. P., da SILVA FILHO, J. L., & Teodoro, P. E. (2016).** Correlations and path analysis among agronomic and technological traits of upland cotton. *Embrapa Algodão-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
20. **Greveniotis, V., & Sioki, E. (2017).** Genotype by environment interactions on cotton fiber traits and their implications on variety recommendation. *J. Agric. Stud*, 5(2), 86-106
21. **Gul, S., Khan, N. U., Batool, S., Baloch, M. J., Munir, M., Sajid, M. & Kazmi, S. F. (2014).** Genotype by environment interaction and association of morpho-yield variables in upland cotton. *J. Anim. Plant Sci*, 24(1), 262-271.
22. **Gul, S., Khan, N. U., Gul, R., Baloch, M., Latif, A., & Khan, I. A. (2016).** Genotype by environment and phenotypic adaptability studies for yield and fiber variables in upland cotton. *J. Anim. Plant Sci*, 26(3), 776-786
23. **Ibrahim, M. M., Ahmad, M. S. H., Hassan, I. S. M., & El-Sameea, A. A. (2014).** Phenotypic Stability of Some Egyptian Cotton Genotypes Grown at Different Environments of Upper Egypt.
24. **Mejía Salazar, Julián. (2014).** Evaluación de la interacción genotipo por ambiente para variedades transgénicas de algodón (*Gossypium hirsutum* L.). Trabajo de grado en fitomejoramiento. Universidad nacional de Colombia, posgrados facultad de ciencias agropecuarias palmira. pág, 16.
25. **Mejía-Salazar, J. R., Galeano-Mendoza, C. H., Burbano-Erazo, E., Vallejo-Cabrera, F. A., & Arango, M. (2020).** Interacción genotipo por ambiente de nueve variedades de algodón para los Valles interandinos en Colombia. *Agronomía Mesoamericana*, 31(1), 31-42
26. **Meredith Jr, W. R. (2003).** Thirty-six years of regional high quality variety tests. *In Proceedings Beltwide Cotton Conferences, National Cotton Council, Memphis, TN* (pp. 2561-2566).
27. **Meredith Jr, W. R., Boykin, D. L., Bourland, F. M., Caldwell, W. D., Campbell, B. T., Gannaway, J. R., & Zhang, J. (2012).** Genotype x environment interactions over seven years for yield, yield components, fiber quality, and gossypol traits in the regional high quality tests. *J Cotton Sci*, 16,160-9.

28. **Mukoyi, F., Gasura, E. y Makunde, GS (2018).** Implicaciones de las correlaciones y las interacciones genotipo por medio ambiente entre rasgos de algodón. *African Crop Science Journal* , 26 (2), 219-235
29. **Nadeem, F., Khan, N. U., Khalid, S., Azam, S., Saeed, B., Jan, T., & Khan, M. R. (2018).** Genotype× environment interaction studies in F5 populations of upland cotton under agro-climatic condition of Peshawar. *Pure and Applied Biology (PAB)*, 7(3),973-991.
30. **Nandhini, K., Saraswathi, R., Premalatha, N., Sakthivel, N., & Kumaravadivel, N. (2019).** Assessment of G× E interaction for fibre quality traits in recombinant inbred lines of cotton. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 8(6), 351-360.
31. **Nawaz, B., Sattar, S., & Malik, T. A. (2019).** Genetic analysis of yield components and fiber quality parameters in upland cotton. *International Multidisciplinary Research Journal*, 13-19.
32. **PBA. (2010).** Zonas de trabajo. Recuperado el día 10 del mes 01 del 2019 de <http://corporacionpba.org/portal/>.
33. **Queiroz, D. R., Farias, F. J. C., Cavalcanti, J. J. V., de CARVALHO, L. P., Neder, D. G., Melo, G. G. M., ... & Teodoro, P. E. (2019).** Genetic parameters and path analysis of traits of upland cotton for the brazilian semi-arid region. *Bioscience Journal*, 35(6).
34. **Riaz, M., Farooq, J., Ahmed, S., Amin, M., Chattha, W. S., Ayoub, M., & Kainth, R. A. (2019).** Stability analysis of different cotton genotypes under normal and water-deficit conditions. *J. Integr. Agric*, 18, 1257-1265
35. **Ribeiro, L. P., Carvalho, L. P. D., Farias, F. J. C., Rodrigues, J. I. D. S., Teodoro, P. E., & Bhering, L. L. (2018).** Genetic gains in agronomic and technological traits of elite cotton genotypes. *Bragantia*, 77(3), 466-475.
36. **Salim, H. S. A. (2018).** Assessment of Genotype by Environment Interaction and Phenotypic Stability Analyses of Yield and Fiber Quality of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) in Central Suda (Doctoral dissertation, University of Gezira).

37. **Shaha, S. A. S., Faheemb, M., Akhtara, L. H., Minhasa, R., Waqasd, M., Bukharia, M. S., ... & Azhard, F. M. (2014).** Inheritance pattern of some polygenic fiber traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *SCIENCE LETTERS*, 2(2), 60-64.
38. **Shahzad, K., Qi, T., Guo, L., Tang, H., Zhang, X., Wang, H., & Shahid Iqbal, M. (2019).** Adaptability and stability comparisons of inbred and hybrid cotton in yield and fiber quality traits. *Agronomy*, 9(9), 516
39. **Sierra, M., Espitia, M And Cadena, J. (2017).** Correlación entre rendimiento, estabilidad fenotípica y métodos de selección simultánea en algodón. Universidad de Córdoba, *Revista TEMAS AGRARIOS*, 22(1), 21-30
40. **Sirisha, A. B. M., Lal Ahamed, M., Kuamr, P. R., Kumari, S. R., & Rao, V. S. (2018).** AMMI analysis for quality characters in upland cotton. *IJCS*, 6(3), 3050-3056
41. **Teodoro, P. E., Farias, F. J. C., de Carvalho, L. P., Ribeiro, L. P., Nascimento, M., Azevedo, C. F., & Bhering, L. L. (2019).** Adaptability and Stability of Cotton Genotypes Regarding Fiber Yield and Quality Traits. *Crop Science*, 59(2), 518-424
42. **Vallejo, F. A. y Estrada, E. I. (2016).** Mejoramiento genético de plantas. Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira (UNAPAL), *FERIVA SA*. ISBN:958-8095-11-5. 185p, 225 – 227p.
43. **Vargas-Escobar, E.; Vargas-Sánchez, J.E.; Baena-García, D. (2016).** Análisis de estabilidad y adaptabilidad de híbridos de maíz de alta calidad proteica en diferentes zonas Agroecológicas de Colombia. *Acta Agron.* 65(1),72-79

**CAPÍTULO III: EVALUACIÓN DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN EN  
ALGODÓN PARA COMPONENTES DE RENDIMIENTO, EN EL CARIBE  
SECO Y HÚMEDO COLOMBIANO.**

**CHAPTER III: EVALUATION OF THE VARIATION SOURCES IN COTTON  
FOR YIELD COMPONENTS IN THE DRY AND WET COLOMBIAN  
CARIBBEAN.**

## RESUMEN

El estudio de las fuentes de variación (FV) en los análisis combinados de varianzas (ANAVACO), relacionados con genotipos (G), ambientes (A) e interacción genotipo x ambiente (GxA), constituyen un problema importante para los fitomejoradores, especialmente cuando se quiere definir el número de ambientes óptimos para identificar y liberar cultivares de mayor rendimiento, adaptabilidad y estabilidad fenotípica en zonas productoras tropicales. El objetivo de este capítulo fue evaluar la significancia estadística y la importancia de las FV en las pruebas de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) en algodón para el número de motas por planta (NUMO) y peso de mota (PMOTA), en el Caribe Seco (CS) y Húmedo (CH) colombiano. Se utilizaron los datos de cuatro PEAM, donde se evaluaron 10 genotipos de diferentes orígenes de fibra media, empleando el diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Cada PEAM estuvo conformada por los resultados de cuatro ambientes representativos del CH y CS. Las PEAM se realizaron durante las cosechas 2003/2004(CH y CS), 2007/2008 (CS) y 2009/2010(CH). Para determinar la significancia estadística de las FV del ANAVACO se utilizó la prueba de F basada en cuadrados medios (CM) y la importancia de las FV se calculó ponderando en porcentaje la variación de A, G y GxA, sobre el total de la suma de cuadrados (SC) de estas FV. En promedio de las dos cosechas, la mayor parte de la variación de la SC para NUMO en el CS estuvo asociada con el A que fue altamente significativo ( $p < 0,01$ ), representando en promedio el 67,1%, seguido de GxA con 22,2% y G con 10,7%, en el CH se presentó tendencia similar, con una explicación de la variación del A de 55,5% altamente significativo ( $p < 0,01$ ), seguido de GxA con 28,4% y G con 16,6%. La mayor parte de la variabilidad para PMOTA en el CS, estuvo asociada con G que fue altamente significativo, con promedio de 53,4%, seguido del A con 33% y la GxA con 13,6%, en el CH el A expresó el 70,5% de la variación siendo altamente significativo, seguido del G con 18,6% y la GxA con 11%. Los resultados de las PEAM de algodón en el CH y CS mostraron tendencia similar en la significancia estadística y en la explicación de la variación de la SC, sobresaliendo los efectos del A, como los más importantes. La variación debida al A tuvo más efecto en la expresión del NUMO y PMOTA, por ello se sugiere aumentar el número de ambientes para las PEAM en el Caribe colombiano.

**Palabras clave:** Análisis combinado de varianza, Ambientes, Genotipos, GXA, significancia estadística, suma de cuadrados.

## ABSTRACT

The study of the variation source (SV) in the combined analysis of variances (VAANACO), related with genotypes (G), environments (E) and genotype interaction x environment (GxE), establish an important problem for the plant breeders especially when you wants to definite the number of optimum environments to identify and liberate cultivars with higher yield, adaptability phenotypic stability in tropical producing areas. The objective of this chapter was to evaluate the statistical significance and the importance of the SV in the multi-environment agronomic evaluation tests (MAET) in cotton for the number of specks for plant (NS) and weight of speck (WS), in the dry and wet Colombian Caribbean (DC) and (WC). They were used the data of four MAET, where they were evaluated ten genotypes of different middle fiber using complete blocks design at random with four repetitions. every MAET was formed by the results of four representative environments of WC and DC. The MAET was made during the harvests 2003/2004 (WC) and (DC), 2007/2008 (DC) and 2009/2010 (WC). to determinate the statistical significance of SV of the VAANACO used the test of S based on middle squares (MS) and the importance of SV was calculated weighing the percentage of the variation of E, G and GxE, over the total sum of squares (SS) of these SV. On overage of two harvests, most of the variation in the SS for NS in the DC was associated with E, that was highly significant ( $p < 0,01$ ). represented on overage the 67,1% followed by GxE with 22,2% and G with 10,7%, in the WC presented similar trend with an explanation of the variation to the E of 55,5%, highly significant ( $p < 0,01$ ) followed by GxE with 28,4% and G with 16.6%. On overage most of the variability for WS in the DC was associated with G that was highly significant, with overage of 53,4%, followed by the E with 33% and the GxE with 13,6% in the WC the E expressed 70,5% of the variation being highly significant followed by the G with 18,6 % and the GxE with 11% . The results of the MAET of cotton and the WC and DC showed similar trend in the statistical significance and the explanation of the variation of the SS, standing out the effects of the E as the most important. The variation due to E had more effect in the expression of the NS and WS thus it is suggested increase the number of environments for the MAET in the Colombian Caribbean.

**Keywords:** Combined variance analysis, environments, genotypes, GxE, statistical significance, sum of squares.

## 1. INTRODUCCIÓN

El análisis de variables como el rendimiento de fibra en algodón, está determinado por los componentes de rendimiento: número de cápsulas por planta, semillas por cápsula y peso de mota, estas son de interés económico importantes tanto para el cultivo como el fitomejorador con el fin de hacer mucho más rentable esta actividad económica. Estos caracteres son de herencia poligénica, que los tornan complejos, dado que dependen de un gran número de factores y de sus interacciones con el ambiente. Por lo tanto, para que un cultivar logre tener éxito comercial y un mejor rendimiento en toda la gama de ambientes, estas variables deben ser igual de importantes (Espitia et al. 2008).

Debido a la alta variación en cuanto a suelos, clima y manejo agronómico entre localidades productoras, los cultivares expresan un comportamiento diferencial que se atribuye en consecuencia a los efectos de la interacción GxA (Dewdar 2013). Entre las principales limitantes que la interacción GxA plantea a un programa de mejora genética, se destaca que genera cambios en la clasificación de los genotipos, enmascara la expresión del carácter de interés, disminuye la correlación entre los valores fenotípicos y genotípicos y reducen el progreso de selección (Abate et al. 2015, Vargas et al. 2016).

Vallejo y Estrada (2016), afirma que la interacción GxA obliga a los fitomejoradores a considerar la estabilidad o adaptabilidad de los materiales. Al encontrar una interacción GxA relevante, se deben enfocar esfuerzos por conocer las causas de esa interacción a fin de hacer una predicción precisa del comportamiento de un determinado genotipo bajo una variedad de ambientes.

El cultivo de algodón en el Caribe colombiano, presenta un factor ambiental que delimita a los departamentos de la región Caribe colombiana que se diversifican en bosque seco tropical, representada por el factor ambiente que presenta los departamentos; Atlántico, La Guajira, Cesar y Magdalena, caracterizada por un ambiente muy árido y seco, así, que las precipitaciones en estos lugares son escasas y en algunas partes pueden ser mono modales y el bosque húmedo tropical, representada por el factor ambiente que presentan los departamentos; Córdoba, Sucre y Bolívar, las precipitaciones que se llegan a dar en esta zona suelen superan los 750mm anuales (PBA, 2010; Dictyt 2011). Sin embargo, con el tiempo los cultivos de algodón se establecieron en lo que se conoce hoy como zonas

algodoneras y congruente a lo planteado, se les exige cada vez más a las variedades cultivadas.

Según Meredith et al. (2012), durante los últimos 50 años, se produjeron pocos cambios en los componentes de varianza A, G y GxA. Sin embargo, Araméndiz et al. (2007), sugiere que se debe realizar experimentos en ambientes divergentes, en razón a que los productores realizan sus cultivos en condiciones muy complejas, con un gran efecto ambiental en la expresión del genotipo y cambios en la expresión del fenotipo.

El análisis de las fuentes de variación de la interacción de GxA en el algodón, es necesario para que a los genotipos promisorios que se evalúan se les estime el potencial de sus componentes de rendimiento tales como peso de mota y número de motas por planta en diferentes ofertas ambientales, eso presenta una ventaja para los agricultores, ya que así se podrán realizar recomendaciones de genotipos con mayor capacidad de amortiguación a las oscilaciones ambientales y acordes a las zonas productoras del Caribe colombiano.

A pesar de que en distintos países del mundo y en Colombia se han realizado estudios en el cultivo del algodón para componentes de rendimiento con el fin de determinar la significancia estadística de las fuentes de variación del análisis combinado de varianza (ANAVACO) y estudios de adaptabilidad y estabilidad fenotípica, para identificar, zonificar, recomendar y liberar comercialmente los nuevos genotipos para las sub-zonas productoras: Sierra et al. (2017); Salim (2018); Sirisha et al. (2018); Teodoro et al. (2019); El-Seidy et al. (2017); Ali et al. (2018); Nadeem et al. (2018); Shahzad et al. (2019); Greveniotis y Sioki (2017); Nandhini et al. (2019); Mejia et al. (2020); Riaz et al. (2019); Ali et al. (2017); Alves et al. (2017); sin embargo, no se han reportado y comparado los resultados obtenidos para determinar la importancia de las sumas de cuadrados de las fuentes de variación de los ANAVACO en los estudios de interacción GxA para las principales características del componente del rendimiento de algodón en el Caribe seco y húmedo colombiano.

De acuerdo con el planteamiento anterior, el presente objetivo, es evaluar la significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación en las pruebas de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) para el número de motas por planta (NUMO) y peso de mota (PMOTA), en el Caribe colombiano.

## 2. MATERIALES Y METODOS

### 2.1. LOCALIZACIÓN

Para realizar el presente estudio se utilizaron cuatro conjunto de datos, obtenidos de la evaluación de 10 genotipos diferentes de fibra media en cuatro ambientes representativos de las zonas productoras del Caribe húmedo y Caribe seco colombiano, realizados durante las cosechas algodoneras 2003/2004, 2007/2008 y 2009/2010 (Tabla 19). En las Tablas 20 y 21 se presentan las localidades o ambientes, donde estuvieron sembradas las pruebas de evaluación agronómica.

**Tabla 19.** Años de evaluación agronómica de las fuentes de variación de los análisis combinados de varianza en el Caribe colombiano.

Periodo	Caribe seco	Caribe húmedo
2003/2004	10G-4A-4R	10G-4A-4R
2007/2008	10G-4A-4R	
2009/2010		10G-6A-4R

**G:** Genotipos, **A:** Ambiente, **R:** Repeticiones

**Tabla 20.** Localidades del Caribe húmedo durante el año 2003/2004 y 2009/2010 para la evaluación GxA.

No.	Localidad	Departamento	Año de cosecha	Temperatura media (°C)	Precipitación (mm)	ASNMM (m)	Fertilidad de suelos
1	Cereté (Retiro de los indios)	Córdoba	2003/2004	28	1300	20	media
2	San Pelayo (Corocito)	Córdoba	2003/2004	27	1500	20	media
3	Cotorra (La Culebra)	Córdoba	2003/2004	27	1500	20	media
4	Aguachica	Cesar	2003/2004	27.7	1456	220	media
1	Cereté - Retiro de los indios 1	Córdoba	2009/2010	28	1300	20	media
2	Cereté - Manguelito 1	Córdoba	2009/2010	27	1220	12	media
3	Km 3 vía Cerete – Ciénaga de Oro	Córdoba	2009/2010	27	1220	12	media
4	Ciénaga de oro – Malagana	Córdoba	2009/2010	27	1220	33	media
5	Cereté - Retiro de los indios 2	Córdoba	2009/2010	28	1300	20	media
6	Cereté - Manguelito 2	Córdoba	2009/2010	27	1220	12	media

**Tabla 21.** Localidades del Caribe seco durante el año 2003/2004 y 2007/2008 para la evaluación GxA.

No.	Localidad	Departamento	Año de cosecha	Temperatura media (°C)	Precipitación (mm)	ASNM (m)	Fertilidad De Suelos
1	Riohacha (Maicao)	Guajira	2003/2004	28.2	621	53	Baja
2	El Copey	Cesar	2003/2004	27,5	1369	80	Baja
3	Codazzi (Motilonia)	Cesar	2003/2004	28.8	1605	180	Media
4	San Juan del Cesar	Guajira	2003/2004	29.5	1100	250	Baja
1	Riohacha (Maicao)	Guajira	2007/2008	28.2	621	53	Baja
2	Codazzi (Motilonia)	Cesar	2007/2008	28.8	1605	180	Media
3	San Juan del Cesar	Guajira	2007/2008	29.5	1100	250	Baja
4	Valledupar	Cesar	2007/2008	28.1	961	138	Media

## 2.2 PROCEDIMIENTO

Para el logro del presente estudio, cada conjunto de datos se originó de los resultados obtenidos de cuatro pruebas de evaluación agronómica multiambientes (PEAM). En cada PEAM, se sembraron cuatro ensayos de evaluación de 10 genotipos diferentes de fibra media comprendidas por cuatro ambientes de las zonas productoras del Caribe húmedo en 2003/2004, seis ambientes del Caribe húmedo en 2009/2010 y cuatro ambientes en los años 2003/2004 y 2007/2008 del Caribe seco colombiano (Tabla 19).

## 2.3 VARIABLES

**2.3.1 Variables independientes.** En cada PEAM, se evaluaron 10 genotipos de algodón diferentes de fibra media, conformados por siete líneas promisorias en las cosechas 2003/2004 y ocho líneas promisorias de algodón en las cosechas 2007/2008 y 2009/2010 para el Caribe seco y húmedo, respectivamente; obtenidas por el Programa de Mejoramiento genético de Algodón de CORPOICA en el CI Motilonia y Turipaná y dos variedades comerciales nacionales y una internacional en las cosechas 2003/2004 y una variedad comercial nacional y una internacional en las cosechas 2007/2008 y 2009/2010, empleadas como testigo, por su buena adaptación, rendimiento, calidad de fibra y aceptada comercialmente por los productores (Tabla 22).

**Tabla 22.** Genotipos evaluados para el Caribe húmedo y seco durante las cosechas 2003/2004, 2007/2008 y 2009/2010.

Nº	CARIBE HUMEDO Y SECO 2003/2004	CARIBE SECO 2007/2008	CARIBE HUMEDO 2009/2010	Características
1	LC-149	L-Cer 0014	LC.159	Línea promisorias de fibra media
2	LC-151	L-Cer 0016	LC.160	Línea promisorias de fibra media
3	LC-153	L-Cer 0034	LC164	Línea promisorias de fibra media
4	LT-1	L-Cer 0044	LC.165	Línea promisorias de fibra media
5	LT-2	SEL-ORO BLANCO	LC.166	Línea promisorias de fibra media
6	LT-3	L-Cer 0060	LC.168	Línea promisorias de fibra media
7	LT-4	L-Cer 0007	LC.169	Línea promisorias de fibra media
8	CM-123	L-Cer 0046	LC.158	Línea promisorias de fibra media
9	SM-137	SINUANA M – 137	ORO B.M 151	Variedad Colombiana de fibra media (Testigo)
10	DP-opal	Nuopal	DELTAOPAL	Variedad Americana de fibra media

**Nota:** Los genotipos resaltados en gris corresponden a las variedades testigos.

**2.3.2 Diseño Experimental:** De acuerdo a los datos de origen, las PEAM fueron establecidas bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con 10 genotipos diferentes y cuatro repeticiones, conforme lo exige la resolución ICA No. 00148 del 18 enero de 2005. Cada ensayo de evaluación en cada PEAM, tuvo un proceso de aleatorización diferente de los 10 genotipos en las unidades experimentales de cada

bloque. El tamaño de parcela o unidad experimental (UE) fue de seis surcos de 10m de longitud, separados a una distancia de 0,9m (separación entre plantas de 0,2m), con un área experimental por prueba de 2.332m<sup>2</sup>.

**2.3.3. Variables dependientes.** Se dispuso de la base de datos creados y mencionados anteriormente (Tabla 19), con los cuales se realizó el análisis combinado de varianza (ANAVACO), con genotipos como efectos fijos y ambientes como efectos aleatorios para número de motas por planta (NUMO) y peso de mota (PMOTA)

A continuación, se describe como se estimaron cada una de las variables consideradas para este capítulo:

1. **Número de motas/planta:** Es el número promedio de motas efectivas al momento de cosecha para cinco (5) plantas representativas tomadas al azar y en competencia de cada UE.
2. **Peso por mota (g):** Es el peso en gramos promedio de 50 motas cosechadas al azar en cada UE.

#### **2.4. ANÁLISIS ESTADÍSTICOS DE LOS DATOS**

Los datos de campo obtenidos en cada ensayo de cada PEAM, en el Caribe seco y húmedo en las cosechas mencionadas en la tabla 19, se almacenaron en un archivo de Excel para cada experimento ambiente y luego se creó un archivo combinado con los datos de los cuatro ambientes, correspondientes a cada PEAM y posteriormente, se realizó un ANAVACO, asumiendo un modelo mixto, con genotipos como efectos fijos y ambientes como efectos aleatorios.

La significancia estadística de cada fuente de variación del ANAVACO para cada variable dependiente de interés, se realizó a través de la relación estadística de los cuadrados medios (CM) mediante la prueba F y para determinar la importancia de las fuentes de variación, se hizo la ponderación en porcentaje de las sumas de cuadrados (SC), tal como se señala en la Tabla 23. El modelo estadístico del análisis combinado ANAVACO, es el siguiente:

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

Dónde:  $\mu$  = Efecto del i-ésimo genotipo, en el ambiente y en la k-ésima repetición;  $\mu$  = media general,  $A_j$  = es el efecto del j-ésimo ambiente;  $R_k(j)$  = efecto de la k-ésima repetición en el j-ésimo ambiente;  $G_i$  = efecto del i-ésimo genotipo,  $(GA)_{ij}$  = es el efecto de la interacción del i-ésimo genotipo por el j-ésimo ambiente,  $\epsilon_{ij}$  = error aleatorio, con los supuestos usuales  $\epsilon_{ij} \sim NI(0, \sigma^2)$ .

**Tabla 23.** Análisis de varianza combinado esperado para la interacción GxA

<b>Fuentes de variación (FV)</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>E(CM)</b>	<b>Prueba F</b>	<b>Importancia FV (%)</b>
Ambientes (A)	(a-1)	SC <sub>a</sub>	CM <sub>a</sub>	$\sigma^2_e + g \sigma^2_b + gr \sigma^2_a$	CM <sub>a</sub> / CM <sub>b</sub>	(SC <sub>a</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Repeticiones (b)/A	a (r-1)	SC <sub>b</sub>	CM <sub>b</sub>	$\sigma^2_e + r \sigma^2_b$		(SC <sub>b</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Genotipos (G)	(g-1)	SC <sub>g</sub>	CM <sub>g</sub>	$\sigma^2_e + \sigma^2_{ga} + ar/(g-1)\Sigma(g_i - \bar{g})^2$	CM <sub>g</sub> / CM <sub>ga</sub>	(SC <sub>g</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Interacción (GxA)	(g-1)(a-1)	SC <sub>ga</sub>	CM <sub>ga</sub>	$\sigma^2_e + r \sigma^2_{ga}$	CM <sub>ga</sub> / CM <sub>e</sub>	(SC <sub>ga</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Error (e)	a(g-1)(r-1)	SC <sub>e</sub>	CM <sub>e</sub>	$\sigma^2_e$	CM <sub>e</sub>	(SC <sub>e</sub> / SC <sub>t</sub> ) *100
Total (t)	(agr-1)	SC <sub>t</sub>				

Donde: **a** = ambientes; **r** = repeticiones; **g** = genotipos; **GL** = Grados de libertad; **SC** = Suma de cuadrados; **CM** = Cuadrado medios; **E(CM)**=Cuadrados medios esperados; **SC<sub>t</sub>** = SC<sub>(A+G+GxA)</sub>;  $\sigma^2_e$  = Varianza del error;  $\sigma^2_b$  = Varianza de la repetición;  $\sigma^2_a$  = Varianza ambiental;  $\sigma^2_{ga}$  = Varianza de la interacción GxA;  $ar/(g-1)\Sigma(g_i - \bar{g})^2$  = Varianza genética.

La significancia estadística de las F, se realizó mediante la comparación con los valores de F de tabla con sus respectivos grados de libertad y niveles del 5% o 1% de probabilidad (Tabla 9).

La regla de decisión es la siguiente: Sí  $F_c \geq F_{\text{tabla}}$ : Entonces, existe diferencia estadística al 5% o al 1%, y sí  $F_c < F_{\text{tabla}}$ : Entonces, No existe diferencia estadística para la respectiva fuente de variación.

Todos los análisis estadísticos se realizarán utilizando el programa computacional GENES versión Windows (2014.6.1), desarrollado por Cruz (2016).

### 3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### 3.1. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA NUMERO DE MOTAS POR PLANTA (NUMO) Y PESO DE MOTA (PMOTA), EN EL CARIBE SECO.

**3.1.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para número de motas por planta (NUMO).** El análisis de varianza combinado para NUMO, se presenta en la tabla 24. El coeficiente de variación (CV) expresado en porcentaje (%) presentó una amplitud de variación de 28,4% para la cosecha 2003/2004 y de 21,6% para la cosecha 2007/2008, respectivamente. Los rangos de estos CV's resultaron ligeramente mayores a los reportados por Campuzano et al. (2015); Ali et al. (2018) y son un indicativo de que en la cosecha 2007/2008, hubo un mayor control del error experimental y eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación en comparación con la cosecha 2003/2004. NUMO es un carácter de baja heredabilidad que actúa de forma poligénica, dado que tiene una alta influencia por el ambiente, valores altos de CV, pueden conducir a conclusiones erróneas al no poder detectar las diferencias genéticas entre cultivares, esto es válido para zonas tanto marginales como no marginales (Damba, 2008). La media general para las cosechas fue 18 motas/planta (2003/2004) y 23 motas/planta (2007/2008), ello demuestra que la media aumento en un 27% aproximadamente de una cosecha a otra, posiblemente obedezca a una mejor oferta ambiental en la cosecha 2007/2008 como suelos, precipitación y manejo agronómico, especialmente del *Anthonomus grandis* y *Heliothis spp*, para que los cultivares expresaran su potencial de rendimiento.

La significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación de interés en NUMO, presentaron una tendencia en su comportamiento muy similar en las dos cosechas. Los cuadrados medios (CM) no presentaron diferencia significativa entre genotipos (G) e interacción genotipo por ambiente (GxA) y hubo diferencias altamente significativas para ambiente (A), en ambas cosechas, esto obedece a los ambientes contrastantes por los efectos del trópico, dado que son impredecibles los factores bióticos y abióticos, representados en el Caribe seco por condiciones: de suelos de baja fertilidad, poca precipitación y otros factores como temperatura, humedad relativa, radiación, manejo del suelo, plagas y enfermedades, lo que ocasiona que no se permitan detectar

diferencias entre los genotipos y coincide con Campuzano et al. (2015); Shahzad et al. (2019); Usman y Ayatullah (2016); Gul et al. (2014); Gul et al. (2016); Dewdar (2013); Zeng y Meredith (2009), quienes encontraron que la fuente de variación A es altamente significativa para NUMO.

Si analizamos la participación de las fuentes de variación más importantes (A, G y GxA) en la suma de cuadrado (SC) para NUMO, se puede observar que la variación fenotípica (Tabla 24 y Figura 11), tuvo su mayor contribución por el A, con valores de 67,8% (2003/2004) y 66,3% (2007/2008). En orden de magnitud le siguió la interacción GxA con 20,1% (2003/2004) y 24,4% (2007/2008) y por último, G quién contribuyó a explicar la variación de la SC, con 12,1% (2003/2004) y 9,3% (2007/2008), esto se explica por la relación entre la varianza genotípica y la varianza fenotípica total y los valores de heredabilidad en sentido amplio para NUMO son bajos, lo que refleja el gran efecto de los ambientes. Para Damba (2008); Vallejo y Estrada (2016) y Mejía (2014), es posible explicar los resultados de ambientes contrastantes cuando la sequía o las zonas de lluvias superan los niveles óptimos, pero ello conlleva a la identificación de genotipos superiores, con adaptación a condiciones adversas, pero no de genotipos con los mejores potenciales agronómicos, estos resultados coinciden con Gul et al. (2014); Shahzad et al. (2019); Gul et al. (2016), quienes en sus investigaciones demostraron que el A es quien más contribuye a la variación fenotípica de NUMO.

**Tabla 24.** Análisis de varianza combinado para número de motas por planta (NUMO) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.

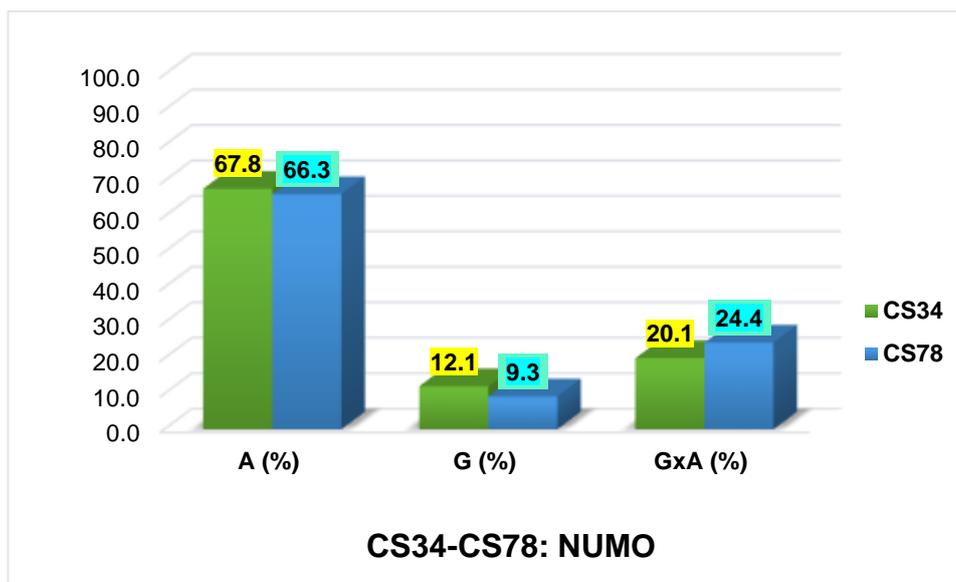
(NUMO)		Caribe seco 2003-2004			
FV	GL	SC	CM	% SC	
BLOQUES	12	239,2			
GENOTIPOS (G)	9	483,2	53,7 ns	12,1	
AMBIENTES (A)	3	2704,4	901,5 **	67,8	
GxA	27	799,7	29,6 ns	20,1	
ERROR COMBINADO	108	2657,4			
TOTAL	159	6883,8			
<b>Media (#)</b>		<b>18,0</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>28,4</b>			

(NUMO)		Caribe seco 2007-2008			
FV	GL	SC	CM	% SC	
BLOQUES	12	464,1			
GENOTIPOS (G)	9	138,9	15,4 ns	9,3	
AMBIENTES (A)	3	993,3	331,1 **	66,3	
GxA	27	366,1	13,6 ns	24,4	
ERROR COMB	108	2686,5			
TOTAL	159	4648,8			
<b>Media (#)</b>		<b>23</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>21,6</b>			

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV(%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 11, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de las fuentes de variación (A, G y GxA) en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe seco para NUMO. Los valores extremos correspondieron a las fuentes de variación A y G, el ambiente con la participación más alta y el genotipo con la participación más baja.



**Figura 11.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para número de motas por planta (NUMO), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).

**3.1.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para peso de mota.** El análisis de varianza combinado para PMOTA, se presenta en la Tabla 25. El CV (%) presentó valores de 6,0% para la cosecha 2003/2004 y de 6,6% para la cosecha 2007/2008, respectivamente. Los rangos de estos CV's resultaron semejantes a los reportados por Gul et al. (2014); Campuzano et al. (2015); Farias et al. (2016) e indican a su vez que, para ambas cosechas hubo un buen manejo en la investigación. PMOTA es un carácter de heredabilidad media que actúa de forma poligénica y está controlado por menos genes que el rendimiento, dado que tiene una poca variación por el ambiente, por lo tanto, los valores de coeficientes de variación resultan bajos como consecuencia de que los genotipos pueden expresar su potencial (Bibi et al. 2011); Ribeiro et al. (2018). La media presenta valores de 5,2 g (2003/2004) y 4,9 g (2007/2008), esta variación es debida al peso de las semillas, ya que semillas más pesadas permiten un mayor peso de mota. Para Campbell et al. (2011); Nawaz, Sattar y Malik, (2019); la correlación genotípica de peso de semilla y peso de mota está en el rango de (0,53-0,88), esta correlación positiva implica que estos dos componentes de rendimiento pueden mejorarse simultáneamente.

En ambas cosechas, los CM presentaron diferencia altamente significativa ( $p > 0,01$ ) para el ambiente (A) y genotipo (G), esto indica que en todos los genotipos y todos los

ambientes, al menos un genotipo e igualmente un ambiente, acusó un comportamiento diferencial, en cambio no se presentó diferencia significativa para la interacción GxA, e indica que no hubo un cambio en el comportamiento de los genotipos por efecto de las variaciones ambientales, estos resultados concuerdan con Blanche et al. (2006); De Carvalho et al. (2015a); Gul et al. (2016); Farias et al. (2016); Campuzano et al. (2015); Zeng y Meredith (2009); Ribeiro et al. (2018), los cuales demuestran que G y A son altamente significativos para PMOTA.

En la participación de las fuentes de variación (A, G y GxA) en la SC para PMOTA, se puede observar que la variación fenotípica (Tabla 25 y Figura 12) para la cosecha 2003/2004 tuvo su mayor contribución por el A con 52,7%, seguido por el G con 38,8% respectivamente y en menor proporción la interacción GxA con 8,5%, estos resultados son semejantes a lo reportado Meredith (2003); Meredith et al. (2012); Shahzad et al. (2019); Mukoyi et al. (2018), al reportar que la fuente de variación A presenta mayor participación para PMOTA. Para la cosecha 2007/2008 tuvo su mayor contribución por el G con 68,1%, seguido de la interacción GxA con 18,6% y en menor proporción el A con 13,3%, estos resultados que coinciden con Blanche et al. (2006); Gul et al. (2016); Ribeiro et al. (2018), quienes demuestran que la fuente de variación G presenta la mayor participación para PMOTA.

**Tabla 25.** Análisis de varianza combinado para peso de mota (PMOTA) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.

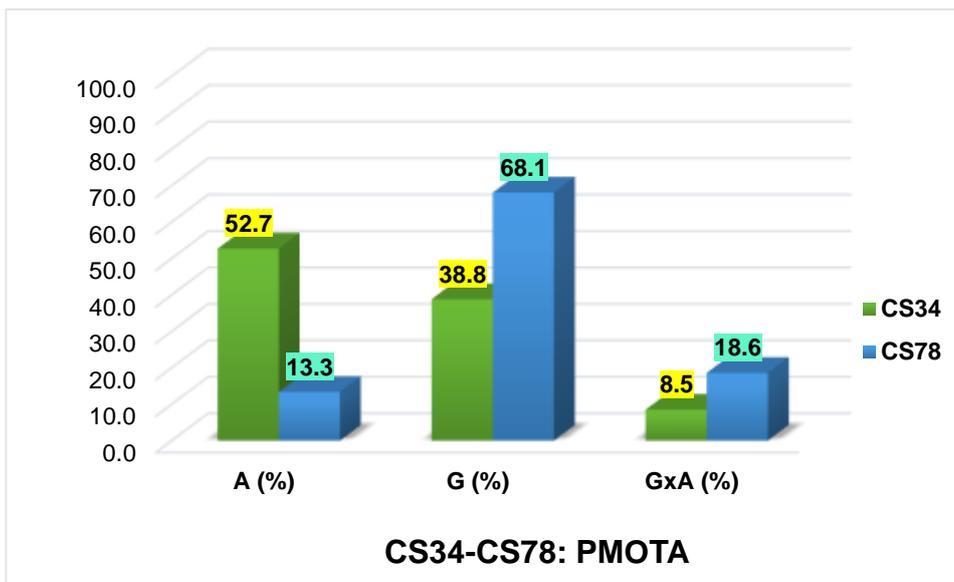
(PMOTA)		Caribe Seco 2003-2004		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	1,0		
GENOTIPOS (G)	9	10,6	1,2 **	38,8
AMBIENTES (A)	3	14,4	4,8 **	52,7
GxA	27	2,3	0,1 ns	8,5
ERROR COMB	108	10,5		
TOTAL	159	38,9		
<b>Media (g)</b>		<b>5,2</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>6,0</b>		

(PMOTA)		Caribe Seco 2007-2008		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	1,3		
GENOTIPOS (G)	9	15,7	1,7 **	68,1
AMBIENTES (A)	3	3,1	1,0 **	13,3
GxA	27	4,3	0,2 ns	18,6
ERROR COMB	108	11,5		
TOTAL	159	35,8		
<b>Media (g)</b>		<b>4,9</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>6,6</b>		

FV = fuente de variación; GL = grados de libertad; SC = suma de cuadrados; CM = cuadrados medios; %SC = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; ns = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; CV(%) = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 12, se puede observar mejor la importancia de la fuente de variación (A, G y GxA) en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe seco para PMOTA. En la cosecha 2003/2004 los valores extremos corresponden a la fuente de variación A y los más bajo para la interacción GxA, algo distinto para la cosecha 2007/2008, la participación más alta es el G y la más baja es el A.



**Figura 12.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para el peso de mota (PMOTA), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).

## **3.2. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA NUMERO DE MOTAS POR PLANTA (NUMO) Y PESO DE MOTA (NUMO), EN EL CARIBE HUMEDO.**

**3.2.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para número de motas por planta (NUMO).** El análisis de varianza combinado para NUMO, se presenta en la Tabla 26. El coeficiente de variación (CV) expresado en porcentaje (%) presentó valores de 18,4% para la cosecha 2003/2004 y de 22,9% para la cosecha 2009/2010, respectivamente. Los rangos de estos CV's resultaron ligeramente mayores a los reportados por Campuzano et al. (2015); Ali et al. (2018) y son un indicativo de que en la cosecha 2003/2004, hubo un mayor control del error experimental y mayor eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación en comparación con la cosecha 2009/2010. NUMO es un carácter de baja heredabilidad que es controlado por muchos genes y actúa de forma poligénica, dado que tiene una alta influencia del ambiente y los valores de los coeficientes de variación resultan altos debido a que recogen toda esa variabilidad que no pudieron expresar los genotipos (Damba, 2008). La media general por cosecha fue de 15 motas/planta (2003/2004) y 17 motas/planta (2009/2010), ello demuestra que la media aumento en un 13% aproximadamente de una cosecha a otra, posiblemente obedezca a una mejor oferta ambiental en la cosecha 2009/2010 como suelos, precipitación y manejo agronómico, especialmente de aquellas plagas que afectan las estructuras reproductivas, para que los cultivares expresaran su potencial de rendimiento.

La significancia estadística en NUMO presentó para ambas cosechas una tendencia muy similar y la importancia de las fuentes de variación presentó un comportamiento diferente. En ambas cosechas los cuadrados medios (CM) presentaron diferencia altamente significativa ( $p > 0,01$ ) A, diferencia significativa ( $p > 0,05$ ) G y no diferencias significativas para la interacción GxA, lo cual indica que los ambientes resultaron contrastantes por los efectos del trópico, donde son impredecibles los factores bióticos y abióticos, representados en el Caribe húmedo por condiciones: de suelos de baja a mediana fertilidad, lluvias superiores a los 1.200 mm anuales y otros factores como temperatura, mayor humedad relativa y presión de plagas y enfermedades y los genotipos por la divergencia genética, dado que provienen de cruzamientos diferentes y varían de

una cosecha a otra (Gul et al. 2016); (Damba, 2008), estos resultados concuerdan con lo reportado por Salim, (2018); Gul et al. (2016); Shahzad et al. (2019); Usman y Ayatullah (2016); Dewdar (2013); Zeng y Meredith (2009), quienes encontraron que las fuentes de variación A y G son altamente significativas para NUMO.

Si analizamos la participación de las fuentes de variación más importantes (A, G y GxA) en la suma de cuadrado (SC) para NUMO, se puede observar que la variación fenotípica (Tabla 26 y Figura 13), para la cosecha 2003/2004 tuvo su mayor contribución por el A con 72,8%, seguido en menor proporción por la interacción GxA con 14,7% y el G con 12,5% y es explicado según por la relación estrecha entre la varianza genotípica y la varianza fenotípica total y los valores de heredabilidad en sentido amplio cuyos valores son bajos para NUMO, lo que refleja el gran efecto de los ambientes (Abd El-Moghny y Mariz, 2015). Estos resultados concuerdan con lo reportado por Gul et al. (2014); Shahzad et al. (2019); Gul et al. (2016), los cuales indican que la fuente de variación A presenta la mayor participación para NUMO, para la cosecha 2009/2010 se obtuvieron unos resultados diferentes, la mayor contribución fue por la interacción GxA con 42%, seguido del A con 37,3% y en menor proporción el G con 20,7%.

**Tabla 26.** Análisis de varianza combinado para número de motas por planta (NUMO) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.

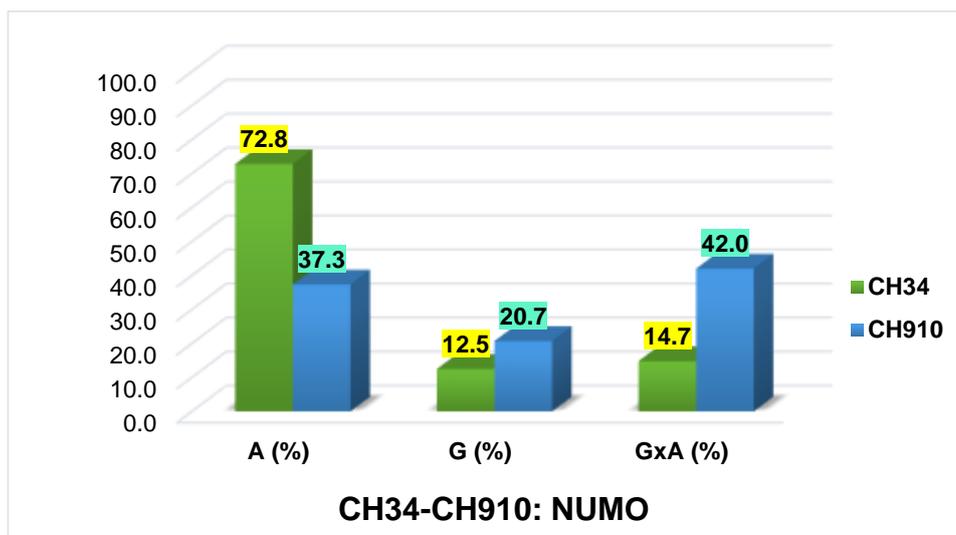
(NUMO)		Caribe húmedo 2003-2004			
FV	GL	SC	CM	% SC	
BLOQUES	12	104,8			
GENOTIPOS (G)	9	98,5	10,9 *	12,5	
AMBIENTES (A)	3	574,5	191,5 **	72,8	
GxA	27	116,4	4,3 ns	14,7	
ERROR COMB	108	838,3			
TOTAL	159	1732,4			
<b>Media (#)</b>		<b>15</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>18,4</b>			

(NUMO)		Caribe húmedo 2009-2010			
FV	GL	SC	CM	% SC	
BLOQUES	18	450,5			
GENOTIPOS (G)	9	400,1	44,5 *	20,7	
AMBIENTES (A)	5	722,5	144,5 **	37,3	
GxA	45	813,6	18,1 ns	42,0	
ERROR COMB	162	2408,6			
TOTAL	239	4795,2			
<b>Media (#)</b>		<b>17</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>22,9</b>			

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV(%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 13, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de las fuentes de variación (A, G y GxA) en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe húmedo para NUMO. Para la cosecha 2003/2004 los valores extremos corresponden la fuente de variación A con la participación más alta y el G con la participación más baja, en cambio para la cosecha 2009/2010 los valores extremos pertenecen a la fuente de variación interacción GxA con la participación más alta y el G con la participación más baja.



**Figura 13.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para número de motas por planta (NUMO), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).

**3.2.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para peso de mota (PMOTA).** El análisis de varianza combinado para PMOTA, se presenta en la Tabla 27. El CV (%) presentó valores de 6,3% para la cosecha 2003/2004 y de 5,1% para la cosecha 2009/2010, respectivamente. Los valores de estos CV's resultaron semejantes a los descritos por Gul et al. (2014); Campuzano et al. (2015); Farias et al. (2016) e indican a su vez que para la cosecha 2009/2010, hubo ligeramente mayor control del error experimental y mayor eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación, comparada con la cosecha 2003/2004. PMOTA es un carácter bajo el control de pocos genes, que actúa de forma poligénica, con heredabilidad media y poca variación por las condiciones ambientales (Bibi et al. 2011); (Ribeiro et al. 2018). La media presenta valores de 5,7 g (2003/2004) y 5,2 g (2009/2010), sugiriendo que los efectos de los genotipos, en cuanto al peso de semillas explican las diferencias para el peso de mota en las dos cosechas (Campbell et al. 2011); (Nawaz et al. 2019)

La significancia estadística en PMOTA, presentó respuesta diferencial para ambas cosechas y la importancia de las fuentes de variación acusó una tendencia muy similar. Los CM presentaron diferencia altamente significativa ( $p > 0,01$ ) A y G en ambas cosechas, los genotipos, al menos uno registró una conducta diferente e igual situación ocurrió con los ambientes, en cambio para la cosecha 2003/2004 no se presentó diferencia

significativa para la interacción GxA y para la cosecha 2009/2010 la interacción GxA presentó diferencias altamente significativas, e indica que hubo un cambio en la clasificación de los genotipos por efecto de las variaciones ambientales, estos resultados concuerdan con Blanche et al. (2006); De Carvalho et al. (2015a); Gul et al. (2016); Farias et al. (2016); Campuzano et al. (2015); Zeng y Meredith (2009); Ribeiro et al. (2018), los cuales explican que A y G son altamente significativas para PMOTA.

**Tabla 27.** Análisis de varianza combinado para peso de mota (PMOTA) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.

(PMOTA)		Caribe húmedo 2003-2004		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	5,1		
GENOTIPOS (G)	9	5,4	0,6 **	13,7
AMBIENTES (A)	3	29,9	10,0 **	76,0
GxA	27	4,0	0,1 ns	10,3
ERROR COMB	108	13,8		
TOTAL	159	58,2		
<b>Media (g)</b>		<b>5,7</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>6,3</b>		

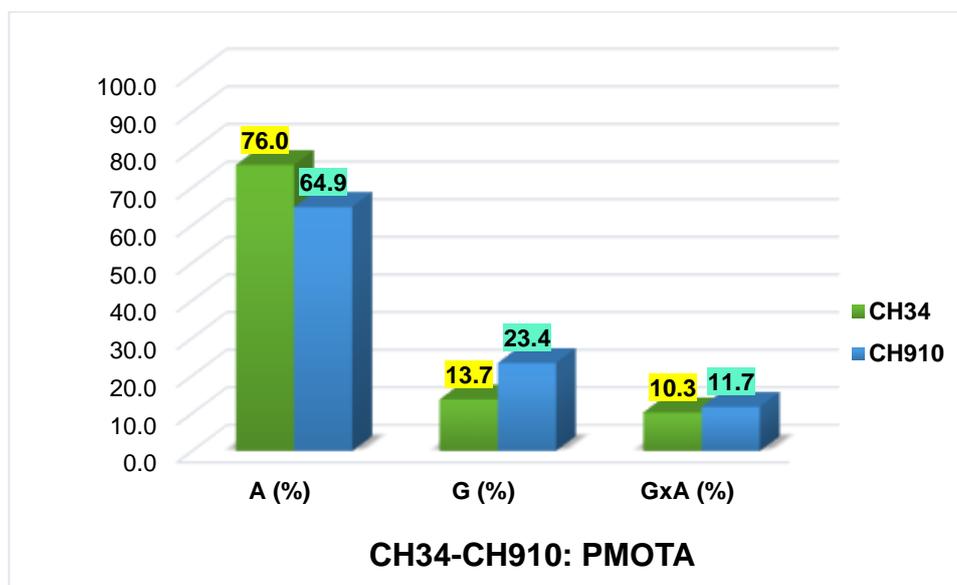
(PMOTA)		Caribe húmedo 2009-2010		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	18	4,2		
GENOTIPOS (G)	9	15,5	1,7 **	23,4
AMBIENTES (A)	5	43,0	8,6 **	64,9
GxA	45	7,8	0,2 **	11,7
ERROR COMB	162	11,5		
TOTAL	239	82,0		
<b>Media (g)</b>		<b>5,2</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>5,1</b>		

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significativo al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV (%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

En la participación de las fuentes de variación (A, G y GxA) en la SC para PMOTA, se puede observar que la variación fenotípica (Tabla 27 y Figura 14) para ambas cosechas

tuvo su mayor contribución por el A con 76% (2003/2004) y 64,9% (2009/2010), respectivamente, seguido por el G con 13,7% (2003/2004) y 23,4% (2009/2010) y en menor proporción la interacción GxA con 10,3% (2003/2004) y 11,7% (2009/2010) respectivamente y obedece a los factores bióticos y abióticos del Caribe húmedo, que fueron muy contrastantes, lo que ocasiona que los genotipos no expresen su potencial, estos resultados concuerdan con Meredith (2003); Meredith et al. (2012); Shahzad et al. (2019); Mukoyi et al. (2018), quienes demuestran que la fuente de variación A, presenta el mayor aporte para PMOTA.

En la figura 14, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de la fuente de variación (A, G y GxA) en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe húmedo para PMOTA. Para ambas cosechas, los valores extremos corresponden con la participación más alta a la fuente de variación A y la participación más baja a la interacción GxA.



**Figura 14.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para peso de motas (PMOTA), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).

### **3.3. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS DEL CARIBE SECO VERSUS EL CARIBE HÚMEDO, COLOMBIANO**

**3.3.1. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para número de motas por planta (NUMO).** Los resultados de la importancia de las fuentes de variación de interés en ambas sub-zonas, CS y CH para NUMO, se presentan en la Tabla 28 e igualmente, las diferencias (%) en la comparación de las cosechas, 2003/2004 (CH34) con 2003/2004 (CS34) y la participación de las fuentes de variación (A, G y GxA) expresadas en la suma de cuadrados (SC). Se observa que en la variación fenotípica tuvo mayor contribución la interacción GxA con el -5,3%, este valor negativo sugiere que la fuente de variación GxA fue mayor en el Caribe seco. En orden de magnitud le siguió el ambiente (A) con 4,9% y por último el genotipo (G) con el 0,4%, estos valores positivos sugieren que la fuente de variación A y G fueron mayores en la cosecha del Caribe húmedo.

La comparación de las cosechas 2009/2010 (CH910) con 2007/2008 (CS78), presentan una tendencia un poco diferente a las cosechas anteriores 2003/2004, ya que la variación fenotípica tuvo mayor contribución del A, en el Caribe seco, con un valor de -29%, seguido de la interacción GxA y el G en el Caribe húmedo, con valores de 17,6% y 11,4%, respectivamente.

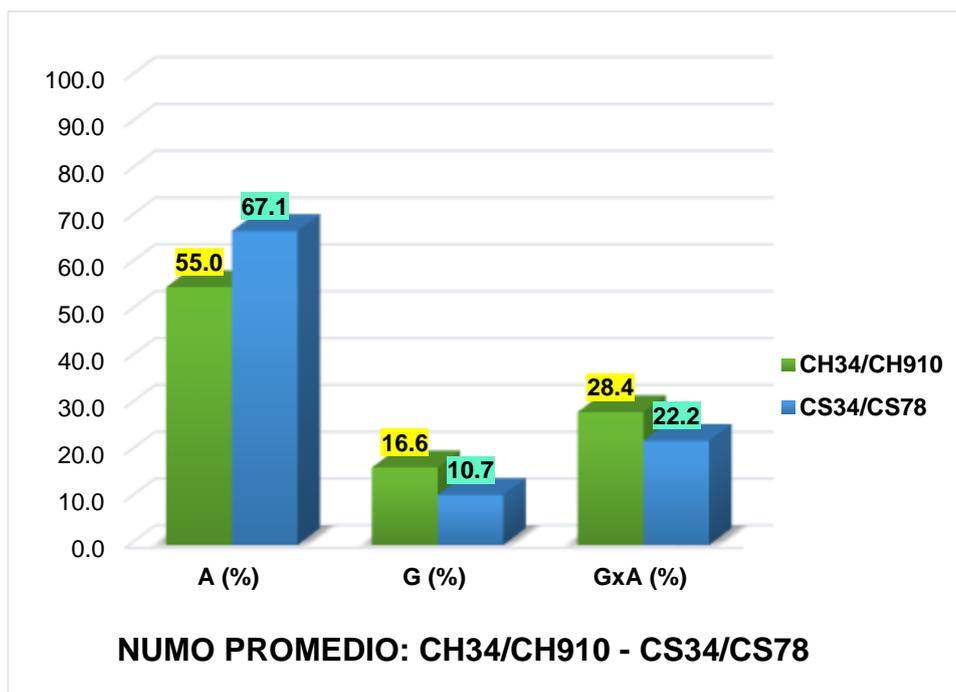
La media de las fuentes de variación de interés (A, G y GxA) para NUMO, en las diferencias (%) señalan que, la fuente variación que tuvo mayor contribución es el A, con valores de -12% a favor de del Caribe seco. En orden de magnitud le siguió la interacción GxA con 6,1% y por último el G con 5,9%, ambas a favor del Caribe húmedo.

**Tabla 28.** Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para número de motas por planta (NUMO), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).

COSECHAS	%SC (NUMO)			COSECHAS	%SC (NUMO)			COSECHAS	DIFERENCIA (%)		
	A	G	GXA		A	G	GXA		A	G	GXA
CS34	67,8	12,1	20,1	CH34	72,8	12,5	14,7	CH34-CS34	4,9	0,4	-5,3
CS78	66,3	9,3	24,4	CH910	37,3	20,7	42,0	CH910-CS78	-29,0	11,4	17,6
<b>Media</b>	<b>67,1</b>	<b>10,7</b>	<b>22,2</b>		<b>55,0</b>	<b>16,6</b>	<b>28,4</b>		<b>-12,0</b>	<b>5,9</b>	<b>6,1</b>

Un análisis del aporte de las fuentes de variación (A, G y GxA) expresadas en la suma de cuadrados (SC) para NUMO, en cada sub-zona, se puede observar (Figura 15), para la sub-zona del Caribe seco la fuente de variación que tuvo mayor contribución es el A con 67,1%, en orden de magnitud le siguió la interacción GxA con 22,2% y la fuente de variación de interacción G fue quien menos contribuyó a explicar la variación de la SC, con 10,7%. La sub-zona del Caribe húmedo tuvo resultados similares, la fuente de variación que tuvo mayor contribución es el A con 55,0%, en orden de magnitud le siguió la interacción GxA con 28,4% y la fuente de variación G fue quien menos contribuyó a explicar la variación de la SC, con 16,6%, estos resultados para NUMO explican que hace falta aumentar el número de ambientes para cada PEAM, debido a que el ambiente termina explicando la mayoría de la variación de los datos y no permite seleccionar los mejores genotipos.

En la figura 15, se puede observar mejor la similitud en la tendencia de la importancia de las fuentes de variación (A, G y GxA) en el comportamiento de ambas sub-zonas para NUMO, para ambas cosechas se evidencia que la fuente de variación más marcada es el A, estos resultados pueden obedecer a unos ambientes contrastantes donde factores bióticos y abióticos del trópico en el Caribe seco impredecibles, además NUMO es una variable muy poligénica, controlada por muchos genes y muy afectada por el ambiente (Damba, 2008) y concuerda con lo encontrado por Gul et al. (2014); Shahzad et al. (2019); Gul et al. (2016), quienes reportaron que el A es quien más contribuye a la variación fenotípica de la variable NUMO.



**Figura 15.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para número de motas por planta (NUMO), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).

**3.3.2. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para peso de mota (PMOTA).** Los resultados de las fuentes de variación de interés en ambas sub-zonas, CS y CH para PMOTA, se presenta en la Tabla 29 e igualmente, las diferencias (%) en la comparación de las cosechas, 2003/2004 (CH) con 2003/2004 (CS), la participación de las fuentes de variación (A, G y GxA) expresadas en la suma de cuadrados (SC). Se observa que en la variación fenotípica tuvo mayor contribución el G, con el -25,1%, este valor negativo sugiere que la fuente de variación G fue mayor en la cosecha del Caribe seco. En el orden de magnitud le siguió el A, con 23,4% y por último la interacción GxA, con 1,8%, estos valores positivos sugieren que la fuente de variación A y GxA fueron mayores en la cosecha del Caribe húmedo.

La comparación de las cosechas 2009/2010 (CH910) con 2007/2008 (CS78), presentan una tendencia diferente a las cosechas anteriores 2003/2004, en razón a que la variación fenotípica tuvo mayor contribución por el A, en el Caribe húmedo, con 51,5%, seguido G y GxA, en el Caribe seco, con valores de -44,7% y -6,9%, respectivamente.

La media de las fuentes de variación de interés (A, G y GxA) para PMOTA, en las diferencias (%) señalan que, a nivel general, en la variación fenotípica tuvo mayor contribución el A, con 37,4% a favor del Caribe húmedo. En orden de magnitud le siguió la interacción G, con -34,9% y, por último, la interacción GxA con -2,6% a favor del Caribe seco.

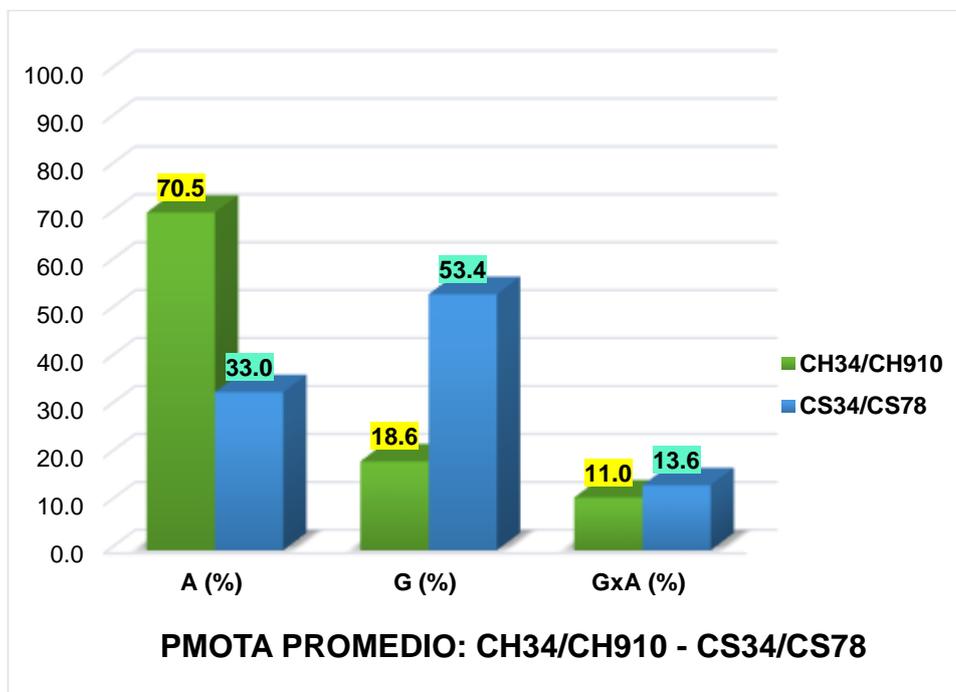
**Tabla 29.** Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en el análisis combinado de varianza para peso de mota (PMOTA), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).

COSECHAS	%SC (PMOTA)			COSECHAS	%SC (PMOTA)			COSECHAS	DIFERENCIA (%)		
	A	G	GXA		A	G	GXA		A	G	GXA
CS34	52,7	38,8	8,5	CH34	76,0	13,7	10,3	CH34-CS34	23,4	-25,1	1,8
CS78	13,3	68,1	18,6	CH910	64,9	23,4	11,7	CH910-CS78	51,5	-44,7	-6,9
<b>Media</b>	<b>33,0</b>	<b>53,4</b>	<b>13,6</b>		<b>70,5</b>	<b>18,6</b>	<b>11,0</b>		<b>37,4</b>	<b>-34,9</b>	<b>-2,6</b>

Si comparamos el aporte de las fuentes de variación (A, G y GxA) expresadas en la suma de cuadrados (SC) para PMOTA (Figura 16), se puede observar para la sub-zona del Caribe seco que la fuente de variación que tuvo mayor contribución es el G con 53,4%, le siguió el A con 33,0% y la interacción GxA fue quien menos contribuyo a explicar la variación de la SC, con 13,6%. En cambio, para la sub-zona del Caribe húmedo la fuente de variación que tuvo mayor contribución es el A con 70,5%, le siguió el G con 18,6% y la interacción GxA fue quien menos contribuyo a explicar la variación de la SC, con 11,0%. Esto sugiere para PMOTA, que el número de ambientes para cada prueba de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) en el Caribe húmedo no es suficiente, dado que el ambiente termina explicando la variación de los datos y entonces no permite que se seleccionen con más seguridad los mejores cultivares para un mejor aprovechamiento de su genética. Por lo tanto, sería necesario que se aumentaran el número de ambientes para las PEAM.

En la figura 16, se puede observar mejor la tendencia diferencial de la importancia de las fuentes de variación (A, G y GxA) en el comportamiento de ambas sub-zonas para PMOTA, para el Caribe seco se evidencia que la fuente de variación más importante es

el G, según, lo cual sucede por la divergencia genética, dado que los genotipos provienen de padres diferentes y las condiciones ambientales de esta zona no son tan contrastantes para enmascarar la expresión del genotipo y coincide con lo reportado por Blanche et al. (2006); Gul et al. (2016), quienes demuestran que el G es quien más contribuye a la variación de PMOTA y para el Caribe húmedo se evidencia que la fuente de variación más importante es el A, esto es debido al peso de las semillas, ya que semillas mas pesadas permiten un mayor peso de mota (Campbell et al. 2011); (Nawaz et al. 2019). Estos resultados concuerdan con Meredith (2003); Meredith et al. (2012); Shahzad et al. (2019); Mukoyi et al. (2018); Ribeiro et al. (2018), quienes reportaron que el A es quien más contribuye a la variación fenotípica de PMOTA.



**Figura 16.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para peso de mota (PMOTA), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).

#### 4. CONCLUSIONES

En el número de motas por planta la fuente de variación más importante fue el ambiente y la participación de la suma de cuadrados fue superior al 66% para ambas sub-zonas algodoneras, excepto para la CH910 cuyo mayor aporte es la GxA con 42%, pero muy cerca el A con 37,3%.

En la variable peso de mota, la FV más importante fue el A y superior al 52% para ambas sub-zonas algodoneras, excepto para la CS78 que tuvo su mayor participación con G en un 68%.

En el Caribe seco hay más producción de fibra que de semillas, y en el Caribe húmedo hay más producción de semillas que de fibra.

La variación debida al A tuvo más efecto en la expresión del numero de motas por planta y en menor medida por el peso de mota, por ello se sugiere aumentar el número de ambientes para las PEAM en el Caribe colombiano.

## 5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. **Abate, F., Mekbib, F. and Dessalegn, Y. (2015).** Association of Different Parametric and Non parametric Stability Models in Durum Wheat (*Triticum turgidum* Desf.) Genotypes. *International Journal of Plant & Soil Science*, 7(4),192-201.
2. **Abd El-Moghny, A. M., & Mariz, S. M. (2015).** Genotypic stability and phenotypic adaptability for some yield traits in some long staple cotton genotypes. *Egypt. J. Agric. Res*, 93(1), 85-100
3. **Ali, I., Khan, N. U., Rahman, M., Gul, R., Bibi, Z., Gul, S., & Haq, H. A. (2018).** Genotype by environment and biplot analyses for yield and fiber traits in upland cotton. *Intl. J. Agric. Biol*, 20, 1979-1990.
4. **Aramendiz, H.; Espitia, M.; Agamez, A.; Cardona, C. Y Robles, J. (2007).** Estabilidad fenotípica de genotipos de algodón (*Gossypium hirsutum* L.). *Revista U.D.C.A Actualidad y divulgación científica*, 10(2),65–73
5. **Bibi, M., Khan, N. U., Mohammad, F., Gul, R., Khakwani, A. A., & Sayal, O. U. (2011).** Genetic divergence and association among polygenic characters in *Gossypium hirsutum*. *L. Pak. J. Bot*, 43(6), 2751-2758.
6. **Blanche S. B., Myers G. O., Zumba J. Z., Caldwell D., y Hayes J. (2006).** Stability Comparisons Between Conventional And Near-isogenic Transgenic Cotton Cultivars. *The Journal of Cotton Science* 10, 17–28.
7. **Campbell, B. T., Chee, P. W., Lubbers, E., Bowman, D. T., Meredith, W. R., Johnson, J., & Fraser, D. E. (2011).** Genetic improvement of the Pee Dee cotton germplasm collection following seventy years of plant breeding. *Crop science*, 51(3), 955-968.
8. **Campbell, B. T., Chee, P. W., Lubbers, E., Bowman, D. T., Meredith Jr, W. R., Johnson, J., ... & Jones, D. C. (2012).** Dissecting genotype× environment interactions and trait correlations present in the Pee Dee cotton germplasm collection following seventy years of plant breeding. *Crop science*, 52(2), 690-699.

9. **Campuzano, L. F., Guerrero, S. C., & Agudelo, J. G. (2015).** Determinación de atributos en genotipos de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) en la rotación maíz-soya asociados a suelos ácidos mejorados de la altillanura colombiana. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 16(2), 251-263
10. **Damba, G. (2008).** Evaluación de métodos para análisis de estabilidad en diferentes ambientes en genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). *Trabajo de grado en fitomejoramiento. Palmira. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. pág, 16*
11. **De Carvalho, L. P., Farias, F. J. C., MORELLO, C. D. L., RODRIGUES, J. D. S., & Teodoro, P. E. (2015a).** Agronomic and technical fibers traits in elite genotypes of cotton herbaceous. *Embrapa Algodão-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
12. **Dewdar, M. D. H. (2013).** Stability analysis and genotype x environment interactions of some Egyptian cotton cultivars cultivated. *African Journal of Agricultural Research*, 8(41), 5156-5160.
13. **Dicyt. (2011).** El Caribe Colombiano representa la diversidad de ambientes climáticos. Recuperado el día 15 del mes 01 del 2019 de <http://www.dicyt.com/>.
14. **El-Seidy, E. H., Shaker, S. A., & El-Ganayny, H. A. (2017).** Evaluation of Some Egyptian Cotton Cultivars for Yield Constancy and Adaptability.
15. **Espitia, M., Aramendiz, H. Y Cadena, J. (2008).** Correlaciones y análisis de sendero en algodón (*Gossypium hirsutum* L.) en el Caribe colombiano. *Revista de la facultad nacional de agronomía*, 61(1), 4325-4335
16. **Farias, F. J. C., de CARVALHO, L. P., da SILVA FILHO, J. L., & Teodoro, P. E. (2016).** Correlations and path analysis among agronomic and technological traits of upland cotton. *Embrapa Algodão-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
17. **Greveniotis, V., & Sioki, E. (2017).** Genotype by environment interactions on cotton fiber traits and their implications on variety recommendation. *J. Agric. Stud*, 5(2), 86-106

18. **Gul, S., Khan, N. U., Batool, S., Baloch, M. J., Munir, M., Sajid, M. & Kazmi, S. F. (2014).** Genotype by environment interaction and association of morpho-yield variables in upland cotton. *J. Anim. Plant Sci*, 24(1), 262-271.
19. **Gul, S., Khan, N. U., Gul, R., Baloch, M., Latif, A., & Khan, I. A. (2016).** Genotype by environment and phenotypic adaptability studies for yield and fiber variables in upland cotton. *J. Anim. Plant Sci*, 26(3), 776-786
20. **Mejía Salazar, Julián. (2014).** Evaluación de la interacción genotipo por ambiente para variedades transgénicas de algodón (*Gossypium hirsutum* L.). Trabajo de grado en fitomejoramiento. Universidad nacional de Colombia, posgrados facultad de ciencias agropecuarias palmira. pág, 16.
21. **Mejía-Salazar, J. R., Galeano-Mendoza, C. H., Burbano-Erazo, E., Vallejo-Cabrera, F. A., & Arango, M. (2020).** Interacción genotipo por ambiente de nueve variedades de algodón para los Valles interandinos en Colombia. *Agronomía Mesoamericana*, 31(1), 31-42
22. **Meredith Jr, W. R. (2003).** Thirty-six years of regional high quality variety tests. *In Proceedings Beltwide Cotton Conferences, National Cotton Council, Memphis, TN* (pp. 2561-2566).
23. **Meredith Jr, W. R., Boykin, D. L., Bourland, F. M., Caldwell, W. D., Campbell, B. T., Gannaway, J. R., & Zhang, J. (2012).** Genotype x environment interactions over seven years for yield, yield components, fiber quality, and gossypol traits in the regional high quality tests. *J Cotton Sci*, 16,160-9.
24. **Mukoyi, F., Gasura, E. y Makunde, GS (2018).** Implicaciones de las correlaciones y las interacciones genotipo por medio ambiente entre rasgos de algodón. *African Crop Science Journal* , 26 (2), 219-235
25. **Nadeem, F., Khan, N. U., Khalid, S., Azam, S., Saeed, B., Jan, T., & Khan, M. R. (2018).** Genotype× environment interaction studies in F5 populations of upland cotton under agro-climatic condition of Peshawar. *Pure and Applied Biology (PAB)*, 7(3),973-991.

26. **Nandhini, K., Saraswathi, R., Premalatha, N., Sakthivel, N., & Kumaravadivel, N. (2019).** Assessment of G×E interaction for fibre quality traits in recombinant inbred lines of cotton. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 8(6), 351-360.
27. **Nawaz, B., Sattar, S., & Malik, T. A. (2019).** Genetic analysis of yield components and fiber quality parameters in upland cotton. *International Multidisciplinary Research Journal*, 13-19.
28. **PBA. (2010).** Zonas de trabajo. Recuperado el día 10 del mes 01 del 2019 de <http://corporacionpba.org/portal/>
29. **Ribeiro, L. P., Carvalho, L. P. D., Farias, F. J. C., Rodrigues, J. I. D. S., Teodoro, P. E., & Bhering, L. L. (2018).** Genetic gains in agronomic and technological traits of elite cotton genotypes. *Bragantia*, 77(3), 466-475.
30. **Salim, H. S. A. (2018).** Assessment of Genotype by Environment Interaction and Phenotypic Stability Analyses of Yield and Fiber Quality of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) in Central Suda (Doctoral dissertation, University of Gezira).
31. **Shahzad, K., Qi, T., Guo, L., Tang, H., Zhang, X., Wang, H., & Shahid Iqbal, M. (2019).** Adaptability and stability comparisons of inbred and hybrid cotton in yield and fiber quality traits. *Agronomy*, 9(9), 516
32. **Sierra, M., Espitia, M And Cadena, J. (2017).** Correlación entre rendimiento, estabilidad fenotípica y métodos de selección simultánea en algodón. Universidad de Córdoba, *Revista TEMAS AGRARIOS*, 22(1), 21-30
33. **Sirisha, A. B. M., Lal Ahamed, M., Kuamr, P. R., Kumari, S. R., & Rao, V. S. (2018).** AMMI analysis for quality characters in upland cotton. *IJCS*, 6(3), 3050-3056
34. **Teodoro, P. E., Farias, F. J. C., de Carvalho, L. P., Ribeiro, L. P., Nascimento, M., Azevedo, C. F., & Bhering, L. L. (2019).** Adaptability and Stability of Cotton Genotypes Regarding Fiber Yield and Quality Traits. *Crop Science*, 59(2), 518-424

35. **Usman, K., & Ayatullah, N. K. (2016).** Genotype-by-sowing date interaction effects on cotton yield and quality in irrigated condition of Dera Ismail Khan, Pakistan. *Pakistan Journal of Botany*, 48(5), 1933-1944
36. **Vallejo, F. A. y Estrada, E. I. (2016).** Mejoramiento genético de plantas. Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira (UNAPAL), *FERIVA SA*. ISBN:958-8095-11-5. 185p, 225 – 227p.
37. **Vargas-Escobar, E.; Vargas-Sánchez, J.E.; Baena-García, D. (2016).** Análisis de estabilidad y adaptabilidad de híbridos de maíz de alta calidad proteica en diferentes zonas Agroecológicas de Colombia. *Acta Agron.* 65(1),72-79
38. **Zeng, L., & Meredith, W. R. (2009).** Associations among lint yield, yield components, and fiber properties in an introgressed population of cotton. *Crop science*, 49(5), 1647-1654

**CAPÍTULO IV: EVALUACIÓN DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN EN  
ALGODÓN PARA CALIDAD DE FIBRA, EN EL CARIBE SECO Y HÚMEDO  
COLOMBIANO.**

**CHAPTER IV: EVALUATION OF THE VARIATION SOURCES IN COTTON  
FOR QUALITY FIBER IN THE DRY AND WET COLOMBIAN CARIBBEAN.**

## RESUMEN

El estudio de las fuentes de variación (FV) en los análisis combinados de varianzas (ANAVACO), relacionados con genotipos (G), ambientes (A) e interacción genotipo x ambiente (GxA), constituyen un problema importante para los fitomejoradores, especialmente cuando se quiere definir el número de ambientes óptimos para identificar y liberar cultivares de mayor rendimiento, adaptabilidad y estabilidad fenotípica en zonas productoras tropicales. El objetivo de este capítulo fue evaluar la significancia estadística y la importancia de las FV en las pruebas de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) en algodón para longitud (LONG), uniformidad (UNIF), resistencia (RESIS), elongación (ELON) y finura (FINU), en el Caribe Seco (CS) y Húmedo (CH) colombiano. Se utilizaron los datos de cuatro PEAM, donde se evaluaron 10 genotipos de fibra media diferentes, empleando el diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Cada PEAM estuvo conformada por los resultados de cuatro ambientes representativos del CH y CS. Las PEAM se realizaron durante las cosechas 2003/2004(CH y CS), 2007/2008 (CS) y 2009/2010(CH). Para determinar la significancia estadística de las FV del ANAVACO se utilizó la prueba de F basada en cuadrados medios (CM) y la importancia de las FV se calculó ponderando en porcentaje la variación de A, G y GxA, sobre el total de la suma de cuadrados (SC) de estas FV. En promedio de las dos cosechas, la mayor parte de la variación de la SC para LONG en el CS estuvo asociada con el G, siendo altamente significativo, representando el 44,9%, A con 34,6% y GxA con 20,5%, el CH presentó tendencia diferente, el mayor aporte fue de GxA con 41,7%, G con 31,2% y A con 27,1%. Para UNIF en el CS, el mayor aporte estuvo asociado con GxA que fue altamente significativo con 47,7%, G con 43,3% y A con 9,0%, en el CH la GxA expresó la mayor variación con 40,1%, siendo no significativa, G con 39,1% y A con 20,8%. El mayor aporte a la SC de RESIS en el CS estuvo dada por G siendo significativo con 37,5%, GxA con 35,1% y A con 27,5%, en CH el efecto del G también fue altamente significativo con 46,2%, A con 27,9% y la GxA con 25,9%. En promedio el mayor aporte a la SC de ELON en el CS estuvo dada por el G siendo altamente significativo con 52,6%, A con 28,2% y GxA con 19,2%, en CH el efecto del G también fue altamente significativo con 48,8%, GxA con 39% y el A con 12,3%. En promedio el mayor aporte a la SC de FINU en el CS estuvo dada por A, siendo altamente significativo y explicó el 61,9% de

la variación, GxA con 19,2% y G con 18,9%, en CH el G tuvo el mayor aporte, siendo altamente significativo con 37,9%, GxA con 34,6% y A con 27,5%. La variación debida al A no tuvo mucho efecto en la expresión de estas variables, sin embargo, se recomienda aumentar el número de años de evaluación, generando un análisis mas contrastante.

**Palabras clave:** Análisis combinado de varianza, Ambientes, Genotipos, GXA, significancia estadística, suma de cuadrados.

## ABSTRACT

The study of the variation source (SV) in the combined analysis of variances (VAANACO), related with genotypes (G), environments (E) and genotype interaction x environment (GxE), establish an important problem for the plant breeders especially when you wants to definite the number of optimum environments to identify and liberate cultivars with higher yield, adaptability phenotypic stability in tropical producing areas. The objective of this chapter was to evaluate the statistical significance and the importance of the FV in the multi-environment agronomic evaluation tests (MAET) in cotton for length, (LENG) , uniformity (UNIF) , resistance ( RESIS), elongation ( ELON) and finesse (FINE) in the dry and wet Colombian Caribbean (DC) (WC). They were used the data of four MAET, where they were evaluated ten genotypes of different middle fiber using complete blocks design at random with four repetitions. every MAET was formed by the results of four representative environments of WC and DC. The MAET was made during the harvests 2003/2004 (WC) and (DC), 2007/2008 (DC) and 2009/2010 (WC). to determinate the statistical significance of SV of the VAANACO used the test of S based on middle squares (MS) and the importance of SV was calculated weighing the percentage of the variation of E, G and GxE, over the total sum of squares (SS) of these SV. On overage of two harvests, most of the variation in the SS for LENG in the DC was associated with G, being highly significant representing 44,9 % , E with 34, 6 % and G x E with 20,5 % , the WC presented different trend, the greatest contribution was of GxE with 41,7 % , G with 31, 2 % and E with 927,1 % . For UNIF in the DC the greatest contribution was associated with GxE that was highly significant with 47,7%, G with 43,3% and E with 9,0%, in the DC the GxE expressed the greatest variation with 40,1%, being not significant , G with 39,1% and E with 20,8%. the greatest contribution to the DC of RESIS in the DC was given by G being significant with 37,5%, GxE with 35,1% and E with 27,5%, in WC the effect of the G also was highly significant with 46,2%, E with 27,9% and GxE with 25,9%. On overage the greatest contribution to the DC of ELON in the DC was given by G being highly significant with 52,6%, E with 28,2% and GxE with 19,2%, in WC the effect of G also was highly significant with 48,8%, GxE with 39% and the E with 12,3%. On overage the greatest contribution to the DC of FINE in the DC was given by E, being highly significant and explained the 61,9%

of the variation, GxE with 19,2% and G with 18,9%, in WC the G had the greatest contribution, being highly significant with 37,9%, GxE with 34,6% and E with 27,5%. The variation due to E did not have much effect in the expression of these variables, however it is recommended to increase the number of the years of evaluation generating a more contrasting analysis.

**Keywords:** Combined variance analysis, environments, genotypes, GxE, statistical significance, sum of squares

## 1. INTRODUCCIÓN

El algodón (*Gossypium hirsutum* L.) es un cultivo importante que se usa ampliamente en la industria textil. Las fibras de algodón son tricomas unicelulares derivados de células epidérmicas del óvulo. El desarrollo de la fibra generalmente consta de cuatro etapas superpuestas: iniciación, formación primaria de la pared celular, formación secundaria de la pared celular y maduración. Durante la etapa inicial, aproximadamente el 30% de las células epidérmicas (iniciales de fibra) en la superficie del óvulo comienzan a agrandarse y alargarse rápidamente en o antes de la antesis. La formación primaria de la pared celular comienza en la antesis y dura hasta 19–20 días después de la antesis (DPA). La calidad y la productividad de las fibras de algodón dependen principalmente de dos procesos biológicos: el inicio de las fibras para determinar el número de fibras presentes en cada óvulo y el alargamiento de las fibras para controlar la longitud y resistencia final de cada fibra. La síntesis de la pared secundaria inicia 16 DPA, solapándose con la formación de la pared primaria tardía, y continúa durante 40 DPA, formando una pared de celulosa casi pura. Al madurar, las fibras de algodón contienen aproximadamente el 90% de celulosa (Pu, Li, Fan, Yang y Xue, 2008; Campbell et al. 2018).

El procesamiento exitoso de la fibra de algodón depende de atributos físicos de fibra altamente variables que han demostrado afectar la calidad del producto terminado y la eficiencia de fabricación. Si los niveles de mezcla y los procesos de hilado y teñido se van a optimizar para fines específicos, los gerentes de producción de fábricas textiles requieren una descripción y medición efectivas de estas propiedades de calidad de fibra altamente variables (Bradow y Davidonis, 2010). Los caracteres de calidad de fibra de algodón son un complejo de varios rasgos conformados por la longitud, resistencia, uniformidad, elongación finura, los cuales son más sensibles unos que otros a los cambios ambientales. Las variaciones naturalmente amplias en la calidad de la fibra y las diferencias en los requisitos de uso final del algodón introducen una variabilidad significativa en el valor de la fibra (Bradow y Davidonis, 2010).

Debido a la alta variación en cuanto a suelos, clima y manejo agronómico entre localidades productoras, los cultivares expresan un comportamiento diferencial que se atribuye en consecuencia a los efectos de la interacción GxA (Dewdar 2013). Entre las principales limitantes que la interacción GxA plantea a un programa de mejora genética,

se destaca que genera cambios en la clasificación o rango de los genotipos entre los ambientes, enmascara la expresión del carácter de interés, disminuye la correlación entre los valores fenotípicos y genotípicos, reducen el progreso de la selección y finalmente, dificulta la labor de selección y posterior recomendación de los genotipos para una o varias localidades (Abate et al. 2015, Vargas et al. 2016).

Según Meredith et al. (2012), durante los últimos 50 años, se produjeron pocos cambios en los componentes de varianza A, G y GxA. Sin embargo, Araméndiz et al. (2007), sugiere que se debe realizar experimentos en ambientes divergentes, en razón a que los productores realizan sus cultivos en condiciones muy complejas, con un gran efecto ambiental en la expresión del genotipo y cambios en la expresión del fenotipo.

El análisis de las fuentes de variación en estudios de interacción de GxA en el algodón es necesario para estimar el potencial de calidad de fibra de los genotipos en diferentes ofertas ambientales y de manejo agronómico, eso presenta una ventaja para los agricultores, ya que así se podrá realizar recomendaciones de genotipos que serán mucho más precisas a esas condiciones impredecibles y acordes a las particularidades, necesidades, requerimientos y condiciones de los productores y de las zonas productoras del Caribe colombiano.

A pesar de que se han realizado estudios en el cultivo del algodón para características de calidad de fibra con el fin de determinar la significancia estadística de las fuentes de variación del análisis combinado de varianza (ANAVACO) en los estudios de adaptabilidad y estabilidad fenotípica, para identificar, zonificar, recomendar y liberar comercialmente los nuevos genotipos para áreas productoras: Sierra et al. (2017); Salim (2018); Sirisha et al. (2018); De Teodoro et al. (2019); El-Seidy et al. (2017); Ali et al. (2018); Nadeem et al. (2018); Shahzad et al. (2019); Greveniotis y Sioki (2017); Nandhini et al. (2019); Mejia et al. (2020); Riaz et al. (2019); Ali et al. (2017); Alves et al. (2017); Farias et al. (2016); Usman et al. (2016); Balakrishna, Chenga Reddy Lal Ahamed (2016); sin embargo, no se han reportado y comparado los resultados obtenidos para determinar la importancia de las sumas de cuadrados de las fuentes de variación de los ANAVACO en los estudios de interacción GxA para las principales características agronómicas y calidad de fibra de interés en algodón en el Caribe Seco y Húmedo colombiano.

De acuerdo con el planteamiento anterior, el presente objetivo fue evaluar la significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación en las pruebas de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) para las propiedades de calidad de fibra, en el Caribe colombiano.

## 2. MATERIALES Y METODOS

### 2.1. LOCALIZACIÓN

Para realizar el presente estudio se utilizaron cuatro conjunto de datos, obtenidos de la evaluación de 10 genotipos diferentes de fibra media en cuatro ambientes representativos de las zonas productoras del Caribe húmedo y Caribe seco colombiano, realizados durante las cosechas algodoneras 2003/2004, 2007/2008 y 2009/2010 (Tabla 30). En las Tablas 31 y 32 se presentan los ambientes del Caribe húmedo y seco, donde estuvieron sembradas las pruebas de evaluación agronómica.

**Tabla 30.** Años de evaluación agronómica de las fuentes de variación de los análisis combinados de varianza en el Caribe colombiano.

Periodo	Caribe seco	Caribe húmedo
2003/2004	10G-4A-4R	10G-4A-4R
2007/2008	10G-4A-4R	
2009/2010		10G-6A-4R

**G:** Genotipos, **A:** Ambiente, **R:** Repeticiones

**Tabla 31.** Localidades del Caribe húmedo durante el año 2003/2004 y 2009/2010 para la evaluación GxA.

No.	Localidad	Departamento	Año de cosecha	Temperatura media (°C)	Precipitación (mm)	ASNМ (m)	Fertilidad de suelos
1	Cereté (Retiro de los indios)	Córdoba	2003/2004	28	1300	20	media
2	San Pelayo (Corocito)	Córdoba	2003/2004	27	1500	20	media
3	Cotorra (La Culebra)	Córdoba	2003/2004	27	1500	20	media
4	Aguachica	Cesar	2003/2004	27.7	1456	220	media
1	Cereté - Retiro de los indios 1	Córdoba	2009/2010	28	1300	20	media
2	Cereté - Mangelito 1	Córdoba	2009/2010	27	1220	12	media
3	Km 3 vía Cerete – Ciénaga de Oro	Córdoba	2009/2010	27	1220	12	media
4	Ciénaga de oro – Malagana	Córdoba	2009/2010	27	1220	33	media
5	Cereté - Retiro de los indios 2	Córdoba	2009/2010	28	1300	20	media
6	Cereté - Mangelito 2	Córdoba	2009/2010	27	1220	12	media

**Tabla 32.** Localidades del Caribe seco durante el año 2003/2004 y 2007/2008 para la evaluación GxA.

No.	Localidad	Departamento	Año de cosecha	Temperatura media (°C)	Precipitación (mm)	ASNM (m)	Fertilidad De Suelos
1	Riohacha (Maicao)	Guajira	2003/2004	28.2	621	53	Baja
2	El Copey	Cesar	2003/2004	27,5	1369	80	Baja
3	Codazzi (Motilonia)	Cesar	2003/2004	28.8	1605	180	Media
4	San Juan del Cesar	Guajira	2003/2004	29.5	1100	250	Baja
1	Riohacha (Maicao)	Guajira	2007/2008	28.2	621	53	Baja
2	Codazzi (Motilonia)	Cesar	2007/2008	28.8	1605	180	Media
3	San Juan del Cesar	Guajira	2007/2008	29.5	1100	250	Baja
4	Valledupar	Cesar	2007/2008	28.1	961	138	Media

## 2.2 PROCEDIMIENTO

En el presente estudio, cada conjunto de datos se originó de los resultados obtenidos de cuatro pruebas de evaluación agronómica multiambientes (PEAM). En cada PEAM, se sembraron cuatro ensayos de evaluación de 10 genotipos diferentes de fibra media comprendidas por cuatro ambientes de las zonas productoras del Caribe húmedo en 2003/2004, seis ambientes del Caribe húmedo en 2009/2010 y cuatro ambientes en los años 2003/2004 y 2007/2008 del Caribe seco colombiano (Tabla 30).

## 2.3 VARIABLES

**2.3.1 Variables independientes.** En cada PEAM, se evaluaron 10 genotipos de algodón diferentes de fibra media, conformados por siete líneas promisorias en las cosechas 2003/2004 y ocho líneas promisorias de algodón en las cosechas 2007/2008 y 2009/2010 para el Caribe seco y húmedo respectivamente, obtenidas por el Programa de Mejoramiento genético de Algodón de CORPOICA en el CI Motilonia y Turipaná y dos variedades comerciales nacionales y una internacional en las cosechas 2003/2004 y una variedad comercial nacional y una internacional en las cosechas 2007/2008 y 2009/2010 para el Caribe seco y húmedo (Tabla 33).

**Tabla 33.** Genotipos evaluados para el Caribe húmedo y seco durante las cosechas 2003/2004, 2007/2008 y 2009/2010.

Nº	CARIBE HUMEDO Y SECO 2003/2004	CARIBE SECO 2007/2008	CARIBE HUMEDO 2009/2010	Características
1	LC-149	L-Cer 0014	LC.159	Línea promisorias de fibra media
2	LC-151	L-Cer 0016	LC.160	Línea promisorias de fibra media
3	LC-153	L-Cer 0034	LC164	Línea promisorias de fibra media
4	LT-1	L-Cer 0044	LC.165	Línea promisorias de fibra media
5	LT-2	SEL-ORO BLANCO	LC.166	Línea promisorias de fibra media
6	LT-3	L-Cer 0060	LC.168	Línea promisorias de fibra media
7	LT-4	L-Cer 0007	LC.169	Línea promisorias de fibra media
8	CM-123	L-Cer 0046	LC.158	Línea promisorias de fibra media
9	SM-137	SINUANA M – 137	ORO B.M 151	Variedad Colombiana de fibra media (Testigo)
10	DP-opal	Nuopal	DELTAOPAL	Variedad Americana de fibra media

**Nota:** Los genotipos resaltados en gris corresponden a las variedades testigos.

**2.3.2 Diseño Experimental:** De acuerdo a los datos de origen, las PEAM fueron establecidas bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con 10 genotipos diferentes y cuatro repeticiones, conforme lo exige la resolución ICA No. 00148 del 18 enero de 2005. Cada ensayo de evaluación en cada PEAM, tuvo un proceso de aleatorización diferente de los 10 genotipos en las unidades experimentales de cada bloque. El tamaño de parcela o unidad experimental (UE) fue de seis surcos de 10m de

longitud, separados a una distancia de 0,9m (separación entre plantas de 0,2m), con un área experimental por prueba de 2.332m<sup>2</sup>.

### **2.3.3. Variables dependientes.**

Se dispuso de la base de datos creada y mencionadas anteriormente (Tabla 30), con los cuales se realizó el análisis combinado de varianza (ANAVACO), con genotipos como efectos fijos y ambientes como efectos aleatorios para longitud de fibra (LONG), uniformidad (UNIF), resistencia (RESIS), elongación (ELON) y finura (FINU), en el Caribe seco y húmedo.

A continuación, se describe como se estimaron cada una de las variables consideradas para este capítulo:

1. **Longitud de la Fibra – LONG (mm):** Corresponde a la longitud en milímetros que tienen las fibras de la población original desde un punto de agarre en los peines del fibrógrafo, hasta donde solamente se extiende el 2.5% de ellas.
2. **Uniformidad – UNIF (%).** Se refiere a la homogeneidad de la longitud de la fibra y representa la relación entre el 50% “Span Length” y el 2.5% “Span Length” expresada en porcentaje.
3. **Resistencia – RESIS (g.tex<sup>-1</sup>):** corresponde a las mediciones de la resistencia de las fibras al rompimiento. Estas mediciones se toman en gramos por tex. Una unidad tex es igual al peso en gramos de 1000 metros de fibra.
4. **Elongación – ELON (%).** Se determina analizando cuanto se ha alargado una fibra o haz de fibras en el punto de rotura. Se expresa normalmente como un porcentaje de la longitud.
5. **Finura – FINU (mg.pulg<sup>2</sup>):** Esta característica se determinará por el índice de micronaire, valor que corresponde al complejo de la finura más madurez de la fibra.

## 2.4. ANÁLISIS ESTADÍSTICOS DE LOS DATOS

Los datos de campo obtenidos en cada ensayo de cada PEAM, en el Caribe seco y húmedo en las cosechas mencionadas en la Tabla 30, se almacenaron en un archivo de Excel para cada experimento individual (ambiente) y luego se creó un archivo combinado con los datos de los cuatro ambientes, correspondientes a cada PEAM. Con los datos obtenidos de cada PEAM se realizó un ANAVACO, asumiendo un modelo mixto, con genotipos como efectos fijos y ambientes como efectos aleatorios.

La significancia estadística de cada fuente de variación del ANAVACO para cada variable dependiente de interés, se realizó a través de la relación estadística de los cuadrados medios (CM) mediante la prueba F y para determinar la importancia de las fuentes de variación, se hizo la ponderación en porcentaje de las sumas de cuadrados (SC), tal como se señala en la Tabla 34. El modelo estadístico del ANAVACO, es el siguiente:

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

Dónde:  $k$  = Efecto del  $i$ -ésimo genotipo, en el ambiente y en la  $k$ -ésima repetición;  $\mu$  = media general,  $A_j$  = es el efecto del  $j$ -ésimo ambiente;  $R_{k(j)}$  = efecto de la  $k$ -ésima repetición en el  $j$ -ésimo ambiente;  $G_i$  = efecto del  $i$ -ésimo genotipo,  $(GA)_{ij}$  = es el efecto de la interacción del  $i$ -ésimo genotipo por el  $j$ -ésimo ambiente,  $\varepsilon_{ij}$  = error aleatorio, con los supuestos usuales  $\varepsilon_{ij} \sim NI(0, \sigma^2)$ .

**Tabla 34.** Análisis de varianza combinado esperado para la interacción GxA

<b>Fuentes de variación (FV)</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>E(CM)</b>	<b>Prueba F</b>	<b>Importancia FV (%)</b>
Ambientes (A)	(a-1)	SC <sub>a</sub>	CM <sub>a</sub>	$\sigma^2_e + g \sigma^2_b + gr \sigma^2_a$	CM <sub>a</sub> / CM <sub>b</sub>	(SC <sub>a</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Repeticiones (b)/A	a (r-1)	SC <sub>b</sub>	CM <sub>b</sub>	$\sigma^2_e + r \sigma^2_b$		(SC <sub>b</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Genotipos (G)	(g-1)	SC <sub>g</sub>	CM <sub>g</sub>	$\sigma^2_e + \sigma^2_{ga} + ar/(g-1)\Sigma(g_i - \bar{g})^2$	CM <sub>g</sub> / CM <sub>ga</sub>	(SC <sub>g</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Interacción (GxA)	(g-1)(a-1)	SC <sub>ga</sub>	CM <sub>ga</sub>	$\sigma^2_e + r \sigma^2_{ga}$	CM <sub>ga</sub> / CM <sub>e</sub>	(SC <sub>ga</sub> /SC <sub>t</sub> ) *100
Error (e)	a(g-1)(r-1)	SC <sub>e</sub>	CM <sub>e</sub>	$\sigma^2_e$	CM <sub>e</sub>	(SC <sub>e</sub> / SC <sub>t</sub> ) *100
Total (t)	(agr-1)	SC <sub>t</sub>				

Donde: **a** = ambientes; **r** = repeticiones; **g** = genotipos; **GL** = Grados de libertad; **SC** = Suma de cuadrados; **CM** = Cuadrado medios; **E(CM)**=Cuadrados medios esperados; **SC<sub>t</sub>** = SC<sub>(A+G+GxA)</sub>;  $\sigma^2_e$  = Varianza del error;  $\sigma^2_b$  = Varianza de la repetición;  $\sigma^2_a$  = Varianza ambiental;  $\sigma^2_{ga}$  = Varianza de la interacción GxA;  $ar/(g-1)\Sigma(g_i - \bar{g})^2$  = Varianza genética.

La significancia estadística de las F, se realizó mediante la comparación con los valores de F de tabla con sus respectivos grados de libertad y niveles del 5% o 1% de probabilidad (Tabla 9).

La regla de decisión es la siguiente: Sí  $F_c \geq F_{\text{tabla}}$ : Entonces, existe diferencia estadística al 5% o al 1%, y sí  $F_c < F_{\text{tabla}}$ : Entonces, No existe diferencia estadística para la respectiva fuente de variación.

Todos los análisis estadísticos se realizarán utilizando el programa computacional GENES versión Windows (2014.6.1), desarrollado por Cruz (2016).

### 3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### **3.1. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA LONGITUD (LONG), UNIFORMIDAD (UNIF), RESISTENCIA (RESIS), ELONGACIÓN (ELON) Y FINURA (FINU), EN EL CARIBE SECO.**

**3.1.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para longitud de fibra (LONG).** El análisis de varianza combinado para LONG, se presenta en la Tabla 35. El coeficiente de variación (CV) expresado en porcentaje (%) presentó valores de 3,4% para la cosecha 2003/2004 y de 2,1% para la cosecha 2007/2008, respectivamente. Estos CV (%) resultaron similares a lo encontrado por Campbell y Jones (2005); Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011); Teodoro et al. (2019) para las dos cosechas e indican buen control del error experimental y eficiencia en la técnica experimental. La media para LONG en ambas cosechas fue de 1.2 mm, sugiriendo que las condiciones ambientales como suelos, precipitación y manejo agronómico influyeron de manera similar en la expresión del potencial de los genotipos, mayores valores de longitud de fibra favorecen la resistencia del hilo y la uniformidad, además se produce menos desperdicio de fabricación y benefician el rendimiento del procesamiento del hilado (Cottonworks, 2018).

Comportamiento muy semejante para la significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación en las dos cosechas fue registrado para esta variable. Los cuadrados medios (CM) presentaron diferencia altamente significativa ( $p > 0,01$ ) entre A y G en ambas cosechas. Sin embargo, no hubo significancia estadística en la interacción GxA en las cosechas, esto indica que no hubo un cambio en la clasificación de los genotipos por ausencia de efecto ambiental y su clasificación no se ve afectada ante los cambios ambientales, esto concuerda con Mejía (2014); De Carvalho et al. (2015b); Blanche et al. (2006); Zeng y Meredith (2009), los cuales reportaron que G y A son significativos y la interacción GxA no es significativa.

La participación de las fuentes de variación más importantes A, G y GxA, en la suma de cuadrado (SC) para LONG, se puede observar que en la variación fenotípica (Tabla 35 y Figura 17), tuvo su mayor contribución el G, en ambas cosechas, con valores de 39,3% (2003/2004) y 50,5% (2007/2008). En orden de magnitud le siguió el A con 33,4% y

35,8%, para las cosechas 2003/2004 y 2007/2008, respectivamente. La interacción GxA fue quién menos contribuyó a explicar la variación de la SC, con 27,4% (2003/2004) y 13,7% (2007/2008), Gul et al. (2016); Abd El-Moghny y Mariz (2015) analizan este comportamiento por la divergencia genética de los genotipos y los valores de heredabilidad en sentido amplio para LONG que son altos; además la oferta ambiental para el Caribe seco favorece la expresión del genotipo, estos resultados son coherentes con Sirisha et al. (2018); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018), quienes explican que el G presenta la participación más alta, y difiere de Campbell et al. (2011); Nandhini et al. (2019), los cuales reportaron en sus estudios que la interacción GxA presenta la partición más alta.

**Tabla 35.** Análisis de varianza combinado para longitud (LONG) para el Caribe Seco Colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.

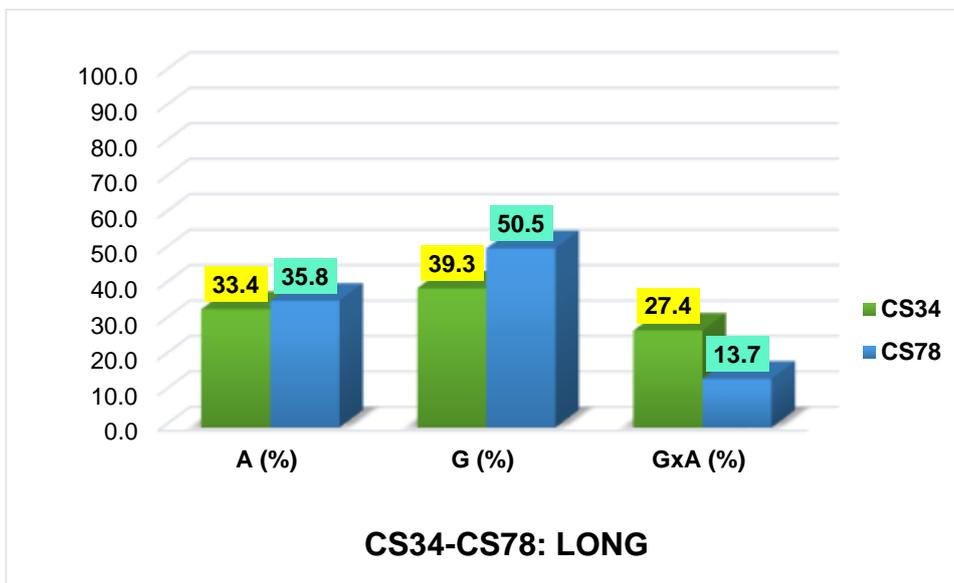
<b>(LONG)</b>		<b>Caribe seco 2003-2004</b>		
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>
BLOQUES	12	0,02344		
GENOTIPOS (G)	9	0,08653	0,00961 **	39,3
AMBIENTES (A)	3	0,07360	0,02453 **	33,4
GxA	27	0,06031	0,00223 ns	27,4
ERROR COMBINADO	108	0,17270		
TOTAL	159	0,41658		
<b>Media (mm)</b>		<b>1,2</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>3,4</b>		

<b>(LONG)</b>		<b>Caribe seco 2007-2008</b>		
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>
BLOQUES	12	0,00613		
GENOTIPOS (G)	9	0,05923	0,00658 **	50,5
AMBIENTES (A)	3	0,04192	0,01397 **	35,8
GxA	27	0,01610	0,00059 ns	13,7
ERROR COMBINADO	108	0,06720		
TOTAL	159	0,19058		
<b>Media (mm)</b>		<b>1,2</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>2,1</b>		

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV (%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 17, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA, en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe seco para LONG. Los valores extremos corresponden a las fuentes de variación G y GxA, el genotipo con la participación más alta y la interacción GxA con la participación más baja.



**Figura 17.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para longitud (LONG), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).

**3.1.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para uniformidad de fibra (UNIF).** El análisis de varianza combinado para UNIF, se presenta en la Tabla 36. El CV (%) presentó valores de 2,8% para la cosecha 2003/2004 y de 1,1% para la cosecha 2007/2008, respectivamente. Los rangos de estos CV (%) resultaron semejantes a lo reportado por Campbell y Jones (2005); De Carvalho et al. (2015b); Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011) e indican a su vez buen control del error experimental y eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación. Por lo tanto, los valores de coeficientes de variación resultan bajos como consecuencia de los genotipos que expresan sus diferencias genéticas Ribeiro et al. (2018); (Campbell et al. 2018). La media presenta valores de 79,8% (2003/2004) y 85,3% (2007/2008), sugiriendo que las condiciones edafoclimáticas y de manejo agronómico fueron más favorables para la expresión del potencial genético de los genotipos en cinco puntos para la homogeneidad de la longitud de la fibra expresado en unidades adimensionales (%), en la cosecha 2007/2008. El algodón con un índice de uniformidad bajo tiende a presentar un porcentaje alto de fibras cortas lo que afecta la uniformidad, resistencia y apariencia de los hilos. Por ejemplo, hilos cardados que han sido elaborados con fibras cuyos valores de uniformidad son bajos, se caracterizan por ser hilos desuniformes y de apariencia peluda (Cottonworks, 2018).

Los CM presentaron diferencia altamente significativa ( $p > 0,01$ ) para la interacción GxA en ambas cosechas, lo que indica un cambio en el comportamiento de los genotipos por efecto de las variaciones ambientales donde se evaluaron. Para la fuente de variación A, solo presentó significancia para la cosecha 2007/2008 siendo altamente significativa ( $p < 0,01$ ), lo que indica que, en promedio de los genotipos, por lo menos un ambiente fue diferente para esta cosecha. La fuente de variación G para la cosecha 2003/2004 presentó diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) y para la cosecha 2007/2008 fue significativa ( $p < 0,05$ ), esto explica que los G presentaron respuesta promedio diferente, estos resultados concuerdan con los estudios previos de Ibrahim et al. (2014); De Carvalho et al. (2015a); Sirisha et al. (2018); Nandhini et al. (2019); Greveniotis y Sioki (2017), los cuales encontraron diferencias altamente significativas para G, A e interacción GxA.

El aporte de las fuentes de variación A, G y GxA en la SC para UNIF, se puede observar en la variación fenotípica (Tabla 36 y Figura 18) para la cosecha 2003/2004, que tuvo su

mayor contribución con el G y GxA con valores de 49% y 46,2%, respectivamente y en menor proporción el A con 4,8%. Para la cosecha 2007/2008, el mayor aporte fue la GxA seguida del G, con valores de 49,2% y 37,6%, respectivamente y en menor proporción el A con 13,1%; en este sentido, Gul et al. (2016); Abd El-Moghny y Mariz, (2015), afirman que se debe a la divergencia genética, dado que los genotipos provienen de cruzamientos diferentes, además la relación entre la varianza genotípica y la varianza fenotípica total y los valores de heredabilidad en sentido amplio para UNIF son altos, lo que refleja una mayor variación debido genotipo, sin embargo tienen baja capacidad de amortiguación individual a las oscilaciones ambientales del Caribe seco, lo cual es concordante con Ribeiro et al. (2018) quienes encontraron en su investigación que G es la fuente de variación más importante.

**Tabla 36.** Análisis de varianza combinado para uniformidad (UNIF) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.

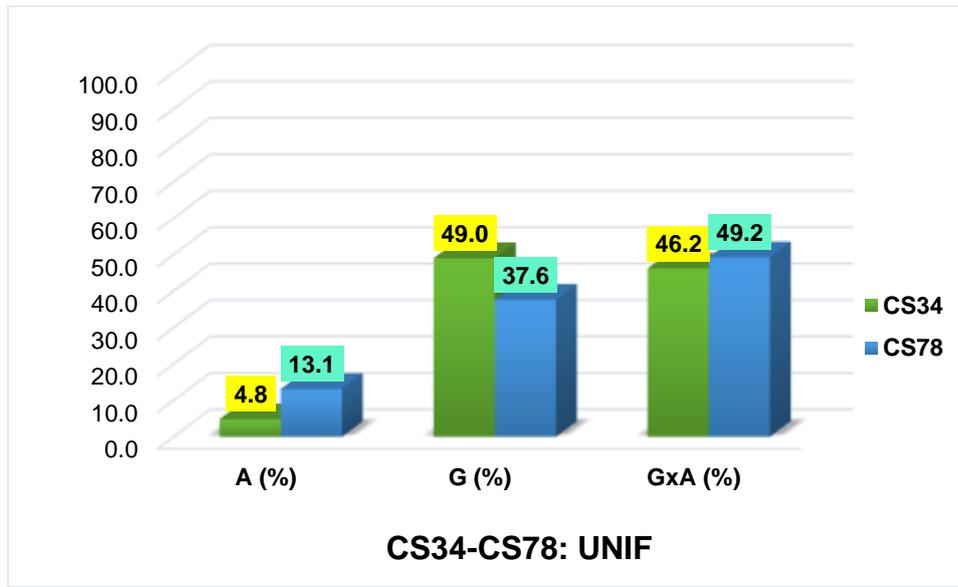
(UNIF)		Caribe seco 2003-2004		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	83,6		
GENOTIPOS (G)	9	285,5	31,7 **	49,0
AMBIENTES (A)	3	28,1	9,4 ns	4,8
GxA	27	269,0	10,0 **	46,2
ERROR COMBINADO	108	555,5		
TOTAL	159	1221,7		
<b>Media (%)</b>		<b>79,8</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>2,8</b>		

(UNIF)		Caribe seco 2007-2008		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	5,1		
GENOTIPOS (G)	9	37,6	4,2 *	37,6
AMBIENTES (A)	3	13,1	4,4 **	13,1
GxA	27	49,2	1,8 **	49,2
ERROR COMBINADO	108	85,5		
TOTAL	159	190,6		
<b>Media (%)</b>		<b>83,5</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>1,1</b>		

FV = fuente de variación; GL = grados de libertad; SC = suma de cuadrados; CM = cuadrados medios; %SC = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; ns = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; CV (%) = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 18, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de la fuente de variación A, G y GxA en el comportamiento para ambas cosechas en el Caribe seco para UNIF. Los valores extremos corresponden con la participación más alta a la fuente de variación G en la cosecha 2003/2004 y la interacción GxA para la cosecha 2007/2008 y la participación más baja es para la fuente de variación A en ambas cosechas.



**Figura 18.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para la uniformidad de fibra (UNIF), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).

**3.1.3. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para resistencia de fibra (RESIS).** El análisis de varianza combinado para RESIS, se presenta en la Tabla 37. El CV (%) presentó valores de 5,2% para la cosecha 2003/2004 y de 4,7% para la cosecha 2007/2008 respectivamente. Estos CV (%) resultaron semejantes a lo encontrado por Campbell y Jones (2005); De Carvalho et al. (2015a); Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011); Teodoro et al. (2019) para las dos cosechas y resaltan un excelente manejo experimental dado el control genético de pocos genes en la expresión del valor fenotípico de esta característica. Por lo tanto, los valores de coeficientes de variación resultan bajos como consecuencia de que los genotipos pueden expresar su potencial Ribeiro et al. (2018); (Campbell et al. 2018). La media presenta valores de 27,9 g.tex-1 (2003/2004) y 29,7 g.tex-1 (2007/2008), sugiriendo que aumento en dos puntos de resistencia de las fibras, denota mejor calidad de la misma y posiblemente obedezca a una mejor oferta ambiental en la cosecha 2007/2008 como suelos, precipitación y manejo agronómico, para que los cultivares expresaran su potencial. Algodones con buena resistencia generalmente dan menos problemas y roturas durante el procesamiento que los algodones más débiles (Cottonworks, 2018).

Los CM presentaron diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) para A y G en la cosecha 2003/2004 y de igual forma diferencia significativa ( $p < 0,05$ ) para la cosecha 2007/2008. Sin embargo, no hubo diferencia significativa para la fuente de variación GxA, en ambas cosechas, los ambientes resultaron contrastantes por los efectos del trópico, dado que son impredecibles los factores bióticos y abióticos y los genotipos debido a la divergencia genética, dado que provienen de cruzamientos diferentes y varían de una cosecha a otra, lo que les dio una mejor capacidad de amortiguación a las oscilaciones ambientales, estos resultados concuerdan con los estudios preliminares reportados por Blanche et al. (2006); Balakrishna et al. (2016), los cuales explican para RESIS diferencias significativas solo para G y A.

**Tabla 37.** Análisis de varianza combinado para la resistencia de fibra (RESIS) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.

<b>(RESIS)</b>		<b>Caribe seco 2003-2004</b>		
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>
BLOQUES	12	39,8		
GENOTIPOS (G)	9	102,4	11,4 **	35,0
AMBIENTES (A)	3	108,4	36,1 **	37,1
GxA	27	81,5	3,0 ns	27,9
ERROR COMBINADO	108	224,6		
TOTAL	159	556,7		
<b>Media (g.tex-1)</b>		<b>27,9</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>5,2</b>		

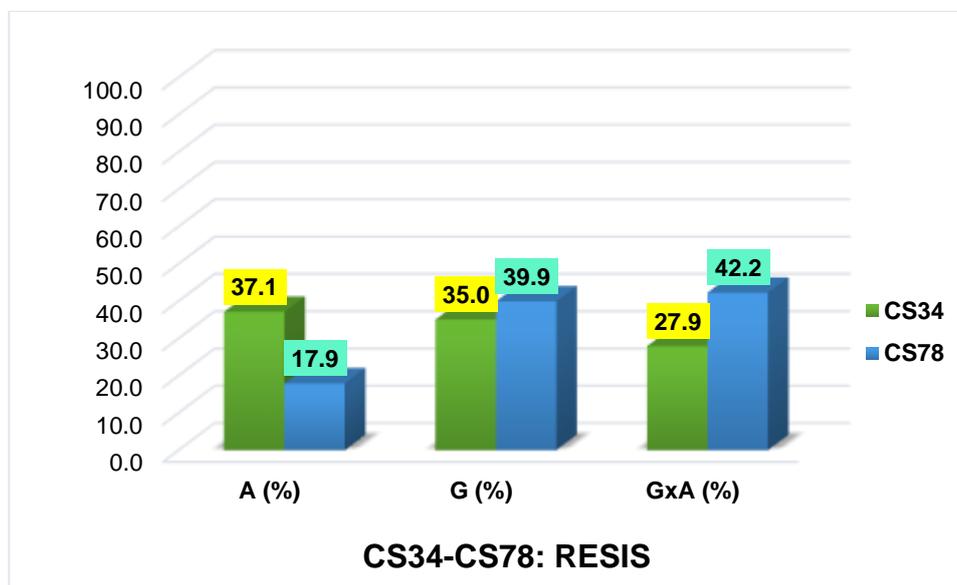
<b>(RESIS)</b>		<b>Caribe seco 2007-2008</b>		
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>
BLOQUES	12	25,6		
GENOTIPOS (G)	9	66,5	7,4 *	39,9
AMBIENTES (A)	3	29,9	10,0 *	17,9
GxA	27	70,5	2,6 ns	42,2
ERROR COMBINADO	108	208,5		
TOTAL	159	401,0		
<b>Media (g.tex-1)</b>		<b>29,7</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>4,7</b>		

<sup>1</sup>FV = fuente de variación; GL = grados de libertad; SC = suma de cuadrados; CM = cuadrados medios; %SC = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; ns = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; CV (%) = coeficiente de variación en porcentaje.

El aporte de las fuentes de variación A, G y GxA en la SC para RESIS, se puede observar que en la variación fenotípica (Tabla 37 y Figura 19) para la cosecha 2003 su mayor contribución fue el G y el A con valores de 35% y 37,1% respectivamente y en menor proporción la interacción GxA con 27,9%, estos resultados son similares a lo encontrado por Blanche et al. (2006); Campbell et al. (2011); Meredith et al. (2012); Sirisha et al. (2018); Teodoro et al. (2019), los cuales indican en sus estudios que la fuente de variación A presenta mayor participación para RESIS. Para la cosecha 2007/2008 tuvo su mayor contribución por la GxA seguida muy de cerca del G, con valores de 42,2% y 39,9%

respectivamente y en menor proporción el A con 17,9%, estos resultados coinciden con lo encontrado por Nandhini et al. (2019) los cuales sostienen que la fuente de variación GxA presenta mayor participación para RESIS y difieren con lo reportado por Blanche et al. (2006); Campbell et al. (2011); Meredith et al. (2012); Sirisha et al. (2018), quienes explican que la fuente de variación A presenta mayor participación para RESIS, estos resultados obedecen a los efectos del trópico y sus factores bióticos y abióticos en el Caribe seco, sin embargo también hay un aspecto importante es la constitución genética a nivel de genotipo que les confiere mayor capacidad de amortiguación a las oscilaciones ambientales (Cotrim et al. 2019).

En la figura 19, se puede observar mejor la diferencia en la tendencia de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe seco para RESIS. Para en la cosecha 2003/2004, se observa que los valores extremos correspondieron con la participación más alta a la fuente de variación A y la participación más baja a la interacción GxA, en cambio para la cosecha 2007/2008, la participación más alta es para la fuente de variación GxA y la participación más baja el A



**Figura 19.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para la resistencia de fibra (RESIS), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).

**3.1.4. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para elongación (ELON).** El análisis de varianza combinado para ELON, se presenta en la Tabla 38. El CV (%) presentó valores de 3,5% para la cosecha 2003/2004 y de 9,6% para la cosecha 2007/2008, respectivamente. Los rangos de estos CV (%) resultaron similares a lo reportado por Campbell y Jones (2005); De Carvalho et al. (2015b); De Carvalho et al. (2015a); Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011) e indican a su vez que para la cosecha 2003/2004, hubo mayor control del error experimental y eficiencia en el manejo experimental, comparada con la cosecha 2007/2008. ELON es un carácter altamente heredable que está controlado por pocos genes y poco afectado por las condiciones ambientales, registros que similares a los reportados por Campbell et al. (2018) y Ribeiro et al. (2018). La media presenta valores de 6,4% (2003/2004) y 5,7% (2007/2008), sugiriendo que las condiciones ambientales como suelos, precipitación y manejo agronómico influyeron de manera similar en la expresión del potencial de los genotipos. El algodón con buena elongación soporta las tensiones a las que se somete durante el proceso de hilado y, por lo tanto, se presentan menos revientes (Cottonworks, 2018).

Los CM presentaron diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) entre G en ambas cosechas, y para A solo en la cosecha 2003/2004, no existiendo diferencia significativa para A en la cosecha 2007/2008 y para la fuente de variación GxA, en ambas cosechas. Los resultados de la cosecha 2003/2004 coinciden con lo reportado por Blanche et al. (2006); Zeng et al. (2014); Balakrishna et al. (2016), quienes encontraron para ELON diferencias no significativas para GxA y altamente significativas para A y G.

Un análisis de las fuentes de variación A, G y GxA en la SC para ELON, con respecto a la variación fenotípica (Figura 20) para la cosecha 2003/2004 acusa mayor contribución del A con 54,3%, seguido del G con valor de 27,1% y en menor proporción la interacción GxA con 18,7%, esto indica que los ambientes resultaron contrastantes por los efectos del trópico, dado que son impredecibles los factores bióticos y abióticos y los genotipos debido a la divergencia genética, y variación de una cosecha a otra, lo que le otorga una mayor capacidad de amortiguación a las oscilaciones ambientales como lo expresan Gul et al. (2016) y Abd El-Moghny y Mariz, (2015). Estos resultados concuerdan con Blanche et al. (2006); Meredith et al. (2012), quienes sostienen que la fuente de variación A presenta mayor participación para ELON. Para la cosecha 2007/2008 tuvo su mayor

contribución por el G con 78,2%, seguida de la interacción GxA con valor de 19,6% y en menor proporción el A con 2,2%, estos resultados obedecen a las condiciones ambientales para esta cosecha fueron muy poco variables para causar alteración en los valores fenotípicos en las medias ambientales y concuerdan con Campbell y Jones (2005); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018), los cuales explican que la fuente de variación G presenta mayor participación para ELON.

**Tabla 38.** Análisis de varianza combinado para elongación (ELON) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.

(ELON)		Caribe seco 2003-2004		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	0,5		
GENOTIPOS (G)	9	1,5	0,2 **	27,1
AMBIENTES (A)	3	3,1	1,0 **	54,3
GxA	27	1,1	0,0 ns	18,7
ERROR COMBINADO	108	5,5		
TOTAL	159	11,7		
<b>Media (%)</b>		<b>6,4</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>3,5</b>		

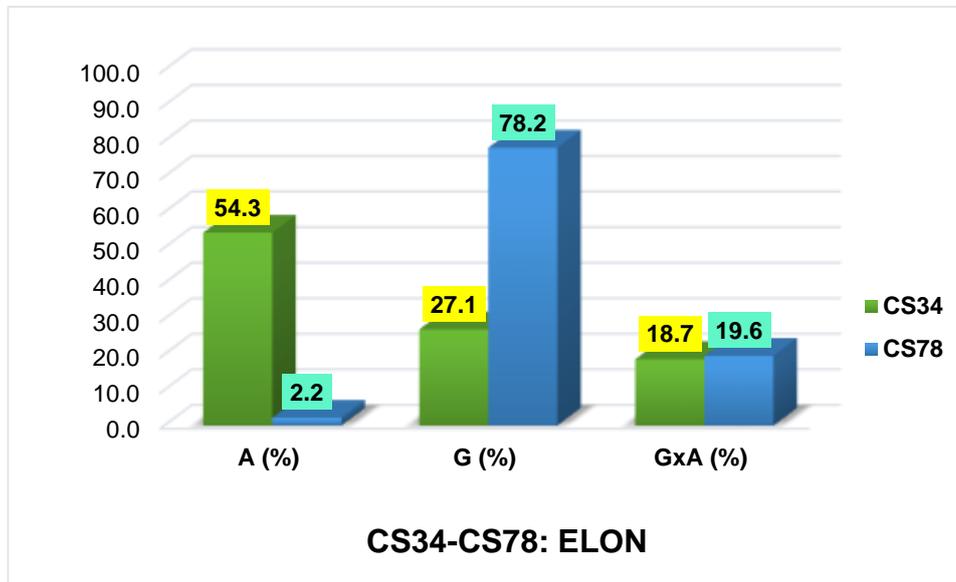
  

(ELON)		Caribe seco 2007-2008		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	3,8		
GENOTIPOS (G)	9	29,5	3,3 **	78,2
AMBIENTES (A)	3	0,8	0,3 ns	2,2
GxA	27	7,4	0,3 ns	19,6
ERROR COMBINADO	108	32,5		
TOTAL	159	74,1		
<b>Media (%)</b>		<b>5,7</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>9,6</b>		

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV (%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 20, se puede observar mejor la diferencia en la tendencia de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento para ambas cosechas, en el

Caribe seco para ELON. Para en la cosecha 2003/2004, los valores extremos corresponden con la participación más alta a la fuente de variación A y la participación más baja a la interacción GxA, en cambio para la cosecha 2007/2008, la participación más alta es para la fuente de variación G y la participación más baja el A.



**Figura 20.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para la elongación (ELON), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).

**3.1.5. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para finura (FINU).** El análisis de varianza combinado para FINU, se presenta en la Tabla 39. El CV (%) presentó valores de 3,9% para la cosecha 2003/2004 y de 5,8% para la cosecha 2007/2008 respectivamente. Estos CV (%) resultaron semejantes a lo encontrado por Campbell y Jones (2005); De Carvalho et al. (2015b); Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011); Campuzano et al. (2015) para las dos cosechas e indican a su vez que para la cosecha 2003/2004, hubo ligeramente mayor control del error experimental y mayor eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación, comparada con la cosecha 2007/2008. FINU está controlado por pocos genes, lo cual está asociado a una alta estabilidad, reflejando bajos coeficientes de variación como lo indican Campbell et al. (2018) y Ribeiro et al. (2018). La media presenta valores de 4,4 mg.pulg<sup>2</sup> (2003/2004) y 4,2 mg.pulg<sup>2</sup> (2007/2008), sugiriendo que las condiciones ambientales como suelos, precipitación y manejo agronómico influyeron de manera similar en la expresión del potencial de los genotipos. Los fabricantes de hilados demandan variedades de algodón que produzcan una fibra más fina para promover un procesamiento textil más eficiente con nuevos equipos de alta velocidad. Las fibras más finas también permiten emplear un menor recorrido y torsiones de hilo, además de ser necesarias para una resistencia máxima del hilo, además conducen a hilos y telas que son más flexibles y que tienen un mango más suave (Cottonworks, 2018).

Los CM presentaron diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) entre G para la cosecha 2003/2004 y diferencia significativa ( $p < 0,05$ ) para la cosecha 2007/2008. Además, hubo diferencias altamente significativas ( $p < 0,01$ ) para las fuentes de variación A y GxA para ambas cosechas, estos resultados coinciden con Mejía (2014); Campbell y Jones (2005); De Carvalho et al. (2015a); Sirisha et al. (2018); Teodoro et al. (2019); Greveniotis y Sioki (2017); Balakrishna et al. (2016); Nandhini et al. (2019); los cuales encontraron para FINU diferencias significativas o altamente significativas para las tres fuentes de variación (A, G y GxA).

**Tabla 39.** Análisis de varianza combinado para finura (FINU) para el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2007/2008.

(FINU)	Caribe seco 2003-2004			
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	0,3		
GENOTIPOS (G)	9	2,1	0,2 **	27,3
AMBIENTES (A)	3	3,6	1,2 **	48,1
GxA	27	1,9	0,1 **	24,5
ERROR COMB	108	3,2		
TOTAL	159	11,0		
<b>Media (mg.pulg2)</b>		<b>4,4</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>3,9</b>		

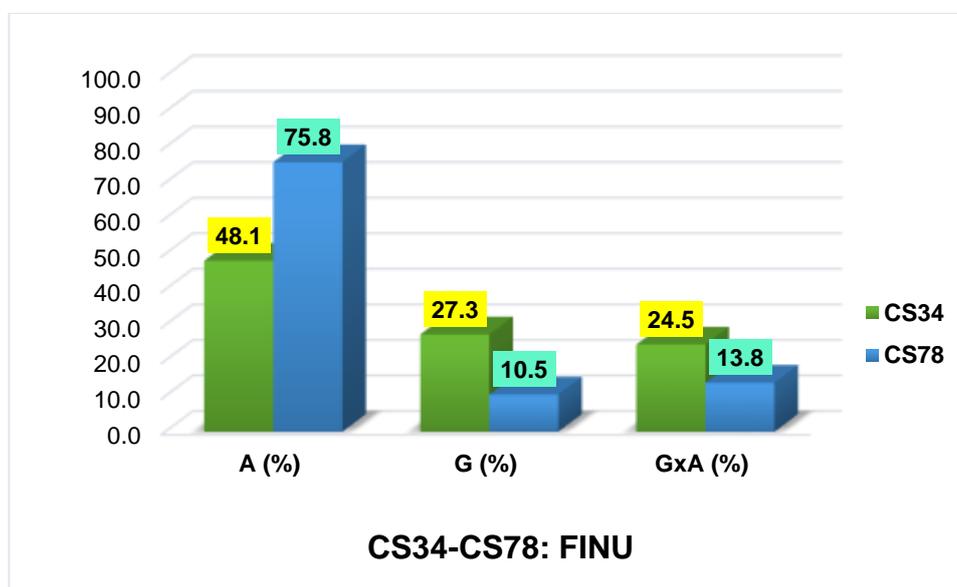
(FINU)	Caribe seco 2007-2008			
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	0,8		
GENOTIPOS (G)	9	3,1	0,3 *	10,5
AMBIENTES (A)	3	22,4	7,5 **	75,8
GxA	27	4,1	0,2 **	13,8
ERROR COMB	108	6,5		
TOTAL	159	36,9		
<b>Media (mg.pulg2)</b>		<b>4,2</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>5,8</b>		

FV = fuente de variación; GL = grados de libertad; SC = suma de cuadrados; CM = cuadrados medios; %SC = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; ns = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; CV (%) = coeficiente de variación en porcentaje.

Si analizamos la participación de las fuentes de variación A, G y GxA en la suma de cuadrado (SC) para FINU, se puede observar que en la variación fenotípica (Tabla 39 y Figura 21), tuvo su mayor contribución el A en ambas cosechas, con valores de 48,1% (2003/2004) y 75,8% (2007/2008). En orden de magnitud para la cosecha 2003/2004 le siguió el G con 27,3% y en menor contribución la interacción GxA con 24,5% y para la cosecha 2007/2008 le siguió la interacción GxA con 13,8% y en menor contribución el G con 10,5%, los ambientes resultaron contrastantes por los efectos del trópico, dado que son impredecibles los factores bióticos y abióticos, representados en el Caribe seco por

condiciones: de suelos de baja fertilidad, poca precipitación y otros factores como temperatura, humedad relativa, radiación, manejo del suelo, plagas y enfermedades, lo que originó un efecto enmascarante hacia los genotipos, por lo cual estos no expresaron todo su potencial genético (Damba, 2008); (Gul et al. 2016). Sin embargo, para G y GxA a pesar de no aportar mucho a la variación de los datos, hubo respuesta promedio diferente por la divergencia genética y su comportamiento se ve afectado por las oscilaciones ambientales, estos y es similar a lo reportado por Mejía (2014); Campbell y Jones (2005); Campbell et al. (2011); Meredith et al. (2012); Teodoro et al. (2019), que sostienen que el A presenta la participación más alta en la contribución de la variación de FINU y difiere de lo reportado por Sirisha et al. (2018); el cual sugiere que el A es quien menos aporta a la variación de FINU.

En la figura 21, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe seco para FINU. Los valores extremos corresponden a la fuente de variación A con la participación más alta para ambas cosechas, interacción GxA y G con la participación más baja para la cosecha 2003/2004 y 2007/2008 respectivamente.



**Figura 21.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para finura (FINU), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CS34) y 2007/2008 (CS78).

### **3.2. SIGNIFICANCIA ESTADÍSTICA E IMPORTANCIA DE LAS FUENTES DE VARIACIÓN PARA LONGITUD (LONG), UNIFORMIDAD (UNIF), RESISTENCIA (RESIS), ELONGACIÓN (ELON) Y FINURA (FINU), EN EL CARIBE HUMEDO.**

**3.2.1. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para longitud de fibra (LONG).** El análisis de varianza combinado para LONG, se presenta en la Tabla 40. El coeficiente de variación (CV) presentó valores de 3,1% para la cosecha 2003/2004 y de 4,3% para la cosecha 2009/2010, respectivamente. Estos CV (%) resultaron similares a lo encontrado por Campbell y Jones (2005); Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011); Teodoro et al. (2019) para las dos cosechas e indican a su vez que para la cosecha 2003/2004, hubo mayor control del error experimental y eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación, comparada con la cosecha 2009/2010, LONG es un carácter con alta heredabilidad que esta controlado por pocos genes, dado que tiene una poca variación por el ambiente. Por lo tanto, los valores de coeficientes de variación resultan bajos y permiten conclusiones más confiables Campbell et al. (2018) y Ribeiro et al. (2018). La media presenta valores de 1,1 mm para la cosecha 2003/2004 y 1,2 mm para la cosecha 2009/2010, valores menores de longitud de la fibra del algodón afectan la resistencia del hilo, la uniformidad y la eficiencia del proceso de hilado (Cottonworks, 2018).

La significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación de interés en LONG, presentaron una tendencia en su comportamiento muy similar en las dos cosechas. Los cuadrados medios (CM) presentaron diferencia altamente significativa ( $p > 0,01$ ) entre ambientes (A) y genotipos (G) en ambas cosechas. Sin embargo, no hubo significancia estadística en la interacción genotipo por ambiente (GxA) para la cosecha 2003/2004, lo cual concuerda con lo reportado por Blanche et al. (2006); Mejía (2014); De Carvalho et al. (2015b); Zeng et al. (2014), quienes encontraron en sus estudios que G y A son significativos o altamente significativos y la interacción GxA no es significativa, en cambio para la cosecha 2009/2010 si hubo diferencias altamente significativas ( $p > 0,01$ ) para la interacción GxA, estos resultados son coherentes con Campbell y Jones (2005); Campbell et al. (2011); Alves et al. (2017); Ibrahim et al. (2014); De Carvalho et al. (2015a); Farias et al. (2016); Sirisha et al. (2018); Teodoro et al. (2019), los cuales explican que LONG es altamente significativo para la interacción GxA.

Un análisis de las fuentes de variación A, G y GxA en la suma de cuadrado (SC) para LONG, resalta que la variación fenotípica (Tabla 40 y Figura 22), acusa mayor contribución por la interacción GxA, en ambas cosechas, con valores de 38,3% (2003/2004) y 45,1% (2009/2010). En orden de magnitud le siguió el G con 34,9% y 27,5%, para las cosechas 2003/2004 y 2009/2010, respectivamente y muy de cerca la fuente de variación A, quién menos contribuyó a explicar la variación de la SC, con 26,8% (2003/2004) y 27,4% (2009/2010), estos resultados explican que los ambientes fueron contrastantes e importantes debido a los factores bióticos y abióticos predecibles e impredecibles en el Caribe húmedo, pero solo para la cosecha 2009/2010 fueron capaces de originar un efecto enmascarante hacia los genotipos, razón por lo cual limitan la expresión de su potencial genético, en cambio para la cosecha 2003/2004 los genotipos presentan una mayor capacidad de amortiguación individual a las oscilaciones ambientales y concuerda con Campbell et al. (2011); Nandhini et al. (2019), quienes sostienen que la interacción GxA presenta la participación más alta y difiere de Campbell y Jones (2005); Blanche et al. (2006); Mejía (2014); Meredith et al. (2012), que sostienen que el A presenta la participación más alta para la variable LONG.

**Tabla 40.** Análisis de varianza combinado para longitud (LONG) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.

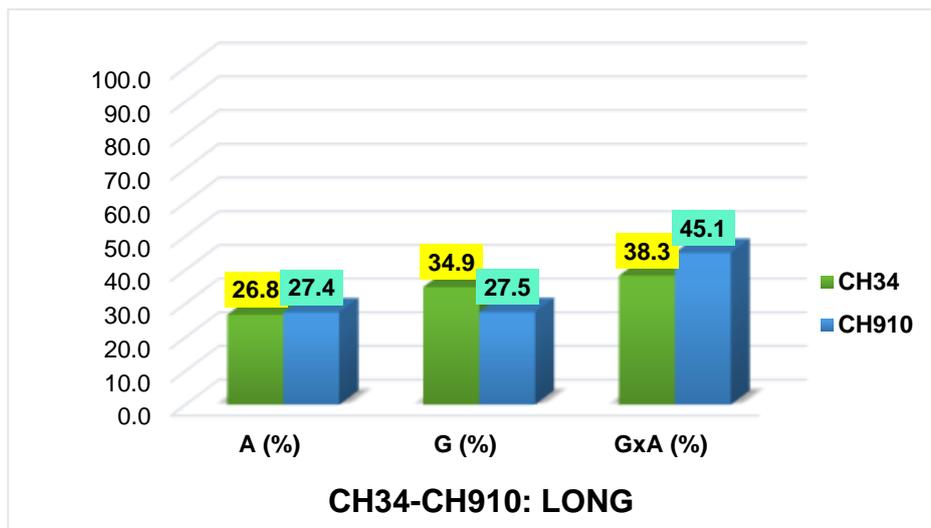
<b>(LONG)</b>		<b>Caribe húmedo 2003-2004</b>		
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>
BLOQUES	12	0,022450		
GENOTIPOS (G)	9	0,050270	0,00559 *	34,9
AMBIENTES (A)	3	0,038590	0,01286 **	26,8
GxA	27	0,055180	0,00204 ns	38,3
ERROR COMBINADO	108	0,140800		
TOTAL	159	0,307290		
<b>Media (mm)</b>		<b>1,1</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>3,1</b>		

<b>(LONG)</b>		<b>Caribe húmedo 2009-2010</b>		
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SC</b>	<b>CM</b>	<b>% SC</b>
BLOQUES	18	0,05275		
GENOTIPOS (G)	9	0,21218	0,02358 **	27,5
AMBIENTES (A)	5	0,21196	0,04239 **	27,4
GxA	45	0,34805	0,00773 **	45,1
ERROR COMBINADO	162	0,40970		
TOTAL	239	1,23464		
<b>Media (mm)</b>		<b>1,2</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>4,3</b>		

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV (%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 22, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe húmedo para LONG. Los valores extremos corresponden a la fuente de variación GxA y A, la interacción GxA con la participación más alta y el A con la participación más baja.



**Figura 22.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para longitud (LONG), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).

**3.2.2. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para uniformidad (UNIF).** El análisis de varianza combinado para UNIF, se presenta en la Tabla 41. El CV (%) presentó valores de 4,5% para la cosecha 2003/2004 y de 1,5% para la cosecha 2009/2010, respectivamente. Los rangos de estos CV (%) resultaron semejantes a lo reportado por Campbell y Jones (2005); De Carvalho et al. (2015b); Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011) e indican que para la cosecha 2009/2010, hubo mayor control del error experimental y mayor eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación, comparada con la cosecha 2003/2004. UNIF está controlado por pocos genes y es un carácter de alta heredabilidad, dado que tiene una poca variación por el ambiente, lo cual está asociado a bajos coeficientes de variación Ribeiro et al. (2018). La media presenta valores de 79,7% (2003/2004) y 84,2% (2009/2010), sugiriendo condiciones edafoclimáticas y de manejo agronómico fueron más favorables para la expresión del potencial genético de los genotipos en cuatro puntos para la homogeneidad de la longitud de la fibra expresado en unidades adimensionales (%), en la cosecha 2009/2010. Valores bajos de uniformidad están relacionados con alto porcentaje de fibras cortas, tal algodón puede ser difícil de procesar y es probable que produzca hilo de baja calidad (Cottonworks, 2018).

Los CM presentaron diferencia significativa ( $p > 0,05$ ) para A en ambas cosechas, lo que indica que los ambientes donde se realizaron las evaluaciones, al menos uno fue diferente. Para la fuente de variación G, hubo diferencias significativas ( $p > 0,05$ ) para la cosecha 2003/2004 y diferencias altamente significativas ( $p > 0,01$ ) para la cosecha 2009/2010, esto explica que los G presentaron respuesta promedio diferente entre ellos. A este respecto, Gul et al. (2016) sostienen que ello obedece a la divergencia genética, dado que los genotipos provienen de cruzamientos diferentes. La fuente de variación de la interacción GxA no presentó diferencias significativas para ambas cosechas, lo que indica que no hubo un cambio en el comportamiento de los genotipos por efecto de las variaciones ambientales donde se evaluaron y ocurre posiblemente por la capacidad de amortiguación individual de los genotipos a las oscilaciones ambientales, estos resultados coinciden con los obtenidos por De Carvalho et al. (2015b); Farias et al. (2016), quienes indican que la interacción GxA no es significativa para esta variable.

La participación de las fuentes de variación más importantes A, G y GxA en la SC para UNIF (Tabla 41 y Figura 23), indica que en la variación fenotípica de la cosecha 2003/2004 tuvo su mayor contribución la interacción GxA (44,6%) seguido del G (38,1%) y en menor proporción el A (17,4%), a diferencia de la cosecha 2009/2010 quién explica con una mayor contribución es el G (40,1%) seguido de GxA (35,7%) y en menor proporción (24,2%); estos resultados muestran que en ambas cosechas quién menos contribuyo a explicar la variación de SC es la fuente de variación A, lo cual se explica por la relación entre la varianza genotípica y la varianza fenotípica total y los valores de heredabilidad en sentido amplio para UNIF que son altos, lo que refleja una mayor variación debido genotipo (Gul et al. 2016); (Abd El-Moghny y Mariz, 2015) y coincide con la investigación de Ribeiro et al. (2018), los cuales afirman que G es quien más aporta a la variación de los datos.

**Tabla 41.** Análisis de varianza combinado para uniformidad (UNIF) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.

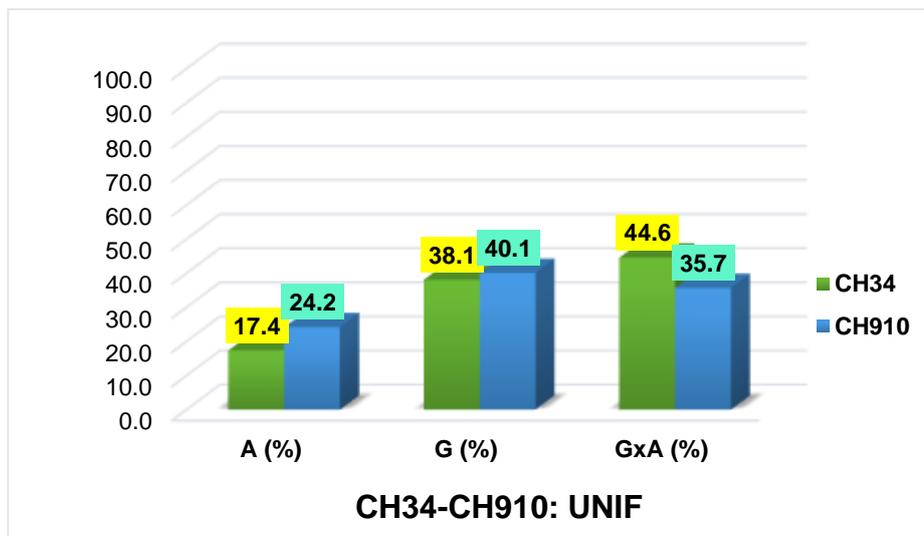
(UNIF)		Caribe húmedo 2003-2004		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	205,5		
GENOTIPOS (G)	9	407,4	45,3 *	38,1
AMBIENTES (A)	3	185,7	61,9 *	17,4
GxA	27	477,2	17,7 ns	44,6
ERROR COMB	108	1377,2		
TOTAL	159	2653,0		
<b>Media (%)</b>		<b>79,7</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>4,5</b>		

(UNIF)		Caribe húmedo 2009-2010		
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	18	45,6		
GENOTIPOS (G)	9	75,7	8,4 **	40,1
AMBIENTES (A)	5	45,7	9,1 *	24,2
GxA	45	67,4	1,5 ns	35,7
ERROR COMB	162	259,0		
TOTAL	239	493,3		
<b>Media (%)</b>		<b>84,2</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>1,5</b>		

FV = fuente de variación; GL = grados de libertad; SC = suma de cuadrados; CM = cuadrados medios; %SC = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; ns = No significativo; \* = significativo al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; CV (%) = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 23, se puede observar mejor la diferencia en la tendencia de la importancia de la fuente de variación A, G y GxA en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe húmedo para UNIF. Los valores extremos representan con la participación más alta a la fuente de variación GxA en la cosecha 2003/2004 y G para la cosecha 2009/2010 y la participación más baja es para la fuente de variación A en ambas cosechas.



**Figura 23.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para uniformidad (UNIF), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).

**3.2.3. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para resistencia (RESIS).** El análisis de varianza combinado para RESIS, se presenta en la Tabla 42. El CV (%) presentó valores de 4,3% para la cosecha 2003/2004 y de 5,1% para la cosecha 2009/2010 respectivamente. Estos CV (%) resultaron semejantes a lo encontrado por Campbell y Jones (2005); De Carvalho et al. (2015a); Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011) y Teodoro et al. (2019) e indican un buen manejo en la técnica experimental utilizada en la investigación. RESIS está controlado por pocos genes y es un carácter heredabilidad media a alta, dado que tiene una poca variación por el ambiente, por eso sus bajos coeficientes de variación (Campbell et al. 2018); Ribeiro et al. (2018). La media presenta valores de 28,1 g.tex-1 (2003/2004) y 31,7 g.tex-1 (2009/2010), sugiriendo que aumento en tres puntos de resistencia de las fibras al rompimiento de una cosecha a otra, posiblemente obedezca a una mejor oferta ambiental en la cosecha 2009/2010 como suelos, precipitación y manejo agronómico, para que los cultivares expresaran su potencial. El algodón con mayor resistencia soportará mejor las tensiones a la que es sometido durante el proceso de hilado, lo que disminuirá los revientes y permitirá la fabricación de hilos más uniformes (Cottonworks, 2018).

Los CM para la cosecha 2003/2004 presentaron diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) para G y no hubo diferencias significativas para A y GxA, estos resultados concuerdan con Campbell y Jones (2005); Espitia et al. (1993); Blanche et al. (2006); Mejía (2014); De Carvalho et al. (2015b); Ribeiro et al. (2018), que sostienen que la fuente de variación G fue altamente significativa, en cambio para la cosecha 2009/2010 hubo diferencias altamente significativas ( $p < 0,01$ ) para G, A y GxA, estos resultados concuerdan con lo reportado por Campbell y Jones (2005); Mejía (2014); De Carvalho et al. (2015a); Farias et al. (2016); Zeng et al. (2014); Singh et al. (2014); Sirisha et al. (2018); Teodoro et al. (2019), los cuales explican que hubo diferencias altamente significativas para las tres fuentes de variación.

**Tabla 42.** Análisis de varianza combinado para resistencia (RESIS) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.

(RESIS)	Caribe húmedo 2003-2004			
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	41,0		
GENOTIPOS (G)	9	119,2	13,2 **	68,7
AMBIENTES (A)	3	21,6	7,2 ns	12,4
GxA	27	32,8	1,2 ns	18,9
ERROR COMB	108	160,9		
TOTAL	159	375,5		
<b>Media (g.tex-1)</b>		<b>28,1</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>4,3</b>		

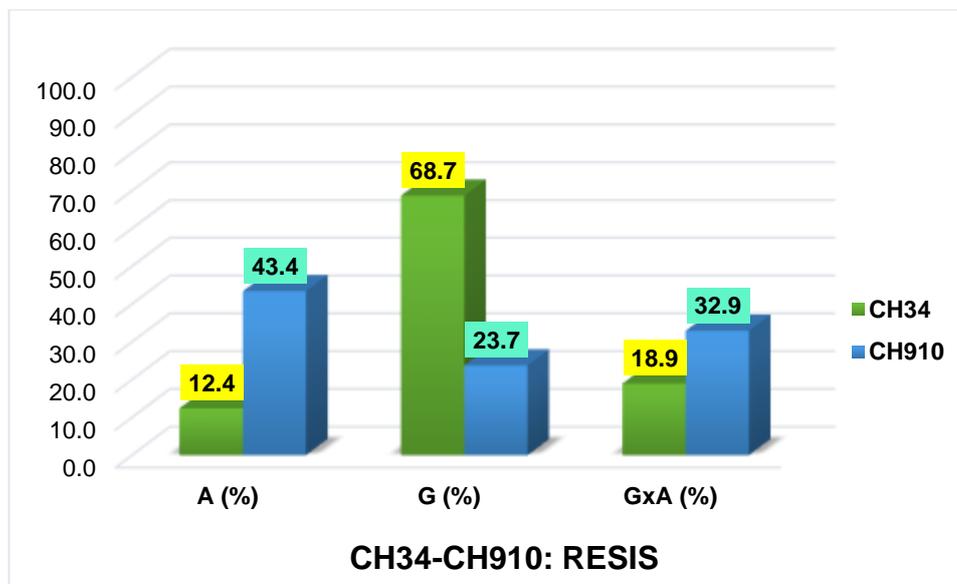
(RESIS)	Caribe húmedo 2009-2010			
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	18	101,3		
GENOTIPOS (G)	9	181,2	20,1 **	23,7
AMBIENTES (A)	5	331,5	66,3 **	43,4
GxA	45	251,3	5,6 **	32,9
ERROR COMB	162	416,1		
TOTAL	239	1281,4		
<b>Media (g.tex-1)</b>		<b>31,7</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>5,1</b>		

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significativo al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV (%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

Un análisis del aporte de las fuentes de variación A, G y GxA en la SC para RESIS, (Tabla 42 y Figura 24), resalta que para la cosecha 2003/2004 acusa mayor contribución por el G (68,7%), seguido de GxA (18,9%) y en menor proporción A (12,4%), esto indica que los ambientes fueron muy similares en su comportamiento promedio y favorables para la expresión del potencial genético de los diferentes genotipos y coincide con Campbell y Jones (2005); Meredith et al. (2012); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018), los cuales sostienen que la fuente de variación G presenta mayor participación para RESIS. Para la cosecha 2009/2010 tuvo su mayor contribución por el A (43,4%), seguida de GxA (32,9%) y en menor proporción el G (23,7%), estos resultados explican que los ambientes fueron contrastantes e importantes debido a los factores bióticos y abióticos

predecibles e impredecibles en el Caribe húmedo para la cosecha 2009/2010, los cuales fueron capaces de encubrir el efecto de los genotipos; por lo tanto, no expresan su potencial genético y presentan una baja capacidad de amortiguación individual a las oscilaciones ambientales, esto concuerda con lo reportado por Blanche et al. (2006); Campbell et al. (2011); Sirisha et al. (2018); Teodoro et al. (2019), los cuales reportan que la fuente de variación A presenta mayor participación para RESIS.

En la figura 24, se puede observar mejor la diferencia en la tendencia de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe húmedo para RESIS. Para en la cosecha 2003/2004, los valores extremos corresponden con la participación más alta a la fuente de variación G y la participación más baja el A, en cambio para la cosecha 2009/2010, la participación más alta es para la fuente de variación A y la participación más baja el G.



**Figura 24.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados (SC), para la resistencia (RESIS), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).

**3.2.4. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para elongación (ELON).** El análisis de varianza combinado para ELON, se presenta en la Tabla 43. El CV (%) presentó valores de 3,6% para la cosecha 2003/2004 y de 8,0% para la cosecha 2009/2010, respectivamente. Los rangos de estos CV (%) resultaron similares a lo reportado por Campbell y Jones (2005); De Carvalho et al. (2015b); De Carvalho et al. (2015a); Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011) e indican a su vez que para la cosecha 2003/2004, hubo mayor control del error experimental y mayor eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación. ELON está controlado por pocos genes y es un carácter de alta heredabilidad, dado que tiene una poca variación por el ambiente, lo cual está asociado a bajos coeficientes de variación (Campbell et al. 2018). La media presenta valores de 6,7% (2003/2004) y 5,5% (2009/2010), sugiriendo que aumento en un punto del alargado de una fibra hasta su punto de rotura de una cosecha a otra, posiblemente obedezca a una mejor oferta ambiental en la cosecha 2003/2004 como suelos, precipitación y manejo agronómico, para que los cultivares expresaran su potencial. La elongación afecta significativamente la eficiencia del tejido, un aumento en el alargamiento de la fibra a veces puede reducir la rotura del extremo giratorio y la resistencia del hilo (Cottonworks, 2018).

Los CM presentaron diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) entre G en ambas cosechas, la cosecha 2003/2004 presentó diferencias significativas ( $p < 0,05$ ) para A y no presentó significancia para GxA, estos resultados concuerdan con Blanche et al. (2006); Zeng et al. (2014); Balakrishna et al. (2016), los cuales sostienen que solo G y A son significativas y la cosecha 2009/2010 no presentó significancia para A y diferencias altamente significativas ( $p < 0,01$ ) para GxA, estos resultados coinciden con Ibrahim et al. (2014) el cual reporta que para esta variable, A no es significativo.

Un análisis de las fuentes de variación A, G y GxA en la SC para ELON, se puede observar que la variación fenotípica (Tabla 43 y Figura 25) para la cosecha 2003/2004 tuvo su mayor contribución por el G con 54,2%, seguido de GxA con valor de 28,9% y en menor proporción el A con 16,8%. Gul et al. (2016) y Abd El-Moghny y Mariz, (2015), explican que la relación entre la varianza genotípica y la varianza fenotípica total y los valores de heredabilidad en sentido amplio para ELON son altos, lo que refleja una mayor variación debido genotipo, además de presentar una buena capacidad de amortiguación a

las oscilaciones ambientales que no cambio su clasificación en las diferentes localidades. Para la cosecha 2009/2010 el mayor aporte fue dado por GxA con 49,0%, muy de cerca de G con valor de 43,3% y en menor proporción el A con 7,7%, lo que indica que las condiciones ambientales de esta cosecha favorecieron la expresión del genotipo sin embargo, su clasificación se vio afectada por los cambios ambientales, estos resultados para la cosecha 2003/2004 concuerdan con Campbell y Jones (2005); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018), los cuales explican que la fuente de variación G presenta mayor participación para ELON y para la cosecha 2009/2010 concuerdan con Sirisha et al. (2018), quienes afirman que la fuente de variación GxA presenta mayor participación.

**Tabla 43.** Análisis de varianza combinado para elongación (ELON) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.

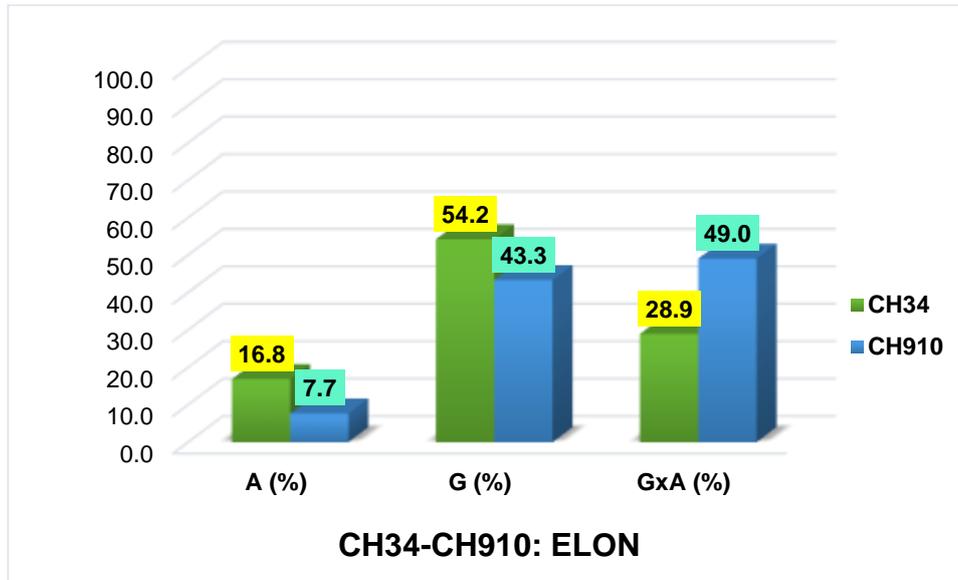
(ELON)	Caribe húmedo 2003-2004			
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	12	1,0		
GENOTIPOS (G)	9	3,2	0,4 **	54,2
AMBIENTES (A)	3	1,0	0,3 *	16,8
GxA	27	1,7	0,1 ns	28,9
ERROR COMB	108	6,3		
TOTAL	159	13,2		
<b>Media (%)</b>		<b>6,7</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>3,6</b>		

(ELON)	Caribe húmedo 2009-2010			
FV	GL	SC	CM	% SC
BLOQUES	18	4,4		
GENOTIPOS (G)	9	18,8	2,1 **	43,3
AMBIENTES (A)	5	3,3	0,7 ns	7,7
GxA	45	21,3	0,5 **	49,0
ERROR COMB	162	31,2		
TOTAL	239	79,0		
<b>Media (%)</b>		<b>5,5</b>		
<b>CV (%)</b>		<b>8,0</b>		

<sup>1</sup>FV = fuente de variación; GL = grados de libertad; SC = suma de cuadrados; CM = cuadrados medios; %SC = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; ns = No significativo; \* = significancia al 5% p>0,05 en la prueba de F; \*\* = significativo al 1% p>0,01 en la prueba de F; CV (%) = coeficiente de variación en porcentaje.

En la figura 25, se puede observar mejor la diferencia en la tendencia de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe húmedo para ELON. Para en la cosecha 2003/2004, los valores extremos corresponden con la participación más alta a la fuente de variación G y la participación más baja el A, en cambio para la cosecha 2009/2010, la participación más alta es para la fuente de variación GxA y la participación más baja el A.



**Figura 25.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para la elongación (ELON), en el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).

**3.2.5. Significancia estadística e importancia de las fuentes de variación para finura (FINU).** El análisis de varianza combinado para FINU, se presenta en la Tabla 44. El CV (%) presentó valores de 4,7% para la cosecha 2003/2004 y de 7,7% para la cosecha 2009/2010 respectivamente. Estos CV (%) resultaron semejantes a lo encontrado por Campbell y Jones (2005); De Carvalho et al. (2015b); Farias et al. (2016); Campbell et al. (2011); Campuzano et al. (2015); Teodoro et al. (2019) para las dos cosechas e indican a su vez que en la cosecha 2003/2004, hubo un mayor control del error experimental y mayor eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación, comparada con la cosecha 2009/2010. FINU está controlado por pocos genes y es un carácter de mediana heredabilidad, lo cual está asociado a bajos coeficientes de variación (Campbell et al. 2018); Ribeiro et al. (2018). La media presenta valores de 4,4 mg.pulg<sup>2</sup> (2003/2004) y 4,5 mg.pulg<sup>2</sup> (2009/2010), sugiriendo que las condiciones ambientales como suelos, precipitación y manejo agronómico influyeron de manera similar en la expresión del potencial de los genotipos. La finura de la fibra es fundamental para el calibre de los hilos; las fibras finas se utilizan para la elaboración de hilos delgados, y las fibras ásperas para la elaboración de hilos gruesos (Cottonworks, 2018).

Los CM presentaron diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) entre G y A en ambas cosechas, para la cosecha 2003/2004 la interacción GxA no presentó significancia estadística, estos resultados coinciden con lo reportado por Blanche et al. (2006); Farias et al. (2016); Zeng et al. (2014) y Usman et al. (2016), los cuales sostienen que existe significancia estadística para G y A y no hubo significancia estadística para la fuente de variación GxA. Para la cosecha 2009/2010 hubo diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ) para GxA, estos resultados concuerdan con lo reportado por Campbell y Jones (2005); Mejia (2014); De Carvalho et al. (2015a); Sirisha et al. (2018); Teodoro et al. (2019); Greveniotis y Sioki (2017); Balakrishna et al. (2016); Nandhini et al. (2019), los cuales sostienen que existen diferencias significativas o altamente significativas para las tres fuentes (G, A, GxA).

**Tabla 44.** Análisis de varianza combinado para finura (FINU) para el Caribe húmedo colombiano, durante las cosechas 2003/2004 y 2009/2010.

(FINU)		Caribe húmedo 2003-2004			
FV	GL	SC	CM	% SC	
BLOQUES	12	0,5			
GENOTIPOS (G)	9	1,4	0,2 **	40,2	
AMBIENTES (A)	3	1,0	0,3 **	29,7	
GxA	27	1,1	0,0 ns	30,1	
ERROR COMB	108	4,6			
TOTAL	159	8,6			
<b>Media (mg.pulg2)</b>		<b>4,4</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>4,7</b>			

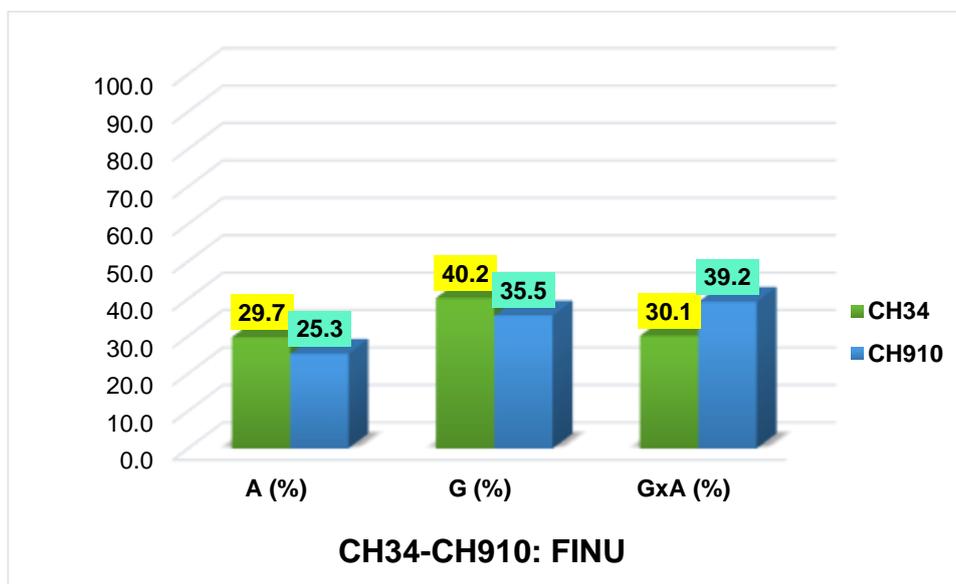
(FINU)		Caribe húmedo 2009-2010			
FV	GL	SC	CM	% SC	
BLOQUES	18	1,6			
GENOTIPOS (G)	9	9,6	1,1 **	35,5	
AMBIENTES (A)	5	6,8	1,4 **	25,3	
GxA	45	10,6	0,2 **	39,2	
ERROR COMB	162	19,8			
TOTAL	239	48,4			
<b>Media (mg.pulg2)</b>		<b>4,5</b>			
<b>CV (%)</b>		<b>7,7</b>			

**FV** = fuente de variación; **GL** = grados de libertad; **SC** = suma de cuadrados; **CM** = cuadrados medios; **%SC** = participación en porcentaje en la suma de cuadrados; **ns** = No significativo; \* = significancia al 5%  $p > 0,05$  en la prueba de F; \*\* = significativo al 1%  $p > 0,01$  en la prueba de F; **CV (%)** = coeficiente de variación en porcentaje.

Un análisis del aporte de las fuentes de variación A, G y GxA en la suma de cuadrado (SC) para FINU, se puede observar que la variación fenotípica (Tabla 44 y Figura 26) para la cosecha 2003/2004 tuvo su mayor contribución por el G (40,2%), seguido con valores similares por GxA (30,1%) y A (29,7), estos resultados indican que los genotipos son divergentes, que fue afectada la clasificación de los genotipos por los efectos ambientales y así mismo, las condiciones ambientales que fueron contrastantes y concuerda con lo reportado Sirisha et al. (2018); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018), los cuales afirman que la fuente de variación G presenta mayor participación para FINU. Para la cosecha 2009/2010 tuvo su mayor contribución por GxA (39,2%), seguido de G (35,5%) y en menor contribución A (25,3%), lo que indica que los ambientes afectaron la posición de los genotipos, la existencia de diferencias genéticas

entre genotipos y ambientes divergentes debido a los factores bióticos y abióticos en el Caribe húmedo en la cosecha 2009/2010, originando un efecto enmascarante hacia los genotipos, por eso no expresan todo su potencial genético y su clasificación se ve influenciada por las oscilaciones ambientales

En la figura 26, se puede observar mejor la diferencia en la tendencia de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento para ambas cosechas, en el Caribe húmedo para FINU. Para la cosecha 2003/2004, los valores extremos corresponden con la participación más alta a la fuente de variación G, en cambio para la cosecha 2009/2010, la participación más alta es para la fuente de variación GxA y la participación más baja es el A para ambas cosechas.



**Figura 26.** Participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, en la suma de cuadrados, para finura (FINU), en el Caribe seco colombiano, durante las cosechas 2003/2004 (CH34) y 2009/2010 (CH910).

### **3.3. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS DEL CARIBE SECO VERSUS EL CARIBE HÚMEDO, COLOMBIANO**

**3.3.1. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para longitud de fibra (LONG).** Los resultados de la importancia de las fuentes de variación de interés en ambas sub-zonas, CS y CH, para LONG, se presenta en la Tabla 45. Las diferencias (%) presentan en la comparación de las cosechas, 2003/2004 (CH34) con 2003/2004 (CS34) la participación de las fuentes de variación (A, G y GxA) expresadas en la suma de cuadrados (SC). Se observa que la variación fenotípica tuvo mayor contribución fue la interacción GxA con el 10,9%, este valor positivo sugiere que la GxA fue mayor en la cosecha del Caribe húmedo. En orden de magnitud le siguió el ambiente (A) con -6,6% y por último el genotipo (G) con el -4,4%, estos valores negativos sugieren que las fuentes de variación A y G fueron mayores en la cosecha del Caribe seco (CS). La longitud de la fibra está determinada por una interacción de la variedad de algodón, el ambiente de crecimiento y el manejo del cultivo. Las temperaturas extremas, el estrés hídrico, la presión de los insectos, las deficiencias de nutrientes y la limpieza o el secado excesivo puede acortar la longitud de la fibra (Cottonworks, 2018).

La comparación de las cosechas 2009/2010 (CH910) con 2007/2008 (CS78), presentan una tendencia similar a las cosechas anteriores 2003/2004, ya que la variación fenotípica tuvo mayor contribución por la interacción GxA, en el Caribe húmedo, con un valor de 31,3% y, seguido G y A, en el Caribe seco, con valores de -23,0% y -8,3%, respectivamente (Tabla 45).

La media de las fuentes de variación de interés A, G y GxA para LONG, en las diferencias (%) señalan que, a nivel general, la fuente variación que tuvo mayor contribución es la interacción GxA, con valores de 21,1% a favor del Caribe húmedo. En orden de magnitud le siguió el G con -13,7% y por último el A con -7,5% a favor del Caribe seco.

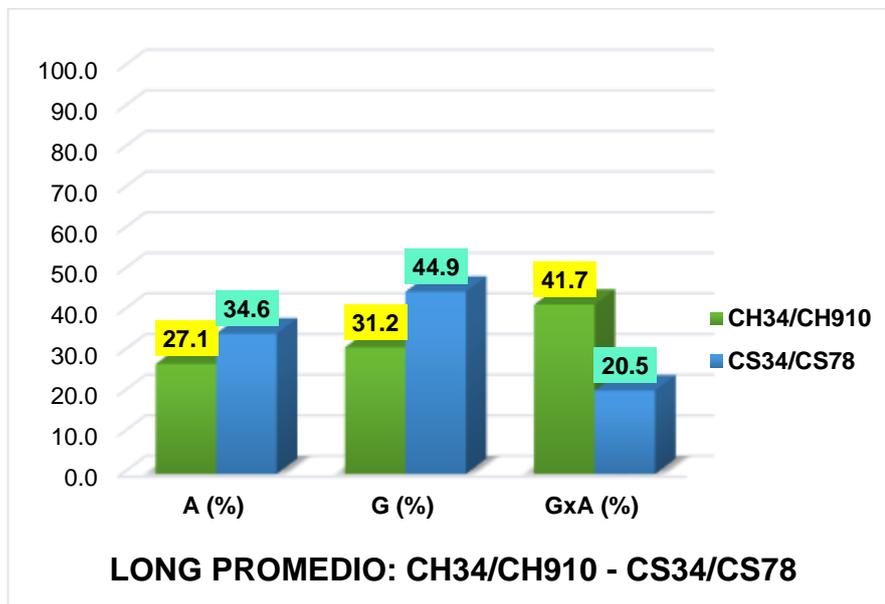
**Tabla 45.** Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para longitud (LONG), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).

COSECHAS	%SC (LONG)			COSECHAS	%SC (LONG)			COSECHAS	DIFERENCIA (%)		
	A	G	GXA		A	G	GXA		A	G	GXA
CS34	33,4	39,3	27,4	CH34	26,8	34,9	38,3	CH34-CS34	-6,6	-4,4	10,9
CS78	35,8	50,5	13,7	CH910	27,4	27,5	45,1	CH910-CS78	-8,3	-23,0	31,3
<b>Media</b>	<b>34,6</b>	<b>44,9</b>	<b>20,5</b>		<b>27,1</b>	<b>31,2</b>	<b>41,7</b>		<b>-7,5</b>	<b>-13,7</b>	<b>21,1</b>

Si comparamos la media del aporte de las fuentes de variación A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC) para LONG, en cada sub-zona, se puede observar (Figura 27), para la sub-zona del Caribe seco, que la fuente de variación con mayor contribución es el G con 44,9%, en orden de magnitud le siguió el A con 34,6% y por último, la interacción GxA con 20,5%. Para la sub-zona del Caribe húmedo la fuente de variación que tuvo mayor contribución es la interacción GxA con 41,7%, en orden de magnitud le siguió el G con 31,2% y la fuente de variación A fue quien menos contribuyó a explicar la variación de la SC, con 27,1%. Esto indica para LONG, que el número de ambientes para cada prueba de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) permite observar algunas diferencias y variación a nivel de genotipo en el Caribe seco, algo similar en el Caribe húmedo, pero en menor proporción.

En la figura 27, se puede observar mejor la diferencia en la tendencia de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA, en el comportamiento de ambas sub-zonas para LONG. En el Caribe seco se evidencia que la fuente de variación más marcada es el genotipo, y se explica debido a ambientes poco contrastantes en el Caribe seco al momento de definir la planta la LONG, además esta es una variable está controlada por pocos genes y es de alta heredabilidad, con poca variación por el ambiente (Campbell et al. 2018), estos resultados concuerdan con Sirisha et al. (2018); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018); los cuales sostienen que el G presenta la participación más alta, y difiere de Campbell et al. (2011), quienes explicaron que la interacción GxA presenta la partición más alta. En el Caribe húmedo se evidencia que la fuente de variación más marcada es la interacción GxA, lo que explica que los genotipos evaluados tienen una baja capacidad de amortiguación individual para las oscilaciones ambientales

del Caribe húmedo y coincide con lo reportado por Campbell et al. (2011); Nandhini et al. (2019), los cuales reportan que la interacción GxA presenta la partición más alta.



**Figura 27.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para longitud (LONG), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).

**3.3.2. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para uniformidad (UNIF).** Los resultados de la importancia de las fuentes de variación de interés en ambas sub-zonas, CS y CH para UNIF, se presenta en la Tabla 46. Las diferencias en términos porcentuales, presentan la comparación de las cosechas, 2003/2004 (CH34) con 2003/2004 (CS34) y la participación de las fuentes de variación A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC). Se evidencia que la variación fenotípica tuvo mayor contribución por el A, con el 12,5%, este valor positivo sugiere que la fuente de variación A fue mayor en la cosecha del Caribe húmedo. En el orden de magnitud le siguió el G, con -10,9% y por último la interacción GxA, con -1,6%, estos valores negativos sugieren que las fuentes de variación G y GxA fueron mayores en la cosecha del Caribe seco.

La comparación de las cosechas 2009/2010 (CH910) con 2007/2008 (CS78), presentan una tendencia diferente a las cosechas anteriores 2003/2004 y la variación fenotípica tuvo

mayor contribución por la interacción GxA, en el Caribe seco, con -13,5% y, seguido A y G, en el Caribe húmedo, con valores de 11,1% y 2,5%, respectivamente (Tabla 46).

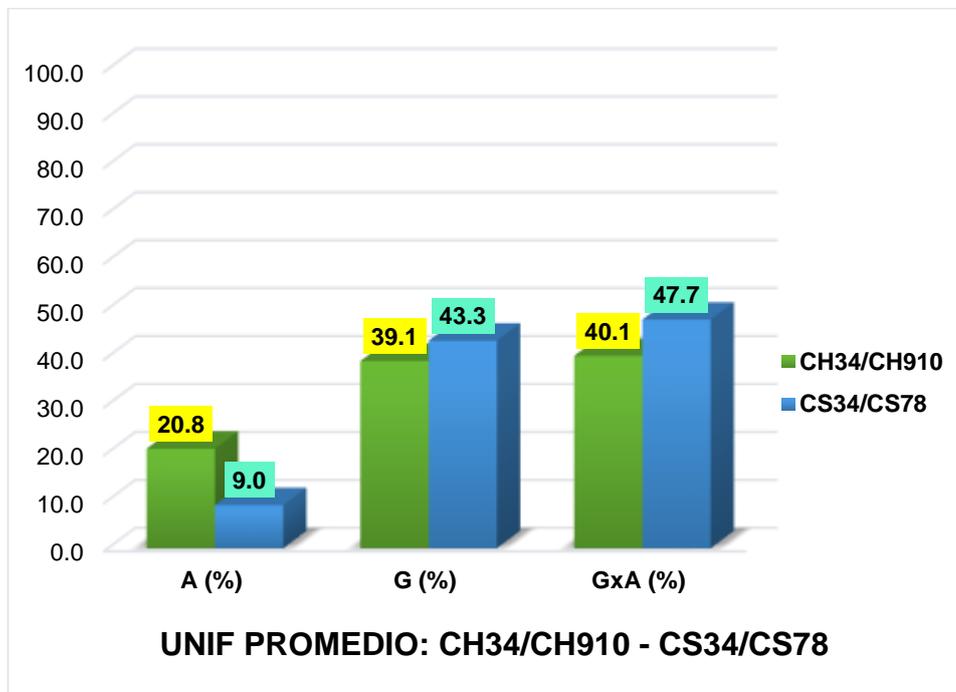
La media de las fuentes de variación de interés A, G y GxA para UNIF, en las diferencias (%) indican que, a nivel general, la variación fenotípica que tuvo mayor contribución es el ambiente (A), con 11,8% a favor del Caribe húmedo. En orden de magnitud le siguió la interacción GxA, con -7,6% y, por último, el genotipo (G) con -4,2% a favor del Caribe seco (Tabla 46).

**Tabla 46.** Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para uniformidad (UNIF), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).

COSECHAS	%SC (UNIF)			COSECHAS	%SC (UNIF)			COSECHAS	DIFERENCIA (%)		
	A	G	GXA		A	G	GXA		A	G	GXA
CS34	4,8	49,0	46,2	CH34	17,4	38,1	44,6	CH34-CS34	12,5	-10,9	-1,6
CS78	13,1	37,6	49,2	CH910	24,2	40,1	35,7	CH910-CS78	11,1	2,5	-13,5
Media	9,0	43,3	47,7		20,8	39,1	40,1		11,8	-4,2	-7,6

El aporte de las fuentes de variación A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC) para UNIF, en cada sub-zona, se puede observar (Figura 28) que la fuente de variación que tuvo mayor contribución es la interacción GxA, en ambas sub-zonas, con valores de 40,1% (Caribe húmedo) y 47,7% (Caribe seco). En orden de magnitud le siguió el G con 39,1% y 43,3%, para las sub-zonas Caribe húmedo (CH) y Caribe seco (CS), respectivamente. La fuente de variación A fue quien menos contribuyó a explicar la variación de la SC, con 20,8% (CH) y 9,0% (CS). Esto indica para UNIF, que el número de ambientes para cada prueba de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) permite observar algunas diferencias y variación a nivel de genotipo en el Caribe seco, algo similar en el Caribe húmedo, pero en menor proporción, además la interacción GxA fue importante en ambas zonas, explicando que hay cambios en la clasificación de los genotipos debido a las oscilaciones ambientales propios de las condiciones impredecibles del trópico.

En la figura 28, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento de ambas sub-zonas para UNIF, se evidencia que la fuente de variación más marcada es la interacción GxA y se resalta aún más en el Caribe seco, esto obedece a que los genotipo, fueron muy sensibles a las oscilaciones ambientales contrastantes, además esta es una variable está controlada por pocos genes y es de alta heredabilidad, presentando poca variación por el ambiente, principalmente para la zona del Caribe seco Gul et al. (2016), estos resultados no concuerdan con lo reportado por Campbell y Jones (2005); Meredith et al. (2012); Sirisha et al. (2018); Greveniotis y Sioki (2017); Nandhini et al. (2019), quienes explican que la mayor contribución fenotípica es por el A y la menor contribución fenotípica es por GxA,



**Figura 28.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para uniformidad (UNIF), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).

**3.3.3. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para resistencia (RESIS).** Los resultados de la importancia de las fuentes de variación de interés en ambas sub-zonas, CS y CH, para RESIS, se presenta en la Tabla 47. Las diferencias en porcentaje se presentan en la comparación de las cosechas, 2003/2004 (CH34) con 2003/2004 (CS34) y la participación de las fuentes de variación A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC). Se observa que la variación fenotípica tuvo mayor contribución por el G, con el 33,6%, este valor positivo sugiere que la fuente de variación G fue mayor en la cosecha del Caribe húmedo. En orden de magnitud le siguió el A, con -24,7% y, por último, la interacción GxA con -9,0%, estos valores negativos sugieren que las fuentes de variación G y GxA fueron mayores en la cosecha del Caribe seco. La resistencia de la fibra está determinada en gran medida por su variedad; sin embargo, también se puede afectar por diferencias en la nutrición de la planta y por las condiciones ambientales (Cottonworks, 2018).

La comparación de las cosechas 2009/2010 (CH910) con 2007/2008 (CS78), presentan una tendencia diferente a las cosechas anteriores 2003/2004, la variación fenotípica tuvo mayor contribución por el A, en el Caribe húmedo, con el 25,5% y, seguido G y GxA, en el Caribe seco, con valores de -16,2% y -9,3%, respectivamente (Tabla 47).

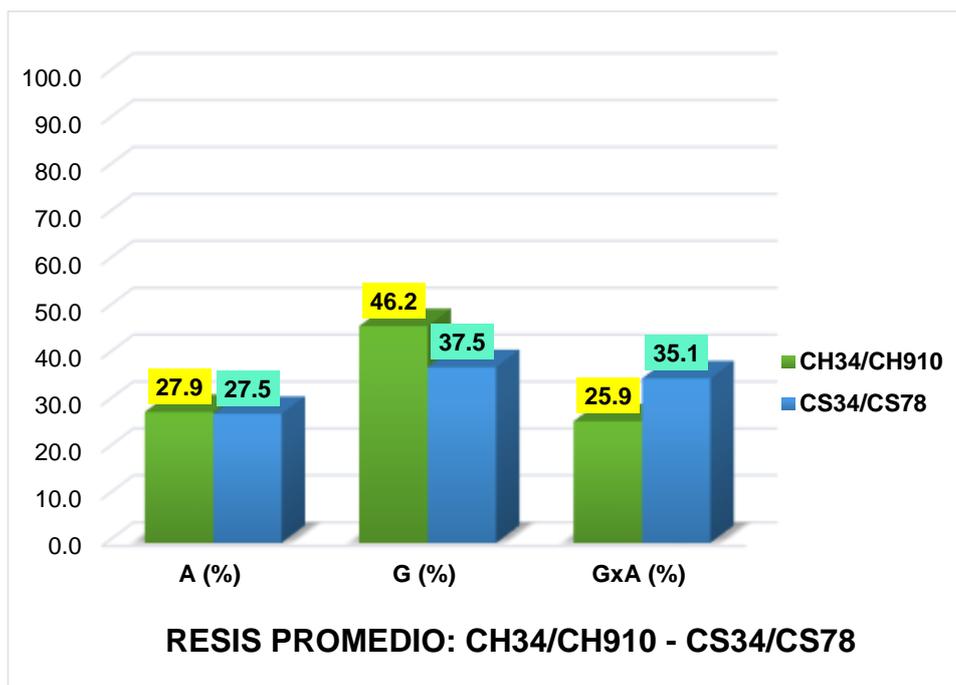
La media de las fuentes de variación de interés (A, G y GxA) para RESIS, en las diferencias (%) señalan que, a nivel general, la variación fenotípica que tuvo mayor contribución es la interacción GxA, con un valor de -9,1% a favor del Caribe seco. En orden de magnitud le siguió el genotipo (G) con 8,7% y, por último, el ambiente (A) con 0,4% a favor del Caribe húmedo (Tabla 47).

**Tabla 47.** Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (%SC), en los análisis combinado de varianza para resistencia (RESIS), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).

COSECHAS	%SC (RESIS)			COSECHAS	%SC (RESIS)			COSECHAS	DIFERENCIA (%)		
	A	G	GXA		A	G	GXA		A	G	GXA
CS34	37,1	35,0	27,9	CH34	12,4	68,7	18,9	CH34-CS34	-24,7	33,6	-9,0
CS78	17,9	39,9	42,2	CH910	43,4	23,7	32,9	CH910-CS78	25,5	16,2	-9,3
<b>Media</b>	<b>27,5</b>	<b>37,5</b>	<b>35,1</b>		<b>27,9</b>	<b>46,2</b>	<b>25,9</b>		<b>0,4</b>	<b>8,7</b>	<b>-9,1</b>

Un análisis de la participación de las fuentes de variación A, G y GxA expresadas en la suma de cuadrados (SC) para RESIS, en cada sub-zona, se puede observar (Figura 29) que la variación fenotípica acusa su mayor contribución por el G, en ambas sub-zonas, con valores de 37,5% (Caribe seco) y 46,2% (Caribe húmedo). En orden de magnitud, para el Caribe húmedo, siguió el A con 27,9% y la interacción GxA con el 25,9% y, para el Caribe seco, le siguió la interacción GxA con el 35,1% y el A con 27,5%, esto sugiere para RESIS, que el número de ambientes para cada PEAM permite detectar diferencias a nivel de genotipos.

En la figura 29, se puede observar mejor la tendencia de la importancia de las fuentes de variación A, G y GxA en el comportamiento de ambas sub-zonas para RESIS. Se evidencia que la fuente de variación más marcada es el genotipo y se resalta aún más en el Caribe húmedo, esto se explica ya que esta variable está controlada por pocos genes, de alta heredabilidad, actuando de forma oligogénica y presentando poca variación por el ambiente, principalmente para la zona del Caribe húmedo, donde los genotipos presentaron una mayor expresión y mayor capacidad de amortiguación individual a las oscilaciones ambientales (Campbell et al. 2018), estos resultados son concordantes con Campbell y Jones (2005); Meredith (2003); Meredith et al. (2012); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018), quienes reportan que el G es quien presenta la mayor participación en RESIS.



**Figura 29.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para resistencia (RESIS), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).

**3.3.4. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para elongación (ELON).** Los resultados de la importancia de las fuentes de variación de interés en ambas sub-zonas, CS y CH, para ELON, se presenta en la Tabla 48. Las diferencias presentan por la comparación de las cosechas, 2003/2004 (CH34) con 2003/2004 (CS34) y la participación de las fuentes de variación (A, G y GxA) expresadas en la suma de cuadrados (SC). Se evidencia que la variación fenotípica tuvo mayor contribución por el ambiente (A), con el -37,4%, este valor negativo sugiere que la fuente de variación A fue mayor en la cosecha del Caribe seco. En orden de magnitud le siguió el genotipo (G) con 27,2% y por último la interacción GxA con el 10,2%, estos valores positivos sugieren que las fuentes de variación G y GxA fueron mayores en la cosecha del Caribe húmedo (CH).

La comparación de las cosechas 2009/2010 (CH910) con 2007/2008 (CS78), presentan una tendencia diferente a las cosechas anteriores 2003/2004, la variación fenotípica tuvo mayor contribución por el G, en el Caribe seco, con un valor de -34,9% y, seguido GxA y A, en el Caribe húmedo, con valores de 29,4% y 5,4%, respectivamente (Tabla 48).

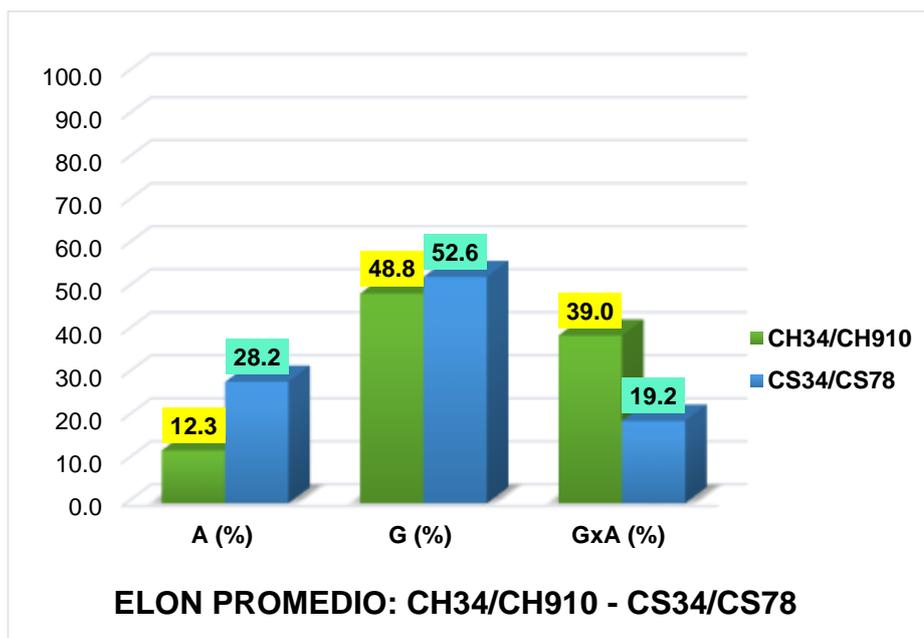
La media de las fuentes de variación de interés (A, G y GxA) para ELON, en las diferencias (%) indican que a nivel general, la fuente de variación que tuvo mayor contribución es la interacción GxA con valor de 19,8% a favor del Caribe húmedo. En orden de magnitud le siguió el A con -16,0% y por último el genotipo (G) con -3,9% a favor del Caribe seco (Tabla 48).

**Tabla 48.** Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para elongación (ELON), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).

COSECHAS	%SC (LONG)			COSECHAS	%SC (LONG)			COSECHAS	DIFERENCIA (%)			
	A	G	GXA		A	G	GXA		A	G	GXA	
CS34	54,3	27,1	18,7	CH34	16,8	54,2	28,9	CH34-CS34	-	37,4	27,2	10,2
CS78	2,2	78,2	19,6	CH910	7,7	43,3	49,0	CH910-CS78	5,4	-34,9	29,4	
<b>Media</b>	<b>28,2</b>	<b>52,6</b>	<b>19,2</b>		<b>12,3</b>	<b>48,8</b>	<b>39,0</b>		<b>-</b>	<b>16,0</b>	<b>-3,9</b>	<b>19,8</b>

El aporte de las fuentes de variación (A, G y GxA) expresadas en la suma de cuadrados (SC) para ELON, en cada sub-zona, se puede observar (Figura 30) que la fuente de variación que tuvo mayor participación es el G, en ambas sub-zonas, con valores de 48,8% (Caribe húmedo) y 52,6% (Caribe seco). En orden de magnitud, para el Caribe húmedo, siguió la interacción GxA con 39,0% y el ambiente (A) con el 12,3% y, para el Caribe seco, le siguió el ambiente (A) con el 28,2% y la interacción GxA con 19,2%, esto explica para ELON, que el número de ambientes para cada PEAM es suficiente, ya que tiene poca variación por el ambiente y permite detectar diferencias a nivel de genotipos.

En la figura 30, se puede observar mejor la tendencia similar de la importancia de las fuentes de variación (A, G y GxA) en el comportamiento de ambas sub-zonas para ELON, se evidencia que la fuente de variación más marcada es genotipo y se resalta aún más en el Caribe seco, esto posiblemente obedece a que es un carácter mucho más oligogénico, con poca influencia por el ambiente (Campbell et al. 2018) y concuerda con Campbell y Jones (2005); Greveniotis y Sioki (2017); Sirisha et al. (2018); Ribeiro et al. (2018), quienes explican que el G es quien más contribuye a la variación fenotípica para ELON



**Figura 30.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para elongación (ELON), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).

**3.3.5. Comparación de la importancia de las fuentes de variación del Caribe seco (CS) versus el Caribe húmedo (CH) para finura (FINU).** Los resultados de la importancia de las fuentes de variación de interés en ambas sub-zonas, CS y CH, para FINU, se presenta en la Tabla 49. Las diferencias resaltan en la comparación de las cosechas, 2003/2004 (CH34) con 2003/2004 (CS34) y la participación de las fuentes de variación (A, G y GxA) expresadas en la suma de cuadrados (SC). Se observa que en la variación fenotípica la mayor contribución fue dada por el ambiente (A) con el -18,4%, este valor negativo sugiere que el A fue mayor en la cosecha del Caribe seco. En orden de magnitud le siguió el genotipo (G) con 12,9% y por último la interacción GxA con el 5,5%, estos valores positivos sugieren que las fuentes de variación G y GxA fueron mayores en la cosecha del Caribe húmedo (CH). La finura es un carácter que es muy influenciado por las condiciones ambientales tales como: temperatura, luz solar, humedad y disponibilidad de nutrientes (Cottonworks, 2018).

La comparación de las cosechas 2009/2010 (CH910) con 2007/2008 (CS78), presentan una tendencia similar a las cosechas anteriores 2003/2004, la variación fenotípica tuvo

mayor contribución por el A, en el Caribe seco, con un valor de -50,5% y, seguido GxA y G, en el Caribe húmedo, con valores de 25,4% y 25,1%, respectivamente (Tabla 49).

La media de las fuentes de variación de interés (A, G y GxA) para FINU, en las diferencias (%) indican que, a nivel general, la fuente de variación que tuvo mayor contribución es el ambiente (A), con valores de -34,4% a favor del Caribe seco. En orden de magnitud le siguió el genotipo (G) con 19,0% y por último la interacción GxA con 15,5% a favor del Caribe húmedo (Tabla 49).

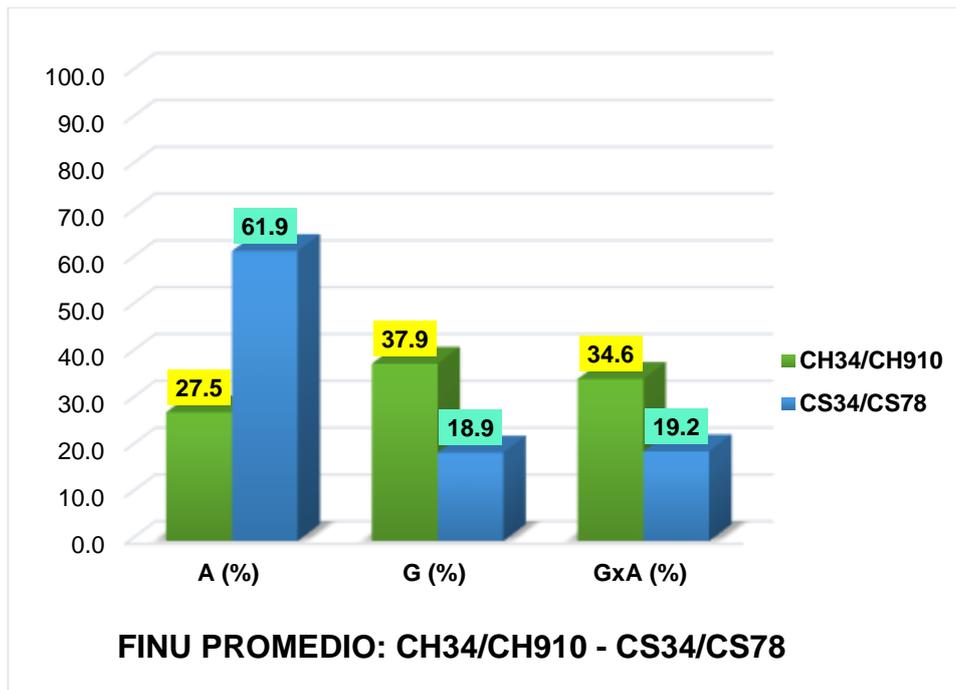
**Tabla 49.** Comparación de la participación de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), en los análisis combinado de varianza para finura (FINU), en el Caribe seco (CS34 Y CS78) versus el Caribe húmedo (CH34 Y CH910).

COSECHAS	%SC (FINU)			COSECHAS	%SC (FINU)			COSECHAS	DIFERENCIA (%)		
	A	G	GXA		A	G	GXA		A	G	GXA
CS34	48,1	27,3	24,5	CH34	29,7	40,2	30,1	CH34-CS34	-18,4	12,9	5,5
CS78	75,8	10,5	13,8	CH910	25,3	35,5	39,2	CH910-CS78	-50,5	25,1	25,4
Media	61,9	18,9	19,2		27,5	37,9	34,6		-34,4	19,0	15,5

Un análisis de las fuentes de variación (A, G y GxA) expresadas en la suma de cuadrados (SC) para FINU, en cada sub-zona, se puede observar (Figura 31), para la sub-zona del Caribe seco la fuente de variación que tuvo mayor contribución es el A con 61,9%, en orden de magnitud le siguió la interacción GxA con 19,2% y la fuente de variación G fue quien menos contribuyo a explicar la variación de la SC, con 18,9%. Para la sub-zona del Caribe húmedo la fuente de variación que tuvo mayor contribución es el genotipo (G) con 37,9%, en orden de magnitud le siguió la interacción GxA con 34,6% y la fuente de variación A fue quien menos contribuyo a explicar la variación de la SC, con 27,5%.

En la figura 31, se puede observar mejor la diferencia en la tendencia de la importancia de las fuentes de variación (A, G y GxA) en el comportamiento de ambas sub-zonas para FINU, en el Caribe seco se evidencia que la fuente de variación más marcada es el ambiente, esto se puede explicar por unas condiciones ambientales contrastantes donde los factores bióticos y abióticos del trópico en el Caribe seco para FINU tales como suelos de baja fertilidad, poca precipitación y lluvias mal distribuidas, y otros factores como

temperatura, humedad relativa, radiación, manejo del suelo, plagas y enfermedades y manejo agronómico, que superan el nivel óptimo y enmascaran la expresión del potencial de los genotipos y concuerda con Mejía (2014); Campbell y Jones (2005); Campbell et al. (2011); (Meredith et al. 2012); Teodoro et al. (2019), los cuales demuestran que el A presenta la participación más alta. En el Caribe húmedo se evidencia que la fuente de variación más marcada es el genotipo, esto se explica ya que esta variable está controlada por pocos genes y posee una heredabilidad media a alta, actuando de forma oligogénica y presentando poca variación a las condiciones ambientales del Caribe húmedo que no fueron tan contrastantes, por lo tanto los genotipos presentaron una mayor expresión (Campbell et al. 2018), estos resultados no coinciden con lo reportado por Mejía (2014); Campbell y Jones (2005); Campbell et al. (2011); (Meredith et al. 2012) y coincide con lo encontrado por Sirisha et al. (2018); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018), quienes reportan que la fuente de variación G es la de mayor contribución para FINU.



**Figura 31.** Participación promedio de ambientes (A), genotipos (G) e interacción GxA, de la suma de cuadrados (SC), para finura (FINU), en el Caribe seco (CS34/CS78) y Caribe húmedo (CH34/CH910).

#### 4. CONCLUSIONES

Se presentaron diferencias significativas y altamente significativas para genotipo en todas las variables de calidad de fibra y es la fuente de variación más importante para resistencia y elongación con valores en el rango del 37% al 52%, además tuvo un gran aporte a la variación de los datos junto a la interacción GxA para la uniformidad en ambas zonas.

Longitud de fibra difiere entre las variables y zonas, en el Caribe seco, la fuente de variación más importante es el G con 44,9% y en el Caribe húmedo es la interacción GxA con 41,7%, seguida de cerca del G con 31,2%, además las medias para ambas zonas sugieren que su tendencia es similar y no se ve muy afectado por el ambiente.

Para finura el A fue la fuente de variación que más en el Caribe húmedo y G es más importante en el Caribe seco.

La variación de los datos debida al A no tuvo un efecto importante en las variables de calidad de fibra, por tal motivo, no se recomienda aumentar el número de ambientes por cada PEAM.

## 5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. **Abate, F., Mekbib, F. and Dessalegn, Y. (2015).** Association of Different Parametric and Non parametric Stability Models in Durum Wheat (*Triticum turgidum* Desf.) Genotypes. *International Journal of Plant & Soil Science*, 7(4),192-201.
2. **Abd El-Moghny, A. M., & Mariz, S. M. (2015).** Genotypic stability and phenotypic adaptability for some yield traits in some long staple cotton genotypes. *Egypt. J. Agric. Res*, 93(1), 85-100
3. **Ali, I., Khan, N. U., Rahman, M., Gul, R., Bibi, Z., Gul, S., & Haq, H. A. (2018).** Genotype by environment and biplot analyses for yield and fiber traits in upland cotton. *Intl. J. Agric. Biol*, 20, 1979-1990.
4. **Alves, R. S., Teodoro, P. E., Farias, F. C., Farias, F. J. C., de CARVALHO, L. P., Rodrigues, J. I. S. & de RESENDE, M. D. V. (2017).** Evaluation of genotype x environment interactions in cotton using the method proposed by Eberhart and Russell and reaction norm models. *Embrapa Florestas-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
5. **Aramendiz, H.; Espitia, M.; Agamez, A.; Cardona, C. Y Robles, J. (2007).** Estabilidad fenotípica de genotipos de algodón (*Gossypium hirsutum* L.). *Revista U.D.C.A Actualidad y divulgación científica*, 10(2),65–73
6. **Balakrishna, B., Chenga Reddy, V. y Lal Ahamed, M. (2016).** Genotipo × Análisis del entorno para rasgos de calidad de fibra en híbridos interespecíficos de algodón (*Gossypium hirsutum* L. × *Gossypium barbadense* L.). 11(2): 985-990
7. **Blanche S. B., Myers G. O., Zumba J. Z., Caldwell D., y Hayes J. (2006).** Stability Comparisons Between Conventional And Near-isogenic Transgenic Cotton Cultivars. *The Journal of Cotton Science* 10, 17–28.
8. **Bradow, J. M., & Davidonis, G. H. (2010).** Effects of environment on fiber quality. In *Physiology of cotton* (pp. 229-245). Springer, Dordrecht.
9. **Campbell, B. T., & Jones, M. A. (2005).** Assessment of genotype× environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. *Euphytica*, 144(1-2), 69-78.

10. **Campbell, B. T., Chee, P. W., Lubbers, E., Bowman, D. T., Meredith, W. R., Johnson, J., & Fraser, D. E. (2011).** Genetic improvement of the Pee Dee cotton germplasm collection following seventy years of plant breeding. *Crop science*, *51*(3), 955-968.
11. **Campbell, B. T., Dever, J. K., Hugie, K. L., & Kelly, C. M. (2018).** Cotton fiber improvement through breeding and biotechnology. In *Cotton Fiber: Physics, Chemistry and Biology* (pp. 193-215). Springer, Cham.
12. **Cotrim, M. F., Farias, F. J. C., de Carvalho, L. P., Teodoro, L. P. R., Bhering, L. L., & Teodoro, P. E. (2019).** Environmental stratification in the brazilian cerrado on the yield and fiber quality of cotton genotypes. *Bioscience journal*, *35*(5)
13. **Cottonworks. (2018).** Calidad y evaluación de la fibra de algodón. <https://www.cottonworks.com/topics/sourcing-manufacturing/fiber-science/cotton-fiber-qualities-and-evaluation>
14. **Damba, G. (2008).** Evaluación de métodos para análisis de estabilidad en diferentes ambientes en genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). *Trabajo de grado en fitomejoramiento. Palmira. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. pág, 16*
15. **De Carvalho, L. P., Salgado, C. C., Farias, F. J. C., & Carneiro, V. Q. (2015b).** Estabilidade e adaptabilidade de genótipos de algodão de fibra colorida quanto aos caracteres de fibra. *Ciência Rural*, *45*(4), 598-605.
16. **De Carvalho, L. P., Farias, F. J. C., MORELLO, C. D. L., RODRIGUES, J. D. S., & Teodoro, P. E. (2015a).** Agronomic and technical fibers traits in elite genotypes of cotton herbaceous. *Embrapa Algodão-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
17. **Dewdar, M. D. H. (2013).** Stability analysis and genotype x environment interactions of some Egyptian cotton cultivars cultivated. *African Journal of Agricultural Research*, *8*(41), 5156-5160.
18. **Dicyt. (2011).** El Caribe Colombiano representa la diversidad de ambientes climáticos. Recuperado el día 15 del mes 01 del 2019 de <http://www.dicyt.com/>.

19. **El-Seidy, E. H., Shaker, S. A., & El-Ganayny, H. A. (2017).** Evaluation of Some Egyptian Cotton Cultivars for Yield Constancy and Adaptability.
20. **Farias, F. J. C., de CARVALHO, L. P., da SILVA FILHO, J. L., & Teodoro, P. E. (2016).** Correlations and path analysis among agronomic and technological traits of upland cotton. *Embrapa Algodão-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
21. **Greveniotis, V., & Sioki, E. (2017).** Genotype by environment interactions on cotton fiber traits and their implications on variety recommendation. *J. Agric. Stud*, 5(2), 86-106
22. **Gul, S., Khan, N. U., Gul, R., Baloch, M., Latif, A., & Khan, I. A. (2016).** Genotype by environment and phenotypic adaptability studies for yield and fiber variables in upland cotton. *J. Anim. Plant Sci*, 26(3), 776-786
23. **Ibrahim, M. M., Ahmad, M. S. H., Hassan, I. S. M., & El-Sameea, A. A. (2014).** Phenotypic Stability of Some Egyptian Cotton Genotypes Grown at Different Environments of Upper Egypt.
24. **Mejía Salazar, Julián. (2014).** Evaluación de la interacción genotipo por ambiente para variedades transgénicas de algodón (*Gossypium hirsutum* L.). Trabajo de grado en fitomejoramiento. Universidad nacional de Colombia, posgrados facultad de ciencias agropecuarias palmira. pág, 16.
25. **Mejía-Salazar, J. R., Galeano-Mendoza, C. H., Burbano-Erazo, E., Vallejo-Cabrera, F. A., & Arango, M. (2020).** Interacción genotipo por ambiente de nueve variedades de algodón para los Valles interandinos en Colombia. *Agronomía Mesoamericana*, 31(1), 31-42
26. **Meredith Jr, W. R., Boykin, D. L., Bourland, F. M., Caldwell, W. D., Campbell, B. T., Gannaway, J. R., & Zhang, J. (2012).** Genotype x environment interactions over seven years for yield, yield components, fiber quality, and gossypol traits in the regional high quality tests. *J Cotton Sci*, 16,160-9.
27. **Mukoyi, F., Gasura, E. y Makunde, GS (2018).** Implicaciones de las correlaciones y las interacciones genotipo por medio ambiente entre rasgos de algodón. *African Crop Science Journal* , 26 (2), 219-235

28. **Nadeem, F., Khan, N. U., Khalid, S., Azam, S., Saeed, B., Jan, T., & Khan, M. R. (2018).** Genotype× environment interaction studies in F5 populations of upland cotton under agro-climatic condition of Peshawar. *Pure and Applied Biology (PAB)*, 7(3),973-991.
29. **Nandhini, K., Saraswathi, R., Premalatha, N., Sakthivel, N., & Kumaravadivel, N. (2019).** Assessment of G× E interaction for fibre quality traits in recombinant inbred lines of cotton. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 8(6), 351-360.
30. **PBA. (2010).** Zonas de trabajo. Recuperado el día 10 del mes 01 del 2019 de <http://corporacionpba.org/portal/>.
31. **Pu, L., Li, Q., Fan, X., Yang, W. y Xue, Y. (2008).** El factor de transcripción R2R3 MYB GhMYB109 es necesario para el desarrollo de la fibra de algodón. *Genética* , 180 (2), 811-820.
32. **Riaz, M., Farooq, J., Ahmed, S., Amin, M., Chattha, W. S., Ayoub, M., & Kainth, R. A. (2019).** Stability analysis of different cotton genotypes under normal and water-deficit conditions. *J. Integr. Agric*, 18, 1257-1265
33. **Ribeiro, L. P., Carvalho, L. P. D., Farias, F. J. C., Rodrigues, J. I. D. S., Teodoro, P. E., & Bhering, L. L. (2018).** Genetic gains in agronomic and technological traits of elite cotton genotypes. *Bragantia*, 77(3), 466-475.
34. **Salim, H. S. A. (2018).** Assessment of Genotype by Environment Interaction and Phenotypic Stability Analyses of Yield and Fiber Quality of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) in Central Suda (Doctoral dissertation, University of Gezira).
35. **Shahzad, K., Qi, T., Guo, L., Tang, H., Zhang, X., Wang, H., & Shahid Iqbal, M. (2019).** Adaptability and stability comparisons of inbred and hybrid cotton in yield and fiber quality traits. *Agronomy*, 9(9), 516
36. **Sierra, M., Espitia, M And Cadena, J. (2017).** Correlación entre rendimiento, estabilidad fenotípica y métodos de selección simultánea en algodón. Universidad de Córdoba, *Revista TEMAS AGRARIOS*, 22(1), 21-30

37. **Singh, S., Singh, V. V., & Choudhary, A. D. (2014).** GENOTYPE X ENVIRONMENT INTERACTION AND YIELD STABILITY ANALYSIS IN MULTIENVIRONMENT. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 17(3), 477-482.
38. **Sirisha, A. B. M., Lal Ahamed, M., Kuamr, P. R., Kumari, S. R., & Rao, V. S. (2018).** AMMI analysis for quality characters in upland cotton. *IJCS*, 6(3), 3050-3056
39. **Teodoro, P. E., Farias, F. J. C., de Carvalho, L. P., Ribeiro, L. P., Nascimento, M., Azevedo, C. F., & Bhering, L. L. (2019).** Adaptability and Stability of Cotton Genotypes Regarding Fiber Yield and Quality Traits. *Crop Science*, 59(2), 518-424
40. **Usman, K., & Ayatullah, N. K. (2016).** Genotype-by-sowing date interaction effects on cotton yield and quality in irrigated condition of Dera Ismail Khan, Pakistan. *Pakistan Journal of Botany*, 48(5), 1933-1944
41. **Vargas-Escobar, E.; Vargas-Sánchez, J.E.; Baena-García, D. (2016).** Análisis de estabilidad y adaptabilidad de híbridos de maíz de alta calidad proteica en diferentes zonas Agroecológicas de Colombia. *Acta Agron.* 65(1),72-79
42. **Zeng, L., & Meredith, W. R. (2009).** Associations among lint yield, yield components, and fiber properties in an introgressed population of cotton. *Crop science*, 49(5), 1647-1654
43. **Zeng, L., Meredith, W. R., Campbell, B. T., Dever, J. K., Zhang, J., Glass, K. M., & Bourland, F. M. (2014).** Genotype-by-environment interaction effects on lint yield of cotton cultivars across major regions in the US cotton belt. *The J. Cotton Sci*, 18:75-84

**CAPÍTULO V: DISCUSION GENERAL.**  
**CHAPTER V: GENERAL DISCUSSION**

## **1. DISCUSIÓN GENERAL PARA VARIABLES DE RENDIMIENTO EN ALGODÓN**

### **1.1. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL ANÁLISIS COMBINADO DE VARIANZA (ANAVACO) DEL CARIBE SECO (CS) CON LOS DEL CARIBE HÚMEDO (CH) PARA EL RENDIMIENTO DE ALGODÓN – SEMILLA (RENDAS).**

El rendimiento de algodón semilla en el Caribe seco fue menor en aproximadamente 1900 Kg.ha<sup>-1</sup> con respecto al Caribe húmedo, debido a las mejores condiciones edafoclimáticas que ofrecen las zonas productoras del Caribe húmedo como suelos de mayor fertilidad, lluvias mejor distribuidas y manejo agronómico, que favorecen la expresión del potencial genético de los genotipos evaluados.

Los coeficientes de variación, parámetros asociados a la confiabilidad de los resultados oscilaron entre 18% y 24% para el Caribe seco y 12% y 17% para el Caribe húmedo, sugiriendo un mejor manejo experimental en la investigación en el Caribe húmedo. RENDAS es un carácter de baja a mediana heredabilidad de herencia poligénica, dado que tiene una alta influencia del ambiente, y alto coeficientes de variación, son característicos de errores experimentales que reducen la confiabilidad de los resultados (Damba, 2008); Ribeiro et al. (2018).

Los mayores valores de los CV's guardan relación directa con la participación de la fuente de variación ambiente (A) en la suma de cuadrados (SC), en donde el A presenta una mayor participación en ambas cosechas del Caribe seco, con el 92,6% (2003/2004) y 87,5% (2007/2008), en comparación con el Caribe húmedo, con el 59,9% (2003/2004) y 83,7% (2009/2010). Lo cual es concordante con Meredith (2003) y Campbell et al. (2011); Gul et al. (2014); Gul et al. (2016); Ribeiro et al. (2018); que afirman que las zonas marginales en general están asociadas con CV's más altos, especialmente, bajo condiciones tropicales donde las condiciones ambientales son impredecibles y el rendimiento en algodón – semilla varía principalmente por los efectos inversos del ambiente, y lo interpretan como una explicación en la suma de cuadrados superior al 50%. Sin embargo, para Blanche et al. (2006), el ambiente es quien menos contribuye para explicar tales variaciones, siendo el ambiente interpretado como una explicación en la suma de cuadrados inferior al 30%. Según Damba (2008); Vallejo y Estrada (2016) y

Mejía (2014); Bakhsh, Rehman, Salman y Ullah (2019), es posible explicar los resultados de ambientes contrastantes cuando la sequía o las zonas de lluvias superan los niveles óptimos, pero ello conlleva a la identificación de genotipos superiores, con adaptación a condiciones adversas, pero no de genotipos con los mejores potenciales agronómicos.

La significancia estadística de los cuadrados medios (CM) para la fuente de variación A, guardan correlación directa con la importancia del A en la SC's, dado que presentaron alta diferencia significativa ( $p < 0,01$ ) en ambas cosechas del Caribe seco, a diferencia del Caribe húmedo, que solo una cosecha (2009/2010) presentó alta diferencia significativa ( $p < 0,01$ ) y la otra cosecha (2003/2004) no presentó significancia, esto obedece a que los ambientes resultaron contrastantes por los efectos del trópico, dado que son impredecibles los factores bióticos y abióticos como lo indican Cotrim et al. (2019); Mukoyi et al. (2018).

La fuente de variación GxA, solo presentó alta diferencia significativa ( $p < 0,01$ ) para una cosecha (2009/2010) del Caribe húmedo, a diferencia del Caribe seco, donde ambas cosechas no presentaron significancia, debido a que los genotipos presentan una mayor capacidad de amortiguación individual a las oscilaciones ambientales. La contribución en la suma de cuadrados de GxA fue mayor a la del G en ambas sub-zonas, siendo mayor en el Caribe húmedo, con valores de 21,6% (2003/2004) y 12,6% (2009/2010), en comparación con el Caribe seco, con valores de 5,9% (2003/2004) y 8,9% (2007/2008), según Meredith (2003) y Campbell et al. (2011); Cotrim et al. (2019); Mukoyi et al. (2018), la interacción no supera el 25% de la contribución en la suma de cuadrados y es la que menos contribuye.

## **1.2. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS DE LOS ANÁLISIS COMBINADO DE VARIANZA (ANAVACO) DEL CARIBE SECO (CS) CON LOS DEL CARIBE HÚMEDO (CH) PARA EL PORCENTAJE DE FIBRA (POFIB).**

El porcentaje de fibra en el Caribe húmedo fue menor en aproximadamente 3 puntos en porcentaje con respecto al Caribe seco, debido al peso de las semillas, ya que semillas menos pesadas permiten un mayor porcentaje de fibra (Zeng y Meredith, 2009).

Los coeficientes de variación, parámetros asociados a la confiabilidad de los resultados oscilaron entre 4,1% y 3,4% para el Caribe húmedo y 2,2% y 3,7% para el Caribe húmedo, sugiriendo buen control del error experimental. POFIB es un carácter con alta heredabilidad que actúa de forma poligénica y está controlado por menos genes que el rendimiento.

En la suma de cuadrados (SC) el genotipo (G), para el Caribe seco acusó mayor contribución con el 79,4% (2003/2004) y 69,5% (2007/2008), en comparación con el Caribe húmedo, donde el G también presenta la mayor participación en la cosecha (2003/2004), con 49,2% y en la cosecha (2009/2010) un 20,3%. Gul et al. (2016); Abd El-Moghny y Mariz (2015) analizan este comportamiento por la divergencia genética de los genotipos y la relación entre fenotipo y genotipo junto a los valores de heredabilidad para POFIB son altos, lo que origina una mayor variación del G y coincide con lo reportado por Campbell y Jones (2005); Ribeiro et al. (2018); Albuquerque et al. (2020), los cuales afirman que POFIB varía principalmente por los efectos del genotipo, y lo interpretan con una explicación en la suma de cuadrados con valores superior al 57%.

La significancia de los cuadrados medios (CM) para la fuente de variación G, presentó alta diferencia significativa ( $p < 0,01$ ) para ambas cosechas de las dos sub-zonas algodonerías, siendo mayor el efecto en el Caribe seco, esto se debe a que en las zonas secas el algodón acumula menos reservas en la semilla y produce más fibra, estos resultados concuerdan con Mejía (2014); De Carvalho et al. (2015b), Farias et al. (2016); Ribeiro et al. (2018); Albuquerque et al. (2020) los cuales demuestran que G para POFIB es significativo o altamente significativo.

La fuente de variación genética (A), presenta ser diferente de una sub-zona a otra y a medida que aumentaba la expresión del genotipo en la suma de cuadrados (SC), el (A) fue cada vez menor, si analizamos las cosechas del Caribe seco (CS), en la participación de la SC el A fue el segundo en participación y de los que menos contribuyó con valores de 17,8% (2003/2004) y 18,1% (2007/2008), estos resultados concuerdan con Campbell y Jones (2005) y Blanche et al. (2006); Ribeiro et al. (2018); Albuquerque et al. (2020), quienes señalan que el ambiente no superó el estado óptimo para que existiera un efecto sobre los genotipos. Por lo tanto, el A fue de menor contribución, además sostienen que ante ambientes más favorables, la variable POFIB en la suma de cuadrado es explicada por el ambiente con valores menores al 28%. En cambio, para Caribe húmedo sucedió algo diferente donde el A tuvo una participación un poco más alta con valores 44,1% (2003/2004) y 70,3% (2009/2010), estos resultados concuerdan con Campbell et al. (2011); Meredith et al. (2012); Meredith (2003); Shahzad et al. (2019); Mejía (2014); Mejia et al. (2020), los cuales explican que el ambiente superó el estado óptimo para que existiera un efecto enmascarante hacia los genotipos, por lo tanto, el A fue de mayor contribución, además sostienen que ante ambientes más favorables, la variable POFIB en la suma de cuadrado es explicada por el ambiente con valores mayores al 58%.

En ambas sub-zonas y entre cosechas, la significancia de los cuadrados medios (CM) presentaron alta diferencia significativa ( $p < 0,01$ ) para A y se explica por ambientes contrastantes a los efectos del trópico, dado que son impredecibles los factores bióticos y abióticos, tales como de suelos, precipitación y otros factores como temperatura, humedad relativa, radiación, manejo del suelo, plagas y enfermedades y se relacionan a lo planteado por Campbell et al. (2011); Mejía (2014); De Carvalho et al. (2015b), Farias et al. (2016); Shahzad et al. (2019), quienes demuestran que la fuente de variación A es significativa o altamente significativa para POFIB.

La contribución en la suma de cuadrados de GxA fue menor a la del G en ambas sub-zonas, en el Caribe húmedo, con valores de 6,7% (2003/2004) y 9,4% (2009/2010), en comparación con el Caribe seco, con valores de 2,9% (2003/2004) y 12,4% (2007/2008), esto puede ser explicado por la capacidad de amortiguación individual de los genotipos a las oscilaciones ambientales, ya que al provenir de cruzamientos diferentes poseen alta variabilidad genética y su clasificación no varía en las diferentes condiciones ambientales,

lo que permitiría seleccionar genotipos superiores, según Campbell y Jones (2005); Campbell et al. (2011); Meredith et al. (2012); Meredith (2003); Shahzad et al. (2019); Mejía (2014); Mejia et al. (2020); Ribeiro et al. (2018); Albuquerque et al. (2020), la interacción no supera el 20% de la contribución en la suma de cuadrados y es la que menos contribuye.

Lo planteado anteriormente para la fuente de variación GxA en la SC, puede ser comparado con la significancia de los CM, y estos revelan que no se presentó significancia en ambas cosechas del Caribe seco, estos resultados coinciden con lo planteado por Mejía (2014); De Carvalho et al. (2015b), Farias et al. (2016); Mejia et al. (2020); Ribeiro et al. (2018); Albuquerque et al. (2020), quienes demuestran que la fuente de variación GxA no es significativa para POFIB. Algo diferente sucedió en el Caribe húmedo donde en ambas cosechas presentó diferencia altamente significativa ( $p < 0,01$ ), estos resultados se relacionan a lo planteado por de Campbell et al. (2011); Ibrahim et al. (2014), De Carvalho et al. (2015a); Ali et al. (2018); Dewdar et al. (2013); Shahzad et al. (2019), quienes demuestran que la fuente de variación GxA es significativa o altamente significativa para POFIB.

### **1.3. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL ANÁLISIS COMBINADO DE VARIANZA (ANAVACO) DEL CARIBE SECO (CS) CON LOS DEL CARIBE HÚMEDO (CH) PARA EL RENDIMIENTO DE FIBRA (RENDIF).**

El rendimiento de fibra en el Caribe seco fue menor en la cosecha 2003/2004 (957 Kg ha<sup>-1</sup>), pero superior en la de 2007/2008 (1397 Kg ha<sup>-1</sup>) con respecto al Caribe húmedo, esto puede explicarse por las condiciones edafo-climáticas favorables del Caribe húmedo con respecto al Caribe seco.

Los coeficientes de variación (CV's), parámetros asociados a la confiabilidad de los resultados oscilaron entre 17,5% y 27,1% para el Caribe seco y 13,3% y 20,8% para el Caribe húmedo, sugiriendo mayor eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación.

Si analizamos la participación en SC para la fuente de variación ambiente (A), se puede observar que es la mayor en participación en ambas sub-zonas, el Caribe seco presenta

ser mayor con valores de 90,0% (2003/2004) y 84,4% (2007/2008), en comparación al Caribe húmedo, con el 46,2% (2003/2004) y 81,7% (2009/2010), esto puede explicarse por la gran influencia del ambiente en la expresión del valor fenotípico, resultados que concuerdan con Meredith (2003); Campbell y Jones (2005); Blanche et al. (2006); Campbell et al. (2012); Meredith et al. (2012); Abd El-Moghny y Mariz, (2015); Shahzad et al. (2019); Teodoro et al. (2019), los cuales indican que la contribución del ambiente en la suma de cuadrados es superior al 70%.

La significancia de los cuadrados medios (CM) para la fuente de variación A, presentaron alta diferencia significativa ( $p < 0,01$ ) en ambas cosechas del Caribe seco, a diferencia del Caribe húmedo, que solo una cosecha (2009/2010) presentó alta diferencia significativa ( $p < 0,01$ ) y la otra cosecha (2003/2004) no presentó significancia, similar a lo encontrado en RENDAS, esto obedece a que los ambientes resultaron contrastantes por los efectos del trópico, dado que son impredecibles los factores bióticos y abióticos, tales como de suelos, precipitación y otros factores como temperatura, humedad relativa, radiación, manejo del suelo, plagas y enfermedades, lo que ocasiona que no se permitan detectar diferencias entre los genotipos, Estos resultados se relacionan a lo planteado por Campbell et al. (2011); Shahzad et al. (2019); Mejía (2014); Mejia et al. (2020); Blanche et al. (2006); Zeng y Meredith (2009); Farias et al. (2016); Mukoyi et al. (2018); Teodoro et al. (2019); quienes reportan que A es altamente significativo para RENDIF.

El genotipo fue significativo en la cosecha 2003/2004 para ambas zonas, lo que indica una mayor divergencia genética y se registró mayor contribución en el Caribe húmedo con un 34,7%.

La participación de la SC para la fuente de variación de interacción GxA, en las cosechas del Caribe seco (CS), fue de los que menos contribuyó con valores de 5,7% (2003/2004) y 10,4% (2007/2008), y en las cosechas del Caribe húmedo tuvo un poco más de participación con el 19% (2003/2004) y el 16,8% (2009/2010). Estos resultados concuerdan con; Meredith (2003); Campbell y Jones (2005); Blanche et al. (2006); Campbell et al. (2012); Meredith et al. (2012); Shahzad et al. (2019); Mejía (2014); Mejia et al. (2020), quienes sostienen que la interacción GxA para RENDIF en la suma de cuadrado es explicada con valores menores 15%.

Los CM no presentaron significancia para GxA en ambas cosechas del Caribe seco y para la cosecha (2003/2004) del Caribe húmedo, lo que indica que los genotipos presentan una mayor capacidad de amortiguación individual a las oscilaciones ambientales y coinciden con lo planteado por Zeng y Meredith (2009); Teodoro et al. (2019); Mukoyi et al. (2018), quienes demuestran que la fuente de variación GxA no es significativa para RENDIF, en cambio la otra cosecha del Caribe húmedo (2009/2010) presentó alta diferencia significativa, estos resultados coinciden con lo encontrado por Campbell et al. (2011); Shahzad et al. (2019); Abd El-Moghny y Mariz, (2015); Blanche et al. (2006); Farias et al. (2016), los cuales explican que la fuente de variación GxA es significativa o altamente significativa para RENDIF.

## **2. DISCUSIÓN GENERAL PARA VARIABLES DE COMPONENTES DE RENDIMIENTO DE ALGODÓN.**

### **2.1. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL ANÁLISIS COMBINADO DE VARIANZA (ANAVACO) DEL CARIBE SECO (CS) CON LOS DEL CARIBE HÚMEDO (CH) PARA NÚMERO DE MOTAS POR PLANTA (NUMO).**

El número de motas por planta en el Caribe seco fue menor en aproximadamente 4 unidades con respecto al Caribe húmedo, debido a las mejores condiciones edafoclimáticas que ofrecen las zonas productoras del Caribe húmedo como suelos de mayor fertilidad, lluvias mejor distribuidas y manejo agronómico, especialmente del *Anthonomus grandis* y *Heliothis spp*, que favorecen la expresión del potencial genético de los genotipos evaluados.

Los coeficientes de variación, parámetros asociados a la confiabilidad de los resultados oscilaron en promedio de un 25% para el Caribe seco y 20% para el Caribe húmedo, sugiriendo un mayor control del error experimental y mayor eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación en el Caribe seco, NUMO es un carácter de baja heredabilidad que actúa de forma poligénica, dado que tiene una alta variación por el ambiente, valores altos de CV, pueden conducir a conclusiones erróneas al no poder detectar las diferencias genéticas entre cultivares, esto es válido para zonas tanto marginales como no marginales (Damba, 2008); Ribeiro et al. (2018). Lo antes anotado, se corrobora con la participación del A en la suma de cuadrados en ambas zonas con

valores que oscilan entre 37,3% y 72,8%, lo cual concuerda con lo reportado por Gul et al. (2014); Shahzad et al. (2019); Gul et al. (2016).

La fuente de variación genética (G), a medida que aumentaba la expresión del ambiente en la suma de cuadrados (SC), el genotipo (G) fue cada vez menor, si analizamos las cosechas del Caribe seco (CS), en la participación de la SC el G fue quien menos contribuyó con valores de 11,1% (2003/2004) y 9,3% (2007/2008), algo similar sucedió Caribe húmedo con el 12,5% (2003/2004) y 20,7% (2009/2010). Estos resultados concuerdan con Gul et al. (2014); Shahzad et al. (2019); Gul et al. (2016), quienes señalan que el ambiente superó el estado óptimo para que existiera un efecto enmascarante hacia los genotipos, por lo tanto, estos fueron los de menor contribución, además sostienen que ante ambientes más desfavorables, la variable NUMO en la suma de cuadrado es explicada por el genotipo con valores menores al 20%.

La contribución en la suma de cuadrados de la interacción GxA fue mayor a la del G en ambas sub-zonas, en el Caribe húmedo, con valores de 14,7% (2003/2004) y 42,0% (2009/2010), en comparación con el Caribe seco, con valores de 20,1% (2003/2004) y 24,4% (2007/2008), esto es debido a los efectos impredecibles del ambiente en el posicionamiento o clasificación de los cultivares, que influye en el valor fenotípico final.

## **2.2. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS DE LOS ANÁLISIS COMBINADO DE VARIANZA (ANAVACO) DEL CARIBE SECO (CS) CON LOS DEL CARIBE HÚMEDO (CH) PARA PESO DE MOTAS (PMOTA).**

El peso de mota fue similar para ambas zonas y osciló alrededor de 4,9 y 5,7 gramos, esta variación es debida al peso de las semillas, ya que semillas más pesadas permiten un mayor peso de mota (Campbell et al. 2011); (Nawaz et al. 2019).

Los coeficientes de variación, parámetros asociados a la confiabilidad de los resultados oscilaron entre 5,1% y 6,6% para ambas zonas, sugiriendo un buen control del error experimental. Sin embargo, el ambiente registró una gran influencia por su contribución en la suma de cuadrados, puesto que sus registros oscilaron entre 13,3% y 76,0%, siendo los efectos mayores en el Caribe húmedo que en Caribe seco, lo cual coincide con

Meredith (2003); Meredith et al. (2012); Shahzad et al. (2019), quienes afirman que el peso de mota varía principalmente por los efectos del ambiente.

La contribución de la fuente G a la suma de cuadrados (SC), registró valores entre 13,7% a 68,1%, siendo superiores en el Caribe seco con respecto al Caribe húmedo, por ser esta zona mucho más estable en la demandas ambientales que exige el cultivo durante la formación de la cápsula, resultados coincidentes con Shahzad et al. (2019), quienes señalan que el ambiente superó el estado óptimo para que existiera un efecto enmascarante hacia los genotipos, por lo tanto, estos fueron los de menor contribución, además sostienen que ante ambientes más desfavorables, la variable PMOTA en la suma de cuadrado es explicada por el genotipo con valores menores al 9%.

Por otro lado, la contribución en la suma de cuadrados de GxA fue menor a la del G en ambas sub-zonas, en el Caribe húmedo, con valores de 10,3% (2003/2004) y 11,7% (2009/2010), en comparación con el Caribe seco, con valores de 8,5% (2003/2004) y 18,6% (2007/2008), esto es debido a que los genotipos presentan una mayor capacidad de amortiguación individual a las oscilaciones ambientales y coinciden con lo planteado por De Carvalho et al. (2015b); Gul et al. (2016); Blanche et al. (2006); Farias et al. (2016); Campuzano et al. (2015); Zeng y Meredith (2009), quienes demuestran que la fuente de variación GxA no es significativa para PMOTA.

### **3. DISCUSIÓN GENERAL PARA VARIABLES DE CALIDAD DE FIBRA EN ALGODÓN.**

#### **3.1. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL ANÁLISIS COMBINADO DE VARIANZA (ANAVACO) DEL CARIBE SECO (CS) CON LOS DEL CARIBE HÚMEDO (CH) PARA LONGITUD (LONG).**

La longitud de fibra fue similar para ambas zonas y osciló alrededor de 1,2 mm, indicando que las condiciones edafo-climáticas del tropico tales como suelos, precipitación, temperatura, humedad relativa, manejo agronómico y presión de plagas y enfermedades, fueron favorables para la expresión del potencial genético de los genotipos.

Los coeficientes de variación, parámetros asociados a la confiabilidad de los resultados oscilaron alrededor de 2,7% para Caribe seco y 3,7% para Caribe húmedo, sugiriendo un

buen control del error experimental, LONG está controlado por pocos genes y es un carácter de alta heredabilidad, que tiene una poca variación por el ambiente. Por lo tanto, los valores de coeficientes de variación resultan bajos como consecuencia de los genotipos que expresan sus diferencias genéticas (Ribeiro et al. 2018).

Existe mayor participación en la suma de cuadrados por parte del genotipo, siendo los valores del Caribe seco superior, con el 39,3% (2003/2004) y 50,5% (2007/2008), en comparación al Caribe húmedo, con el 34,9% (2003/2004) y 27,5% (2009/2010), Gul et al. (2016); Abd El-Moghny y Mariz (2015) analizan este comportamiento por la divergencia genética de los genotipos y la relación entre fenotipo y genotipo junto a los valores de heredabilidad para LONG son altos, lo que origina una mayor variación del G, estos resultados son coherentes con Sirisha et al. (2018); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018), los cuales afirman que la longitud de fibra varía principalmente por los efectos del genotipo, y lo interpreta como una explicación en la suma de cuadrados superior al 49%

La fuente de variación ambiental (A) tuvo una menor expresión en la suma de cuadrados con respecto al genotipo, muy similar entre las cosechas de cada sub-zona, si analizamos las cosechas del Caribe húmedo (CH), en la participación de la SC el A fue quien menos contribuyó con valores de 26,8% (2003/2004) y 27,4% (2009/2010), a diferencia de las cosechas del Caribe seco (CS) que presentó mayor contribución con el 33,4% (2003/2004) y 35,8% (2007/2008) y es debido a que LONG es controlada por pocos genes y poco influenciada por el ambiente, esto es similar a lo reportado por Campbell et al. (2011); Greveniotis y Sioki (2017), quienes reportan que el ambiente no superó el estado óptimo para que existiera un efecto enmascarante hacia los genotipos, por lo tanto, el A fue de menor contribución, explicando una suma de cuadrados con valores menores al 27%.

Por otra lado, la contribución en la suma de cuadrados de la interacción GxA fue la mayor para el Caribe húmedo en ambas cosechas, con valores de 38,3% (2003/2004) y 45,1% (2009/2010), esto es debido a los efectos impredecibles del ambiente en el posicionamiento o clasificación de los cultivares, que influye en el valor fenotípico final,

en comparación con el Caribe seco con la menor contribución de las fuentes de variación en ambas cosechas, con valores de 27,4% (2003/2004) y 13,7% (2007/2008).

### **3.2. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS DE LOS ANÁLISIS COMBINADO DE VARIANZA (ANAVACO) DEL CARIBE SECO (CS) CON LOS DEL CARIBE HÚMEDO (CH) PARA UNIFORMIDAD (UNIF).**

La uniformidad de la fibra fue similar para ambas zonas y osciló alrededor del 79% al 84%, indicando que las condiciones edafo-climáticas del trópico tales como suelos, precipitación, temperatura, humedad relativa, manejo agronómico y presión de plagas y enfermedades, fueron favorables para la expresión del potencial genético de los genotipos.

Los coeficientes de variación, parámetros asociados a la confiabilidad de los resultados oscilaron alrededor del 3% para Caribe seco y 2% para Caribe húmedo, sugiriendo un buen control del error experimental, UNIF está controlado por pocos genes y es un carácter de alta heredabilidad, dado que tiene una poca variación por el ambiente, los CVs resultan bajo como consecuencia de que los genotipos pueden expresar su potencial (Ribeiro et al. 2018).

La mayor participación en la suma de cuadrados (SC) es por parte del genotipo (G), siendo los valores del Caribe seco superior con el 49% (2003/2004) y 37,6% (2007/2008), en comparación al Caribe húmedo, con el 38,1% (2003/2004) y 40,1% (2009/2010), Gul et al. (2016); Abd El-Moghny y Mariz (2015) analizan este comportamiento por la divergencia genética de los genotipos y la relación entre fenotipo y genotipo junto a los valores de heredabilidad para UNIF son altos, lo que origina una mayor variación del G, estos resultados se interpretan como un menor efecto del ambiente ante la variable dependiente UNIF y coincide con lo encontrado por Ribeiro et al. (2018), quienes afirman que G es superior al 90% y difiere de Blanche et al. (2006) y Sirisha et al. (2018); Nandhini et al. (2019); Greveniotis y Sioki (2017), los cuales mencionan que la contribución por el G en SC para el UNIF es menor al 28%.

La fuente de variación ambiental (A) tuvo la menor expresión en la suma de cuadrados en ambas sub-zonas, en el Caribe seco (CS) con valores de 4,8% (2003/2004) y 13,1%

(2007/2008) y en el Caribe húmedo (CH) con el 17,4% (2003/2004) y 22,4% (2009/2010) y obedece a que UNIF es un carácter controlado por pocos genes y por lo tanto es poco influenciado por el ambiente, lo cual no es coherente con Blanche et al. (2006) y Sirisha et al. (2018), los cuales afirman que la contribución por el A en SC para el UNIF supera el 50%.

Por otro lado, la contribución en la suma de cuadrados de la interacción GxA fue la mayor para el Caribe seco, con valores de 46,2% (2003/2004) y 49,2% (2007/2008), en comparación con el Caribe húmedo que también presentó valores altos con 44,6% (2003/2004) y 35,7% (2009/2010), esto es debido a fue afectada la clasificación de los genotipos por los efectos ambientales impredecibles.

### **3.3. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL ANÁLISIS COMBINADO DE VARIANZA (ANAVACO) DEL CARIBE SECO (CS) CON LOS DEL CARIBE HÚMEDO (CH) PARA LA RESISTENCIA DE FIBRA (RESIS).**

La resistencia de fibra fue similar para ambas zonas y osciló alrededor de 29 g.tex<sup>-1</sup>, indicando que las condiciones edafo-climáticas del trópico tales como suelos, precipitación, temperatura, humedad relativa, manejo agronómico y presión de plagas y enfermedades, fueron favorables para la expresión del potencial genético de los genotipos.

Los coeficientes de variación, parámetros asociados a la confiabilidad de los resultados oscilaron alrededor del 5% para ambas zonas, sugiriendo un buen control del error experimental, RESIS es controlado por pocos genes, por tal motivo es poco afectado por el ambiente y los genotipos pueden expresar su potencial genético, los valores de coeficientes de variación resultan bajos como consecuencia de que los genotipos pueden expresar su potencial (Ribeiro et al. 2018).

Si analizamos la participación en SC para la fuente de variación genotipo (G), se puede observar que varía de una sub-zona a otra y también entre cosechas, el Caribe seco presenta ser menor con valores de 35% (2003/2004) y 39,9% (2007/2008), en comparación al Caribe húmedo, con el 68,7% (2003/2004) y 23,7% (2009/2010), Gul et al. (2016); Abd El-Moghny y Mariz (2015) analizan este comportamiento por la

divergencia genética de los genotipos y la relación entre fenotipo y genotipo junto a los valores de heredabilidad para LONG son altos, lo que origina una mayor variación del G y coincide con lo reportado por Campbell y Jones (2005) y Meredith et al. (2012); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018), quienes sostienen que la fuente de variación G presenta mayor participación para RESIS y es superior al 47%.

La fuente de variación ambiental (A) presentó diferencias en el aporte a la suma de cuadrados en ambas sub-zonas y entre cosechas, en el Caribe seco (CS) con valores de 37,1% (2003/2004) y 17,9% (2007/2008) y en el Caribe húmedo (CH) con el 12,4% (2003/2004) y 43,4% (2009/2010), es posible explicar los resultados de ambientes contrastantes cuando la sequía o las zonas de lluvias superan los niveles óptimos, algunos autores como Blanche et al. (2006); Campbell et al. (2011); Sirisha et al. (2018); Teodoro et al. (2019), reportan que la fuente de variación A presenta mayor participación para RESIS y sugieren que supera el 56% de la contribución en la suma de cuadrados.

Por otra lado, la contribución en la suma de cuadrados de la interacción GxA presentó diferencias en la suma de cuadrados en ambas sub-zonas y entre cosechas, en el Caribe seco, con valores de 27,9% (2003/2004) y 42,2% (2007/2008), en comparación con el Caribe húmedo con 18,9% (2003/2004) y 32,9% (2009/2010), esto es debido a los efectos impredecibles del ambiente en el posicionamiento o clasificación de los cultivares, que influye en el valor fenotípico final.

#### **3.4. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL ANÁLISIS COMBINADO DE VARIANZA (ANAVACO) DEL CARIBE SECO (CS) CON LOS DEL CARIBE HÚMEDO (CH) PARA ELONGACIÓN (ELON).**

La elongación de la fibra fue similar para ambas zonas y osciló alrededor del 6 %, indicando que la oferta ambiental tales como suelos, precipitación, temperatura, humedad relativa, manejo agronómico y presión de plagas y enfermedades, favorecieron la expresión del genotipo.

Los coeficientes de variación, parámetros asociados a la confiabilidad de los resultados oscilaron en el Caribe seco, con valores de 3,5% (2003/2004) y 9,6% (2007/2008) y el Caribe húmedo, con 3,6% (2003/2004) y 8% (2009/2010), sugiriendo un mayor control

del error experimental y mayor eficiencia en la técnica experimental utilizada en la investigación en la cosecha 2003/2004 de ambas zonas, ELON es controlado por pocos genes, por tal motivo es poco afectado por el ambiente. Por lo tanto, los valores de coeficientes de variación resultan bajos como consecuencia de los genotipos que expresan sus diferencias genéticas (Ribeiro et al. 2018); Campbell et al. 2018).

Existe mayor participación en la suma de cuadrados (SC) por parte del genotipo (G), siendo los valores del Caribe seco inferiores con 27,1% (2003/2004) y superiores con 78,2% (2007/2008), en comparación con el Caribe húmedo, con el 54,2% (2003/2004) y 49% (2009/2010), Gul et al. (2016); Abd El-Moghny y Mariz (2015) analizan este comportamiento por la divergencia genética de los genotipos y la relación entre fenotipo y genotipo junto a los valores de heredabilidad para ELON son altos, lo que origina una mayor variación del G. Según Sirisha et al. (2018); Greveniotis y Sioki (2017); Ribeiro et al. (2018), cuando los ambientes son favorables los genotipos presentan una contribución alta en la suma de cuadrados para el ELON con una explicación en la suma de cuadrados superior al 45%, en cambio para Meredith et al. (2012) y Blanche et al. (2006); Nandhini et al. (2019), argumentan que los ambientes desfavorables para ELON ante los genotipos explican la variación de la SC con valores menores del 24%.

Además, la significancia de los cuadrados medios (CM) para la fuente de variación G, presentó alta diferencia significativa ( $p < 0,01$ ) para ambas cosechas de las dos sub-zonas aldoneras, lo que indica una alta variabilidad genética de los genotipos ya que provienen de cruzamientos diferentes y coincide con lo reportado por Blanche et al. (2006); Zeng et al. (2014); Ibrahim et al. (2014); Ribeiro et al. (2018).

Si comparamos el aporte en SC para la fuente de variación ambiente (A), se puede observar que varía de una sub-zona a otra y también entre cosechas, el Caribe seco con valores de 54,3% (2003/2004) y 3,2% (2007/2008), en comparación al Caribe húmedo, con el 16,8% (2003/2004) y 7,7% (2009/2010) y obedece a que los ambientes resultaron contrastantes por los efectos del trópico.

Por otro lado, la contribución en la suma de cuadrados de la interacción GxA fue la mayor para el Caribe húmedo, con valores de 28,9% (2003/2004) y 49% (2009/2010), en

comparación con el Caribe seco con valores bajos de 18,7% (2003/2004) y 19,6% (2007/2008), lo cual explica que los genotipos presentan una mayor capacidad de amortiguación individual a las oscilaciones ambientales.

### **3.5. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL ANÁLISIS COMBINADO DE VARIANZA (ANAVACO) DEL CARIBE SECO (CS) CON LOS DEL CARIBE HÚMEDO (CH) PARA FINURA (FINU).**

La finura de la fibra fue similar para ambas zonas y osciló alrededor del 4,2 mg.pulg<sup>2</sup>, indicando que la oferta ambiental tales como suelos, precipitación, temperatura, humedad relativa, manejo agronómico y presión de plagas y enfermedades, favorecieron la expresión del genotipo.

Los coeficientes de variación, parámetros asociados a la confiabilidad de los resultados oscilaron con el 5% Caribe seco y el 6% Caribe húmedo, sugiriendo un buen control del error experimental en ambas zonas, FINU es controlado por menos genes que los que controlan el rendimiento y tiene poca influencia del ambiente, como consecuencia los genotipos pueden expresar su potencial (Ribeiro et al. 2018); (Campbell et al. 2018).

Si analizamos la participación en SC para ambiente (A), se puede observar que varían entre sub-zonas, en el Caribe seco presenta ser mayor con valores de 48,1% (2003/2004) y 75,8% (2007/2008), indicando que los ambientes fueron contrastantes y que las condiciones de sequía o las zonas de lluvias superan los niveles óptimos, en comparación con el Caribe húmedo, con el 29,7% (2003/2004) y 25,3% (2009/2010). Estos resultados son coherentes para el Caribe seco con Blanche et al. (2006); Meredith et al. (2012); Campbell et al. 2011 y para el Caribe húmedo con Sirisha et al. (2018); Nandhini et al. (2019); Greveniotis y Sioki (2017).

En la suma de cuadrados para el genotipo, se puede observar que varía entre sub-zonas, en el Caribe seco con valores de 27,3% (2003/2004) y 10,5% (2007/2008), en comparación con el Caribe húmedo, con el 40,2% (2003/2004) y 35,5% (2009/2010) y se analiza este comportamiento por la divergencia genética de los genotipos y la relación entre fenotipo y genotipo junto a los valores de heredabilidad para FINU son altos, lo que origina una mayor variación del G, lo cual coincide para el Caribe seco con Blanche et

al. (2006); Meredith et al. (2012); Campbell et al. (2011); Greveniotis y Sioki (2017); Nandhini et al. (2019) y para el Caribe húmedo con Sirisha et al. (2018); Ribeiro et al. (2018).

Si comparamos el aporte de la fuente de variación de interacción GxA, se puede observar que difiere entre sub-zonas, en el Caribe seco es menor con valores de 24,5% (2003/2004) y 13,8% (2007/2008), donde los genotipos tienen una mejor capacidad de amortiguación a las oscilaciones ambientales, en comparación con el Caribe húmedo, con el 30,1% (2003/2004) y 39,2% (2009/2010).

#### 4. CONCLUSIONES GENERALES

La significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación de interés (A, G y GXA) para el rendimiento de algodón semilla y fibra presentaron una tendencia en su comportamiento muy similar entre ellas en las dos sub-zonas productoras colombianas, siendo el A quien aporta la mayor variación a las SC's, por ser caracteres cuantitativos altamente poligénicos, muy influenciados por el ambiente.

El porcentaje de fibra difiere de las variables de rendimiento de algodón semilla y fibra por ser un carácter menos poligénico, que se ve poco influenciado por la variabilidad ambiental. En el Caribe seco, la fuente de variación más importante es el G y en el Caribe húmedo es el A.

La significancia estadística y la importancia de las fuentes de variación de interés en motas por planta y peso de mota presentaron un comportamiento semejante entre ellas y en las dos sub-zonas, el ambiente es quien mas contribuye a la variación de los datos, por ser caracteres cuantitativos altamente poligénicos.

La variación de los datos debida al A no tuvo un efecto importante en las variables de calidad de fibra, el G en las dos sub-zonas presento significancia y una contribución importante a nivel de todas las variables, por ser caracteres controlados por menos genes que el rendimiento.

## **5. RECOMENDACIONES**

El número de ambientes para cada prueba de evaluación agronómica multiambientes (PEAM) no es suficiente, dado que el ambiente termina explicando la variación de los datos y entonces no permite que se seleccionen con más seguridad los mejores cultivares para un mejor aprovechamiento de su genética. Por lo tanto, se hace una recomendación hacia las entidades que mejoran el cultivo de algodón a que aumenten el número de ambientes para las PEAM.

De acuerdo a los resultados obtenidos se deben seguir realizando las PEAM para CS y CH, ya que existe un efecto diferencial en cada sub-zona para algunas variables.

## 6. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. **Abd El-Moghny, A. M., & Mariz, S. M. (2015).** Genotypic stability and phenotypic adaptability for some yield traits in some long staple cotton genotypes. *Egypt. J. Agric. Res*, 93(1), 85-100
2. **Albuquerque, R. R. S. D., Cavalcanti, J. J. V., Farias, F. J. C., Queiroz, D. R., & Carvalho, L. P. D. (2020).** Estimates of genetic parameters for selection of colored cotton fiber. *Revista Caatinga*, 33(1), 253-259
3. **Ali, I., Khan, N. U., Rahman, M., Gul, R., Bibi, Z., Gul, S., & Haq, H. A. (2018).** Genotype by environment and biplot analyses for yield and fiber traits in upland cotton. *Intl. J. Agric. Biol*, 20, 1979-1990.
4. **Bakhsh, A., Rehman, M., Salman, S., & Ullah, R. (2019).** Evaluation of cotton genotypes for seed cotton yield and fiber quality traits under water stress and non-stress conditions. *Sarhad J Agric*, 35, 161-170.
5. **Blanche S. B., Myers G. O., Zumba J. Z., Caldwell D., y Hayes J. (2006).** Stability Comparisons Between Conventional And Near-isogenic Transgenic Cotton Cultivars. *The Journal of Cotton Science* 10, 17–28.
6. **Campbell, B. T., & Jones, M. A. (2005).** Assessment of genotype× environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. *Euphytica*, 144(1-2), 69-78.
7. **Campbell, B. T., Chee, P. W., Lubbers, E., Bowman, D. T., Meredith, W. R., Johnson, J., & Fraser, D. E. (2011).** Genetic improvement of the Pee Dee cotton germplasm collection following seventy years of plant breeding. *Crop science*, 51(3), 955-968.
8. **Campbell, B. T., Dever, J. K., Hugie, K. L., & Kelly, C. M. (2018).** Cotton fiber improvement through breeding and biotechnology. In *Cotton Fiber: Physics, Chemistry and Biology* (pp. 193-215). Springer, Cham.
9. **Campuzano, L. F., Guerrero, S. C., & Agudelo, J. G. (2015).** Determinación de atributos en genotipos de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) en la rotación maíz-soya

- asociados a suelos ácidos mejorados de la altillanura colombiana. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 16(2), 251-263
10. **Cotrim, M. F., Farias, F. J. C., de Carvalho, L. P., Teodoro, L. P. R., Bhering, L. L., & Teodoro, P. E. (2019).** Environmental stratification in the brazilian cerrado on the yield and fiber quality of cotton genotypes. *Bioscience journal*, 35(5)
  11. **Damba, G. (2008).** Evaluación de métodos para análisis de estabilidad en diferentes ambientes en genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). *Trabajo de grado en fitomejoramiento. Palmira. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. pág, 16*
  12. **De Carvalho, L. P., Salgado, C. C., Farias, F. J. C., & Carneiro, V. Q. (2015b).** Estabilidade e adaptabilidade de genótipos de algodão de fibra colorida quanto aos caracteres de fibra. *Ciência Rural*, 45(4), 598-605.
  13. **De Carvalho, L. P., Farias, F. J. C., MORELLO, C. D. L., RODRIGUES, J. D. S., & Teodoro, P. E. (2015a).** Agronomic and technical fibers traits in elite genotypes of cotton herbaceous. *Embrapa Algodão-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
  14. **Dewdar, M. D. H. (2013).** Stability analysis and genotype x environment interactions of some Egyptian cotton cultivars cultivated. *African Journal of Agricultural Research*, 8(41), 5156-5160.
  15. **Espitia Camacho, M. M., Araméndiz Tatis, H., & Mendoza Olivella, A. M. (1993).** Selección simultánea de genotipos de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) por altos rendimientos y estabilidad. *Revista ICA (Colombia)*, 28(3),227-234
  16. **Farias, F. J. C., de CARVALHO, L. P., da SILVA FILHO, J. L., & Teodoro, P. E. (2016).** Correlations and path analysis among agronomic and technological traits of upland cotton. *Embrapa Algodão-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
  17. **Greveniotis, V., & Sioki, E. (2017).** Genotype by environment interactions on cotton fiber traits and their implications on variety recommendation. *J. Agric. Stud*, 5(2), 86-106

18. **Gul, S., Khan, N. U., Batool, S., Baloch, M. J., Munir, M., Sajid, M. & Kazmi, S. F. (2014).** Genotype by environment interaction and association of morpho-yield variables in upland cotton. *J. Anim. Plant Sci*, 24(1), 262-271.
19. **Gul, S., Khan, N. U., Gul, R., Baloch, M., Latif, A., & Khan, I. A. (2016).** Genotype by environment and phenotypic adaptability studies for yield and fiber variables in upland cotton. *J. Anim. Plant Sci*, 26(3), 776-786
20. **Ibrahim, M. M., Ahmad, M. S. H., Hassan, I. S. M., & El-Sameea, A. A. (2014).** Phenotypic Stability of Some Egyptian Cotton Genotypes Grown at Different Environments of Upper Egypt.
21. **Mejía Salazar, Julián. (2014).** Evaluación de la interacción genotipo por ambiente para variedades transgénicas de algodón (*Gossypium hirsutum* L.). Trabajo de grado en fitomejoramiento. Universidad nacional de Colombia, posgrados facultad de ciencias agropecuarias palmira. pág, 16.
22. **Mejía-Salazar, J. R., Galeano-Mendoza, C. H., Burbano-Erazo, E., Vallejo-Cabrera, F. A., & Arango, M. (2020).** Interacción genotipo por ambiente de nueve variedades de algodón para los Valles interandinos en Colombia. *Agronomía Mesoamericana*, 31(1), 31-42
23. **Meredith Jr, W. R. (2003).** Thirty-six years of regional high quality variety tests. *In Proceedings Beltwide Cotton Conferences, National Cotton Council, Memphis, TN* (pp. 2561-2566).
24. **Meredith Jr, W. R., Boykin, D. L., Bourland, F. M., Caldwell, W. D., Campbell, B. T., Gannaway, J. R., & Zhang, J. (2012).** Genotype x environment interactions over seven years for yield, yield components, fiber quality, and gossypol traits in the regional high quality tests. *J Cotton Sci*, 16,160-9.
25. **Mukoyi, F., Gasura, E. y Makunde, GS (2018).** Implicaciones de las correlaciones y las interacciones genotipo por medio ambiente entre rasgos de algodón. *African Crop Science Journal* , 26 (2), 219-235
26. **Nadeem, F., Khan, N. U., Khalid, S., Azam, S., Saeed, B., Jan, T., & Khan, M. R. (2018).** Genotype× environment interaction studies in F5 populations of upland cotton

under agro-climatic condition of Peshawar. *Pure and Applied Biology (PAB)*, 7(3),973-991.

27. **Nandhini, K., Saraswathi, R., Premalatha, N., Sakthivel, N., & Kumaravadivel, N. (2019).** Assessment of G× E interaction for fibre quality traits in recombinant inbred lines of cotton. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 8(6), 351-360.
28. **Ribeiro, L. P., Carvalho, L. P. D., Farias, F. J. C., Rodrigues, J. I. D. S., Teodoro, P. E., & Bhering, L. L. (2018).** Genetic gains in agronomic and technological traits of elite cotton genotypes. *Bragantia*, 77(3), 466-475.
29. **Salim, H. S. A. (2018).** Assessment of Genotype by Environment Interaction and Phenotypic Stability Analyses of Yield and Fiber Quality of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) in Central Suda (Doctoral dissertation, University of Gezira).
30. **Shahzad, K., Qi, T., Guo, L., Tang, H., Zhang, X., Wang, H., & Shahid Iqbal, M. (2019).** Adaptability and stability comparisons of inbred and hybrid cotton in yield and fiber quality traits. *Agronomy*, 9(9), 516
31. **Singh, S., Singh, V. V., & Choudhary, A. D. (2014).** GENOTYPE X ENVIRONMENT INTERACTION AND YIELD STABILITY ANALYSIS IN MULTIENVIRONMENT. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 17(3), 477-482.
32. **Sirisha, A. B. M., Lal Ahamed, M., Kuamr, P. R., Kumari, S. R., & Rao, V. S. (2018).** AMMI analysis for quality characters in upland cotton. *IJCS*, 6(3), 3050-3056
33. **Teodoro, P. E., Farias, F. J. C., de Carvalho, L. P., Ribeiro, L. P., Nascimento, M., Azevedo, C. F., & Bhering, L. L. (2019).** Adaptability and Stability of Cotton Genotypes Regarding Fiber Yield and Quality Traits. *Crop Science*, 59(2), 518-424
34. **Usman, K., & Ayatullah, N. K. (2016).** Genotype-by-sowing date interaction effects on cotton yield and quality in irrigated condition of Dera Ismail Khan, Pakistan. *Pakistan Journal of Botany*, 48(5), 1933-1944

35. **Vallejo, F. A. y Estrada, E. I. (2016).** Mejoramiento genético de plantas. Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira (UNAPAL), *FERIVA SA*. ISBN:958-8095-11-5. 185p, 225 – 227p.
36. **Zeng, L., & Meredith, W. R. (2009).** Associations among lint yield, yield components, and fiber properties in an introgressed population of cotton. *Crop science*, 49(5), 1647-1654
37. **Zeng, L., Meredith, W. R., Campbell, B. T., Dever, J. K., Zhang, J., Glass, K. M., & Bourland, F. M. (2014).** Genotype-by-environment interaction effects on lint yield of cotton cultivars across major regions in the US cotton belt. *The J. Cotton Sci*, 18:75-84