

UNIVERSIDAD DEL VALLE DE GUATEMALA

Facultad de Ingeniería



Desempeño fenotípico y estimación del valor de mejora genética de
genotipos de caña de azúcar en condiciones del estrato litoral
Pacífico de Guatemala

Trabajo de graduación presentado por

Kevin Francisco Vásquez Orozco

para optar al grado académico de Licenciado en Ingeniería en Tecnología
Agrícola y Pecuaria

Guatemala

2019

Desempeño fenotípico y estimación del valor de mejora genética de
genotipos de caña de azúcar en condiciones del estrato litoral
Pacífico de Guatemala

UNIVERSIDAD DEL VALLE DE GUATEMALA

Facultad de Ingeniería



Desempeño fenotípico y estimación del valor de mejora genética de
genotipos de caña de azúcar en condiciones del estrato litoral
Pacífico de Guatemala

Trabajo de graduación presentado por

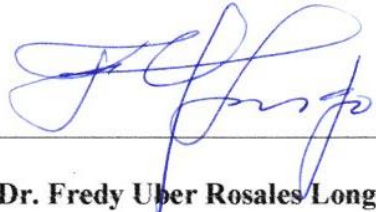
Kevin Francisco Vásquez Orozco

Para optar al grado académico de Licenciado en Ingeniería en Tecnología
Agrícola y Pecuaria

Guatemala

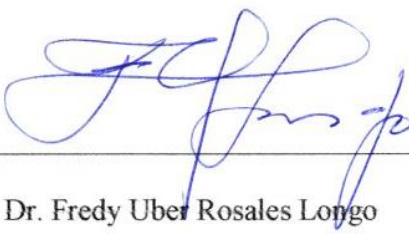
2019

Vo. Bo.:

(f) 

Dr. Fredy Uber Rosales Longo
Asesor

Tribunal Examinador

(f) 

Dr. Fredy Uber Rosales Longo
Asesor

(f) 

Ing. Fernando Rafael Rivera Turcios

(f) 

Ing. Claudia María Meléndrez

Fecha de aprobación: Guatemala, 04 de febrero del 2019

DEDICATORIA

A Dios, fuente inagotable de inteligencia, paz y sabiduría

A Guatemala, mi tierra cariñosa y fértil, cuna de los matilisguates que adornan las tardes de abril

A mis padres Ana Nohemí Orozco y Antonio Francisco Vásquez

A mi hermana, Yorleni Nohemí Vásquez Orozco

AGRADECIMIENTOS

A Dios, “Al Rey de los siglos, inmortal, invisible, al único y sabio Dios, sea honor y gloria por los siglos de los siglos. Amén.” (1 Timoteo 1: 17)

A mi familia, mis padres Antonio Francisco Vásquez Guinea y Ana Nohemí Orozco Carreto, a quienes debo mucho más de lo que en mi vida podré retribuirles, mi hermana Yorleni Nohemí Vásquez Orozco y demás familia quienes me alentaron hasta llegar al final de esta etapa.

A mi alma máter, Universidad del Valle de Guatemala, a quien debo la formación y conocimiento que necesité para culminar de manera exitosa esta etapa de mi vida y mucho más.

Al Dr. Fredy Uber Rosales Longo, por su atenta asesoría y exorbitantes enseñanzas, por su valioso tiempo en cada etapa de mi proceso, sus sabios consejos y, sobre todo, por su buena amistad.

Al Ing. Agr. M. Sc. Werner Ovalle, por su apoyo, el conocimiento compartido y amistad.

Al personal de campo de la estación experimental del Centro Guatemalteco de Investigación y Capacitación de la Caña de Azúcar (CENGICAÑA), quienes me brindaron su amistad y contribuyeron en sobremanera en la recolección de datos del ensayo.

Al Ing. Fernando Rafael Rivera Turcios, Director Ejecutivo del Campus Sur de la Universidad del Valle de Guatemala, por su atenta ayuda y apoyo.

A Kímblerly Dessiré Rodas Villaseñor, porque la ayuda necesaria hasta este punto no solo es tangible y por su presencia en mi vida.

A mis amigos, Melanie Julissa Samayoa Méndez, Christopher Adolfo Reyes Mazariegos y Donald Alexander González Álvarez, de quienes recibí ayuda y apoyo invaluable.

A todos, compañeros y amigos, que directa o indirectamente me ayudaron en la elaboración de este trabajo.

Contenido

	Página
Lista de cuadros.....	X
Lista de figuras.....	XI
Lista de ecuaciones	XII
RESUMEN.....	XIII
I. INTRODUCCIÓN	1
II. JUSTIFICACIÓN.....	3
III. OBJETIVOS	5
IV. MARCO TEÓRICO.....	6
A. Generalidades de la caña de azúcar.....	6
1. Anatomía y morfología de la caña de azúcar	6
B. Origen y distribución de la caña de azúcar.....	7
1. Precedentes en el mejoramiento genético de la caña de azúcar	7
C. Clasificación taxonómica	8
D. Interacción genotipo \times ambiente.....	8
E. Análisis de componentes principales (ACP).....	9
F. Mejor Predictor Lineal Inssegado (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP).....	9
V. METODOLOGÍA	10
A. Localización del estudio.....	10
B. Plan experimental.....	11
1. Diseño experimental.....	11
2. Material genético.....	12
3. Variables de respuesta.....	12
C. Manejo del experimento	13
1. Etapa 1. Evaluación y selección preliminar	13
2. Etapa 2. Trabajo de campo y medición de variables	13
D. Análisis de la información y software.....	13
VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	15
A. Caracterización por estadística descriptiva.	16
B. Análisis de correlación.....	18
C. Análisis de varianza.....	19
D. Análisis de componentes principales (ACP).....	21
G. Mejor Predictor Lineal Inssegado (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP)	27
VII. CONCLUSIONES	30

VIII. RECOMENDACIONES	32
IX. BIBLIOGRAFÍA.....	33
X. Anexo	36
Anexo 1. Listado de los cultivares en evaluación dentro del experimento	36
Anexo 2. Resultados de la estimación de BLUP para la variable TAH.	41
Anexo 3. Total de componentes principales (CP's) resultante del análisis.....	42
Anexo 4. Scores obtenidos del análisis multidimensional de Componentes Principales (ACP) ..	43

Lista de cuadros

Cuadro 1. Componentes principales del tallo de caña de azúcar.	6
Cuadro 2. Componentes secundarios del tallo de caña de azúcar	6
Cuadro 3. Condiciones climáticas, valores promedio mensuales, en el área de experimentación durante el período 01/01/2014 al 31/03/2016, para la estación meteorológica San Antonio El Valle en el Estrato Litoral: (14° N; -91.2 O; 10 msnm)	10
Cuadro 4. Genotipos seleccionados en la etapa 1 con testigos y con datos de evaluación de etapa 2.	15
Cuadro 5. Resultados de análisis de estadística simple para las variables.	16
Cuadro 6. Resultados de análisis de estadística simple para las variables.	16
Cuadro 7. Coeficientes de correlación y sus significancias ($\alpha = 0.05$).	18
Cuadro 8. Análisis de varianza (ANOVA) para un modelo lineal convencional (todos los componentes del modelo son considerados fijos) realizados en agricolae (Mendiburu, 2017).	19
Cuadro 9. Análisis de varianza (ANOVA) para un modelo lineal mixto (rep y rep:block son considerados aleatorios y variedad se considera como fijo).	19
Cuadro 10. Análisis de varianza (ANOVA) modelo lineal convencional de pap5t (Sugar).	20
Cuadro 11. Análisis de varianza (ANOVA) modelo lineal mixto de pap5t (Sugar).	20
Cuadro 12. Ordenamiento de promedios por LSD	21
Cuadro 13. Eigenvalues (raíces características) de cada componente principal (CP), proporciones de la variabilidad explicada por cada componente principal y valores acumulados.	22
Cuadro 14. Cargas de las variables en los CP's.	23
Cuadro 15. Resultados de cálculo de BLUP del ensayo.	27
Cuadro 16. a) Ordenamiento de las variedades en función del BLUP ordenado de mayor a menor. b) Ordenamiento de las variedades en función SUGAR ordenado de mayor a menor.	28

Lista de figuras

	Página
Figura 1. Ubicación del NFELCG14	10
Figura 2. Dispersión de los valores de los residuos (desviaciones) y gráfico de QQ sobre normalidad de Sugar (pap5t) (FUENTE: Elaboración propia).	20
Figura 3. Importancia de los CP's en la varianza del ensayo	23
Figura 4. a) Importancia de las variables en el CP1. b) Importancia de las variables en el CP2. c) Importancia de las variables en el CP3. La media representada por una línea punteada	25
Figura 5. Biplot de la dispersión de los valores de los scores de cada observación (puntos negros) y los Eigenectores según sus valores de asociación en un plano considerando los CP's 1 y 2.	26
Figura 6. Dispersión de los valores (<i>triplot</i>) de los "scores" de los primeros tres CP's y los vectores correspondientes en azul	26
Figura 7. Correlación entre el valor medio de Sugar (pap5t) y BLUP	29

Lista de ecuaciones

	Página
Ecuación 1.....	11
Ecuación 2:.....	11

RESUMEN

El desarrollo de nuevo material vegetal genético en la industria azucarera de Guatemala es realizado continuamente por el Centro Guatemalteco de Investigación y Capacitación de la Caña de Azúcar (CENGICAÑA) por medio de un programa de desarrollo de variedades que está compuesto por: a) un subprograma de cruzamientos y, b) un subprograma de selección (estado I, estado II, estado III, estado III incremento, estado IV (pruebas regionales) y estado V (Pruebas semicomerciales).

El programa de variedades cuenta con una amplia gama de genotipos y una importante serie de experimentos distribuidos en toda el área de producción de caña de azúcar en el país, entre los que se dividen los genotipos que florecen y los que no, relacionado con la época para su cultivo según la duración de la zafra. También se dividen con relación al estrato altitudinal en el que se evalúan. Dentro de este proceso, el estudio del desempeño fenotípico de los materiales es importante para establecer su potencial productivo. El estudio exhaustivo de los genotipos en evaluación en términos de su desempeño fenotípico, permitirá conocer su valor genotípico. En el Estado III es posible iniciar estos estudios mediante la aplicación de técnicas estadísticas y de mejora genética, lo cual permitirá a su vez a los fitomejoradores identificar aquellos genotipos de desempeño superior.

La intención general de este trabajo fue evaluar el desempeño fenotípico de 142 genotipos de caña de azúcar, así como la estimación del valor genético de un grupo de ellos mediante la aplicación de técnicas estadísticas relacionadas con modelos lineales mixtos en un experimento del Estado III de selección, en el ciclo de “plantía” de los genotipos que no florecen, en el estrato litoral del área productiva de caña de azúcar de Guatemala. La zona litoral se sitúa entre los 0 y 40 metros sobre el nivel del mar (msnm). En este estrato se encuentra más del 70% del cultivo. Los objetivos de este trabajo fueron: a) estudiar el desempeño fenotípico de genotipos de caña de azúcar en condiciones del estrato litoral de Guatemala mediante la continua evaluación de variables predispuestas, considerando su valor genético. b) estudiar el patrón de ordenamiento y clasificación de las variables en estudio mediante un análisis de componentes (ACP), como vía de identificación de las variables que expliquen la variabilidad existente. c) calcular el valor genético de los genotipos superiores mediante la estimación del Mejor Predictor Lineal Insesgado (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP), como vínculo posible de herramienta de selección y d) seleccionar los genotipos con los mejores valores genéticos mediante la aplicación del BLUP con el propósito de identificación de los que posean mejor valor genético. El experimento se estableció en un diseño de bloques incompletos parcialmente balanceado. Se evaluaron 13 variables de respuesta producto de 49 diferentes mediciones. El tratamiento de la información se realizó con la ayuda del software R y mediante análisis estadísticos unidimensionales, pruebas de F, análisis de correlación, análisis de componentes principales (ACP) y el cálculo del mejor estimador lineal insesgado (BLUP en inglés) a partir del análisis e interpretación de un modelo lineal mixto, con el objeto de determinar el valor de la mejora genética (breeding value) de cada uno de los genotipos estudiados en detalle.

En el análisis de varianza utilizando la variable TAH no se encontró diferencia significativa entre las observaciones, aun así, los resultados de estadística descriptiva indican que efectivamente existen diferencias amplias entre las variedades con un rango de 24.12 para la variable en cuestión. Mediante el uso de una variable de medición más directa del mismo carácter fenotípico (kg azúcar por kg de caña de la muestra en el campo) se encontró que los valores más altos de variabilidad se verificaron en las variables relacionadas con la acumulación de biomasa, en particular el peso de 5 tallos, el diámetro, el corcho y la fibra. La menor variabilidad y mejor consistencia se encontró entre las variables relacionadas con la acumulación de sacarosa. Por otro lado, este patrón sobre la variabilidad mostró que las variables relacionadas con la sacarosa correlacionan mejor entre sí de lo que lo hacen las variables relacionadas con la acumulación de biomasa. Un patrón de ordenamiento similar se encontró en un análisis de componentes principales (ACP) en donde el componente principal 1 (CP1) contuvo la mayor cantidad de variabilidad explicada (29.51%) en tanto que las variables relacionadas con la acumulación de biomasa y calidad interna de los tallos se distribuyeron entre los CP's 1 y 2. Las variables relacionadas con el azúcar y la biomasa no correlacionan entre sí, esto fue corroborado por el ACP puesto que como estos no están correlacionados entre sí, indican que las variables que mejor los explican a cada uno, tampoco presentan niveles de correlación importantes. BLUP, debido a sus propiedades (lineal e insesgado) extrajo los valores genéticos de los materiales en evaluación de mejor manera que la variable original a partir de la cual fue determinado, "Sugar" (pap5t). Finalmente, BLUP proporcionó un indicador del valor genético de mejor calidad para realizar la selección de las mejores variedades en el futuro.

I. INTRODUCCIÓN

En el manejo del cultivo de caña de azúcar es muy importante mantener una perspectiva amplia de los factores que afectan de manera negativa la productividad del cultivo pues, controlando tales factores es como se mantiene cierta seguridad en la producción; una vez en este contexto se evidencia que los sistemas de cultivo son continuamente cambiantes con relación a su tiempo de permanencia. Por lo anterior, no puede predecirse de forma segura el comportamiento que tendrá el sistema de producción en cada periodo de tiempo. Factores como la disponibilidad y el uso del recurso hídrico, control de plagas y cambios en las variables climáticas, por mencionar algunos, son fluctuantes y su variabilidad afecta de tal modo al cultivo de la caña de azúcar que uno de esos factores puede determinar el éxito o el fracaso. Dentro de este contexto, el empleo de cultivares de caña de azúcar que puedan ajustarse lo mejor posible a las variaciones de las condiciones es, particularmente importante. De acuerdo con lo anterior, es necesario mantener un flujo de variedades nuevas que se postulen como las respuestas ante el cambio de cualquier factor que afecte al cultivo. El suministro de nuevas variedades con características potencialmente apropiadas, se logra a través de la mejora genética del cultivo, por medio de la selección.

La caña de azúcar es una especie poliploide, lo que implica polialelismo. Un carácter dominado por más de diez alelos conviviendo en la misma célula genera una amplia complejidad muy difícil de manejar en términos de la mejora genética convencional. Por otro lado, la mayoría de los caracteres de interés en caña de azúcar, los cuales se relacionan con la productividad, son de orden poligénico, lo cual ahonda aún más la complejidad genética de los cultivares modernos de caña de azúcar. Para lograr una selección que satisfaga las exigencias no solo del fitomejorador, sino que también de los productores, es necesario hacer el ejercicio de selección basándose en las variables asociadas a la productividad. Al ser de orden poligénico-polialélico, estas variables son de variación cuantitativa, para el caso de la caña de azúcar, las variables de este tipo pueden ordenarse de diferentes formas, así, por ejemplo, variables relacionadas con enfermedades, composición del tallo, biomasa, calidad interna del tallo, variables relacionadas con el contenido de sacarosa, etcétera.

Cuando se necesita hacer uso de todas las variables para las labores de selección, se corre gran riesgo de que ésta no sea muy objetiva para lograr los resultados deseados, es por esto que se necesita acomodar las variables de manera que se tenga una mayor certeza sobre las que más representan la productividad y luego poder seleccionar los individuos que posean mejores valores en tal variable, pero con la condición de que estén lo menos influenciados posible por otro factor que no sea su valor genético. Esto se logra mediante la medición y evaluación de las variables de la forma más directa posible. Es decir, tratar de usar variables que no impliquen en su cálculo, el uso de otras variables relacionadas. En el presente trabajo se estudiaron las principales variables relacionadas con la productividad en caña de azúcar y se buscó establecer un ordenamiento por grupos relacionales y valorar la importancia de estas en términos de su influencia en la variación cuantitativa de todas ellas en su conjunto. Por otro lado, para buscar establecer el valor genético de

los materiales en estudio se utilizaron técnicas de modelos lineales mixtos, con el fin de identificar en dichos términos, los genotipos con los mejores desempeños genéticos, a partir de su valoración fenotípica.

II. JUSTIFICACIÓN

El cultivo de caña de azúcar es uno de los cultivos más importantes en el mundo, su área total estimada de producción es de 25.9 millones de hectáreas, de este gran total el continente americano cultiva el porcentaje más alto con 53.38% del área (FAOSTAT, 2017). En Guatemala, la industria azucarera se ha transformado en una de las principales fuentes de empleo y de divisas (Melgar, 2012). El Banco de Guatemala clasifica este cultivo como producto no tradicional y para el año 2015 el cultivo de caña representó el 15.7 % del PIB de los productos no tradicionales y para el año 2016 el 15.8 % (SIB, 2016). En el país se cultivan alrededor de 250,000 hectáreas con caña de azúcar, cerca del 70% en el estrato litoral (0-40 msnm) (Orozco & Buc, 2016) en la costa del océano Pacífico.

Los híbridos modernos de caña de azúcar se derivan de cruza entre materiales que provienen de una crusa original entre *S. officinarum* x *S. spontaneum*. Estos primeros cruzamientos tuvieron lugar hace unos 100 años, lo cual, en términos evolutivos, es un tiempo relativamente corto pero, lo suficientemente largo para reacondicionar el genoma del cultivo, el cual en forma general posee dos terceras partes de *S. officinarum* y una tercera parte de *S. spontaneum* (AAB) (Rosales-Longo F. , 2011). En general, esta constitución genética compleja le confiere a la caña de azúcar un alto nivel de variación cuantitativa a las variables relacionadas con la productividad y en consecuencia se tiene un alto nivel de interacción entre el genotipo y el ambiente. Esto requiere el estudio constante de los niveles de interacción entre los genotipos y las condiciones agroecológicas de los sitios de producción, que en Guatemala son varias (Villatoro & Meneses, 2013).

Mantener una apropiada distribución varietal dentro del área cultivada posee varias ventajas: se pueden controlar mejor los problemas de enfermedades, así como la mejor adaptación a condiciones del suelo, temperatura, disponibilidad limitada de agua, radiación solar global, etcétera. Uno de los objetivos fundamentales de la mejora genética en plantas es el constante progreso de los sistemas de producción con el fin de propiciar el aumento de la productividad o bien la reducción significativa de los costos de producción, lo que significaría en términos prácticos, mayores beneficios financieros, así como menor impacto en los sistemas ecológicos en donde la producción es llevada a cabo.

Por otro lado, es importante también mantener el flujo de cultivares nuevos con el objetivo de reducir, en lo posible, el riesgo de repentinos descensos en la producción motivados por el deterioro de las variedades de caña ya sea, como se dijo arriba, por el surgimiento de nuevas plagas o enfermedades o bien el rompimiento de la resistencia actual a los patógenos. Así también, es importante contar con genotipos que se adapten constantemente a los nuevos sistemas de producción, los cuales son resultantes de cambios constantes en la agroindustria azucarera guatemalteca como parte natural de su frecuente modernización, especialmente los sistemas modernos de plantación, cultivo y cosecha.

Adicionalmente, los requerimientos de la sociedad de una producción más limpia y de menor impacto ambiental son cada vez más puntuales y necesarios de cumplir con el fin de buscar la sostenibilidad del cultivo y de los sistemas de producción, así como de los ambientes en los cuales se desarrolla el cultivo de la caña de azúcar.

El mejoramiento genético en el cultivo de la caña de azúcar en Guatemala se fundamenta en dos grandes procesos que son (Orozco, Quemé, Ovalle, & Rosales-Longo, 2012):

- La generación de la variabilidad mediante la realización de cruzas, biparentales usualmente.
- Un programa de selección que incluye cinco fases secuenciales de estudio y selección, estados de selección I, II, III, IV y V.

El presente estudio se circunscribe dentro del estado III de selección el cual, es uno de los estados tempranos de estudio y selección del programa de mejoramiento genético de CENGICAÑA (Orozco, Quemé, Ovalle, & Rosales-Longo, 2012). Se justifica la presente propuesta en el sentido de que, el desarrollo de nuevos genotipos de caña de azúcar contribuye notablemente en el mejoramiento de los sistemas productivos, pero, además, contribuye con el acondicionamiento constante de los sistemas de producción a las nuevas demandas de conservación.

La mejora genética, es la forma más segura y, en el largo plazo, más barata para la adaptación ante los nuevos retos que constantemente surgen para los sistemas de producción, tanto en el campo como en la fábrica, dentro del marco del accionar de la agroindustria azucarera guatemalteca, además de considerar la variabilidad climática actual. El presente trabajo buscó contribuir, principalmente, en la generación de conocimiento y formación académica; además, contribuir con el desarrollo de mayor oferta tecnológica en el campo de las variedades de caña de azúcar mediante el desarrollo del conocimiento del valor genético de los genotipos en evaluación con el fin de realizar una categorización de los mismos. El conocimiento del valor genético (breeding value) será empleado como una herramienta que contribuya en el progreso de los métodos de valoración y selección de los materiales genéticos de caña de azúcar.

III. OBJETIVOS

A. General

- Contribuir con el desarrollo del cultivo de la caña de azúcar mediante el estudio y desarrollo de genotipos adaptados a los sistemas de producción en Guatemala.

B. Específicos

1. Estudiar el desempeño fenotípico de genotipos de caña de azúcar en condiciones del estrato litoral de Guatemala mediante la continua evaluación de variables predispuestas, considerando su valor genético.
2. Estudiar el patrón de ordenamiento y clasificación de las variables en estudio mediante un análisis de componentes (ACP), como vía de identificación de las variables que expliquen la variabilidad existente.
3. Calcular el valor genético de los genotipos superiores mediante la estimación del Mejor Predictor Lineal Insesgado (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP), como vínculo posible de herramienta de selección.
4. Seleccionar los genotipos con los mejores valores genéticos mediante la aplicación del BLUP con el propósito de identificación de los que posean mejor valor genético.

IV. MARCO TEÓRICO

A. Generalidades de la caña de azúcar

La caña de azúcar es una planta de la familia *poaceae* que se cultiva en gran extensión alrededor del mundo en las regiones de fácil adaptabilidad, generalmente las regiones que presentan esta característica son las regiones tropicales y subtropicales. El gran interés por cultivar extensivamente la caña de azúcar se debe a su capacidad de concentrar altas cantidades de sacarosa en los entrenudos que conforman su tallo (Australian Government. Department of Health and Ageing. Office of the Gene Technology Regulator, 2004), lo que se traduce en alta rentabilidad y desarrollo para la zona en la que se cultive.

1. Anatomía y morfología de la caña de azúcar

En lo concerniente al sistema radicular de la caña de azúcar, de acuerdo con Montejó & Rivera, (2002), éste es de tipo fibroso, en la agroindustria azucarera latinoamericana es conocida como “cepa” y en los terrenos profundos puede llegar a medir hasta 80 cm. Su distribución puede ser de tres tipos, 1) absorbentes, 2) de sostén, 3) profundas (Amaya Estévez, Cock, del Pilar Hernández, & Irvine, 1995). A pesar de la existencia de estos tipos diferentes en caña de azúcar, es difícil diferenciarlos, más aún las profundas.

En cuanto al tallo, es el órgano de la planta que representa el máximo aprovechamiento, pues en él concentra su azúcar. Los tallos se aglomeran en grupos a los que se les conoce como “macollas”. El tallo de la caña de azúcar está formado por nudos que se encuentran separados por entrenudos (Amaya Estévez, Cock, del Pilar Hernández, & Irvine, 1995), es en los primeros, en los que se desarrollan las yemas que, cuando su finalidad es esa, serán el origen de una nueva planta. El tallo será variable en cuanto a su diámetro, altura, color y largo de sus entrenudos en función de las distintas variedades y el entorno en el que tenga lugar su desarrollo.

Cuadro 1. Componentes principales del tallo de caña de azúcar.

COMPONENTES	PORCENTAJE DEL TALLO
Agua	73 – 76 %
Sacarosa	8 – 15%
Fibra	11 – 16%

(Perafán, 2009)

Cuadro 2. Componentes secundarios del tallo de caña de azúcar

COMPONENTES	PORCENTAJE DEL TALLO
Glucosa	0.2 – 0.6 %
Fructosa	0.2 – 0.6%
Sales	0.3 – 0.8%
Ácidos orgánicos	0.1 – 0.8%
Otros	0.3 – 0.8%

(Perafán, 2009)

Respecto a las hojas, son en forma de vainas alargadas cuya labor principal es la protección de la yema con el fin de asegurar su propagación, se disponen alternadamente a lo largo del tallo, nacen en los nudos. Cada hoja está formada por la lámina foliar y por la vaina o yagua, la lámina es la parte de la hoja que posee más importancia para el proceso fotosintético (Amaya Estévez, Cock, del Pilar Hernández, & Irvine, 1995). De acuerdo con Montejo & Rivera, (2002): “a medida que la caña se desarrolla las hojas bajas se vuelven senescentes, se caen y son reemplazadas por las que aparecen en nudos superiores. La pubescencia que las hojas presenten estarán ligadas mayoritariamente a la variedad de caña.”

En cuanto a la inflorescencia, es una panícula en forma de espiga, completamente hermafrodita (Montejo & Rivera, 2002). Es compuesta por un eje principal con articulaciones en las que se insertan las espiguillas una frente a la otra, estas son las que contiene a la flor con tres anteras y un ovario con dos estigmas (Amaya Estévez, Cock, del Pilar Hernández, & Irvine, 1995). La manipulación de las flores con fines de reproducción sexual se realiza habitualmente en programas de mejoramiento.

B. Origen y distribución de la caña de azúcar

El origen de la caña de azúcar es indefinido pues existen registros en los continentes europeo y asiático en los que se expone que el hombre cultivaba la caña de azúcar desde la época primitiva, por lo que se tiene una gran probabilidad de que la caña fuere cultivada desde hace mucho antes de la época mencionada, aun así, el registro más reciente aceptado se remonta a inicios del período cretáceo, hace aproximadamente 60 millones de años (James, 2004) durante ese período los ancestros primitivos de la caña de azúcar se extendieron por el continente asiático y sus diversas variedades evolucionaron en zonas que les ofrecían condiciones favorables como Nueva Guinea. Se cree que las tribus utilizaban a los ancestros de la caña de azúcar para masticar e ingerir su jugo. A partir de esta época el cultivo de caña de azúcar ha sufrido de evolución asistida por el hombre y el entorno natural en el que se ha encontrado, los híbridos ahora más comunes de caña de azúcar son el resultado de una serie de cruzamientos que convergen en una hibridación interespecífica inicial entre *S. officinarum* × *S. spontaneum* hace más de 100 años (Rosales-Longo F. , 2011) .

1. Precedentes en el mejoramiento genético de la caña de azúcar

La hibridación inicial en el género *Saccharum*, de acuerdo con (Rosales-Longo F. , 2011), fue realizada hacia el año 1885 liderada por mejoradores holandeses, resultado de este trabajo fueron los que posteriormente se usaron como progenitores para genotipos modernos, estos cultivares fueron denominados como **POJ2725** y **POJ2878**. El mejoramiento en el cultivo de la caña de azúcar suele ser limitado por la complejidad de su material genético que deriva en una alta relación **Genotipo × Ambiente**.

En Guatemala, la caña de azúcar se ha establecido como un cultivo referente en diversas zonas del país por lo que el aumento en la productividad del cultivo es algo que se busca constantemente desde distintos puntos de vista, uno de los principales de los cuales es el mejoramiento genético. El Centro Guatemalteco de Investigación y Capacitación de la Caña de Azúcar (CENGICANÑA) por medio de su programa de variedades

busca el mejoramiento del cultivo a través de la herramienta de la selección. El proceso de mejoramiento genético convencional en Guatemala sigue los siguientes pasos generales: a) selección de progenitores; b) generación de la variabilidad genética por la recombinación genética; y, c) dentro de esta variabilidad se ejecuta un programa de selección de genotipos (Orozco *et al.*, 2012). El proceso antes mencionado es bastante amplio y laborioso, el cual requiere de mucho tiempo para obtener los resultados deseables que respondan a las exigencias de la agroindustria. El tiempo que puede demorar una variedad desde su concepción hasta su liberación es de 12 a 13 años. El desarrollo comercial y su uso rutinario en los campos de cultivo puede tomar otros cinco o 10 años más.

C. Clasificación taxonómica

De acuerdo con el Sistema Integrado de Información Taxonómica “Integrated Taxonomic Information System” (ITIS, 2018) la caña de azúcar se clasifica de la siguiente manera:

Reino: Plantae

División: Traqueofita

Clase: Magnoliopsida

Orden: Poales

Familia: Poaceae

Género: *Saccharum L.*

Especie: *Saccharum officinarum L.*

Sin embargo, debido a que los cultivares modernos de la caña de azúcar son productos de hibridaciones entre progenies derivadas de cruza y retrocruza de dos especies (*S. officinarum* × *S. spontaneum*), su clasificación taxonómica no está definida. La convención es designar a los cultivares modernos de caña de azúcar como (*Saccharum* spp. hybrids) o su traducción al español (Australian Government. Department of Health and Ageing. Office of the Gene Technology Regulator, 2004).

D. Interacción genotipo × ambiente

La tarea de mejorar una especie a través de la selección implica necesariamente considerar caracteres a evaluar que usualmente son de tipo cuantitativo, generalmente en los cultivos de producción extensiva son este tipo de caracteres los que dictan el rendimiento y aprovechamiento de su producción. La gran mayoría de los caracteres cuantitativos son fácilmente influenciados por el ambiente (Rosales-Longo F. , 2017). En términos más específicos el objetivo del mejoramiento de una especie es mejorar la calidad o valor genotípico en el que se fundamentan los caracteres cuantitativos de interés, para lograrlo es fundamental conocer y aún comprender la magnitud de la expresión fenotípica (con caracteres cuantitativos).

La fluctuación en su expresión de los caracteres de variación cuantitativa puedan presentar, están en función de dos principales factores (Bos & Caligari, 2007): el entorno en el que se desarrolla y la variabilidad

genotípica. El primer factor hace referencia a las diversas condiciones de cultivo en el que se puede establecer, el cual a su vez está determinado en gran manera por el manejo agronómico que el hombre pueda ofrecer y el segundo factor se centraliza en la influencia total que el material genético tenga en la variación de su expresión fenotípica. En el caso de la caña de azúcar algunos de los caracteres de mayor interés son poligénicos (Rosales-Longo F. , 2017), es decir, la proporción de su variación que se debe estrictamente al aspecto genotípico está ligada a más de un gene, por lo que los genotipos pueden expresarse fenotípicamente de manera distinta en las diversas localidades.

E. Análisis de componentes principales (ACP)

Un Análisis de Componentes Principales (ACP) es un método que trata de explicar la varianza y covariancias que existen en una serie de variables evaluadas (Jolliffe, 2002). Este análisis se basa en el cálculo de nuevas variables “hipotéticas” a las que se le llama Componentes Principales (CP’s) y a cada una de ellas se le asigna un “score” que será el resultado de modelar cada una de las CP’s con respecto a los valores fenotípicos observados (Rosales-Longo F. U., 2017). Cada una de estas nuevas variables (CP’s) tratarán de explicar la influencia de cada una de las variables originales dentro de ellas y a su vez, se ordenan las CP’s que explican en mayor medida el total de la varianza existente en el ensayo, de esta manera se tiene una perspectiva más detallada de las variables que serán de interés. El coeficiente de cada uno de los Componentes Principales será llamado “carga”, “*eigenvector*” o “*loading*” cuyo valor absoluto representa el grado en el que una variable original está ligada a un CP en particular.

F. Mejor Predictor Lineal Insesgado (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP)

El Mejor Predictor Lineal insesgado del valor genético (BLUP, en inglés), evidencia la correlación existente entre el material genotípico y el fenotípico con alta calidad y fiabilidad eliminando el sesgo que los datos de otras variables causan. Para lograrlo se utiliza un modelo lineal mixto en el que se consideran los efectos de las variables no deseadas como efectos aleatorios, ejemplo de la ecuación en su forma matricial (Ecuación 2). El resultado del cálculo de BLUP suele diferir con los resultados de un análisis de mínimos cuadrados para la misma variable (Robinson, 1991). Por lo que el cálculo de BLUP se presenta como un mejor indicador para fines de selección del mejor material genético que ha expresado su potencial

V. METODOLOGÍA

A. Localización del estudio

El código que se asignó a este ensayo es:

1. NFELCG14 (Estado III No Flor Estrato Litoral Serie CG14 Plantía)



Figura 1. Ubicación del NFELCG14

El experimento NFELCG14 (Figura 1), se estableció en la zona agroecológica (ZAE) 12, la cual corresponde con suelos de texturas gruesas, moderadamente profundos y permeables, del grupo de los Mollisoles secos; el déficit hídrico en esta zona es de -900 mm (Villatoro & Meneses, 2013)

Las condiciones meteorológicas en los últimos dos años para esta zona se presentan en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Condiciones climáticas, valores promedio mensuales, en el área de experimentación durante el período 01/01/2014 al 31/03/2016, para la estación meteorológica San Antonio El Valle en el Estrato Litoral: (14° N; -91.2 O; 10 msnm)

Variable	Media	D.E.	Mín.	Máx.	Mediana	Suma
Temperatura °C	27.15	1.11	22.91	30.20	27.22	NA
Radiación watts m⁻² (miles)	21.33	3.53	0.0013	2.79	2.16	182.12
Humedad relativa %	86.46	3.83	55.91	100.00	86.24	NA
Precipitación mm	2.92	14.67	0.00	341.00	0.00	249

D.E., Desviación estándar, Min= Valor Mínimo; Max= Valor Máximo.

(Fuente: Red de Estaciones Meteorológicas de la Agroindustria Azucarera Guatemalteca, Administrada por el Instituto Privado de Investigación en Cambio Climático, (ICC (INSTITUTO PRIVADO DE INVESTIGACIÓN SOBRE CAMBIO CLIMÁTICO), 2011-2017) NA=No Aplica.)

B. Plan experimental

1. Diseño experimental

a. Diseño experimental

Diseño de Bloques Incompletos (Montgomery, 1991) parcialmente balanceados, con dos repeticiones. Este diseño es conocido en algunos ámbitos de investigación como Alfa-Látice. Debido a la dinámica de evaluación y selección, finalmente los datos fueron analizados para un Diseño de Bloques Incompletos, Parcialmente Balanceado (Montgomery, 1991). El modelo matemático para este diseño se presenta en la Ecuación 1.

Ecuación 1

$$y_{ijk} = \mu + \tau_i + \gamma_j + \gamma\delta_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde,

y_{ijk} = la variable de respuesta (TAH)

μ = el efecto de la media

τ_i = el efecto del i -ésimo genotipo en evaluación (el efecto genético)

γ_j = el efecto de la j -ésima repetición

$\gamma\delta_{jk}$ = el efecto de la interacción de la j -ésima repetición con el k -ésimo bloque incompleto

ε_{ijk} = el efecto de los residuos (error experimental)

Para un grupo de análisis todos los términos del modelo de la ecuación 1, excepto el término τ_i , se consideraron como aleatorios. En tanto que para el cálculo de BLUP todos los términos de la ecuación 1 se consideraron como efectos aleatorios, el mismo modelo lineal para un modelo lineal mixto se presenta en su notación matricial en la ecuación 2.

En su forma matricial, y utilizando como referencia la Ecuación 1, el modelo para el análisis de es como sigue:

Ecuación 2:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Z}_0\mathbf{b} + \mathbf{Z}_1\mathbf{c} + \mathbf{Z}_2\mathbf{g} + \boldsymbol{\varepsilon}$$

Donde,

\mathbf{y} = el vector $p \times 1$ de respuestas y para la variable en estudio

\mathbf{Z}_0 = la matriz incidente para los efectos aleatorios de los genotipos

\mathbf{Z}_1 = la matriz incidente para los efectos aleatorios de las repeticiones

\mathbf{Z}_2 = la matriz incidente para los efectos aleatorios de la interacción entre repeticiones y bloques incompletos

\mathbf{b} = el vector $i \times 1$ de los efectos aleatorios por el desempeño de los genotipos τ_i

\mathbf{c} = vector $j \times 1$ del efecto aleatorio de las repeticiones γ_j

g = vector $j \times k$ de los efectos aleatorios producto de la interacción $\gamma\delta_{jk}$

ϵ = vector $p \times 1$ de los efectos aleatorios de los residuos.

b. Unidad experimental

Cada unidad experimental ocupó un área de 30 m². Cuatro surcos de cinco m de largo separados entre sí por 1.50 m. El área total del experimento fue de 2.89 hectáreas (Figura 1).

2. Material genético

El material genético que se utilizó fue material CG del Programa de Variedades de CENGICAÑA, este se evaluó en el Estado III para su selección y posterior evaluación en las pruebas regionales (Estado IV). La investigación se realizó con material que, predominantemente no florece, ubicado en el estrato litoral. Estos fueron 140 genotipos de caña de azúcar de la serie CG14 y dos cultivares testigos, CP72-2086 y CG98-78. En el Anexo 1 se presenta un listado de los cultivares incluidos para el estudio.

3. Variables de respuesta

- 1) Población (pop), escala de 0 a 9. 1= muy mala; 3= malo; 5= regular; 7= buena; 9= muy buena. (pop)
- 2) Altura (alt), escala, ibídem
- 3) Diámetro (diam), escala, ibídem.
- 4) Aspecto de la planta (Impresión_general), escala, ibídem.
- 5) Altura promedio de corte de la planta, (m).
- 6) Diámetro promedio del tallo de las plantas en el tercio medio del tallo (mm)
- 7) Población de tallos molederos en el área experimental. (pop_1)
- 8) Población de tallos por metro lineal (pop_2) (frecuencia).
- 9) Peso de 5 tallos. (peso5tallos)
- 10) Peso promedio del tallo de las plantas (peso_tallo) (kg).
- 11) Peso de la unidad experimental expresada en Kilogramos (Kg)
- 12) POL% caña. (método de estimación de la concentración aparente de sacarosa en el jugo de la caña de azúcar mediante el procedimiento de polarización %)
- 13) Brix pre-cosecha, muestra de tres tallos antes del corte de diez a doce meses. (brixprom) (método de estimación de la concentración de sólidos solubles en el jugo de la caña de azúcar %)
- 14) Brix medido en el laboratorio (brix_jugo) (%).
- 15) Pureza del jugo. Expresada en porcentaje (pureza) (%). Medida en el laboratorio
- 16) Porcentaje de jugo. (jugo)
- 17) Presencia de flores. Expresada en porcentaje (%). (flor_%) (No. De tallos florecidos/total de tallos de la unidad experimental)
- 18) Presencia de corcho. (corcho) expresado en porcentaje (%)
- 19) Fibra. Expresada en porcentaje (fibra) (%).
- 20) Sugar (pap5t).

- 21) TCH estimado. (Toneladas de caña por Hectárea)
- 22) TAH estimado. (Toneladas de azúcar por Hectárea)

Las variables de los numerales 1 al 4 sirvieron para valorar la expresión general del material genético y fue una guía inicial para la pre-selección de genotipos.

C. Manejo del experimento

1. Etapa 1. Evaluación y selección preliminar

Los genotipos fueron, inicialmente sujetos a la evaluación de su aspecto general, las plantas que lograron una valoración aceptable (mayor o igual a 5 en la escala) y con los mejores valores de concentración de sólidos solubles (Brix) fueron sometidas a la evaluación sobre su reacción a las principales enfermedades, aquellas plantas que hayan presentado mejores resultados se sometieron a una evaluación más detallada. Este procedimiento se sigue a fin de ahorrar tiempo y recursos. No es considerado válido realizar análisis caros de jugos a genotipos que no merecen ser analizados, ya que su desempeño fenotípico fue deficiente o su reacción a las principales enfermedades fue deficiente. En este sentido es que se justifica el empleo de un modelo lineal mixto para el análisis de los resultados según el modelo arriba planteado.

2. Etapa 2. Trabajo de campo y medición de variables

Luego de la selección preliminar, se evaluaron las variables establecidas como variables de respuesta (véase el numeral 3 del plan experimental).

D. Análisis de la información y software

Se realizaron análisis de frecuencias y de correlaciones, pruebas de “F” para modelos lineales convencionales y para modelos lineales mixtos, para las variables de desempeño fenotípico-agronómico y separación de medias. con el uso de modelos lineales mixtos se consideró al factor variedades como efecto fijo y a los factores repeticiones y bloques incompletos como efectos aleatorios (Bates, Maechler, Bolker, & Walker, 2015). Los análisis fueron realizados con el programa (software) de análisis estadístico “R” (R Core Team, 2017).

Se realizaron análisis de estadística descriptiva simple con la ayuda del paquete *pastecs* para R (Grosjean & Ibanez, 2018).

Los análisis de correlación lineal entre las variables de respuesta se realizaron por el método de Pearson con la ayuda del paquete *Hmisc* (Harrel Jr. & Dupont, 2018)

Análisis unidimensionales con estadística descriptiva (Montgomery, 1991)

Se realizaron análisis multidimensionales de componentes principales (ACP) con la intención de exponer la varianza en el total del ensayo y buscar el ordenamiento y categorización de las variables de respuesta. Las variables que se ocuparon para la realización de este análisis fueron 13: *brixprom*, *peso5tallos*, *oque2*, *oque3*, *pol*, *brixjugo*, *pureza*, *jugo*, *pop2*, *alt1*, *diam1*, *corcho* y *fibra*.

El cálculo de BLUP se realizó, como ya se indicó, considerando todos los elementos del modelo lineal del diseño experimental, como efectos aleatorios (Robinson, 1991). Para este efecto, el modelo lineal que se utilizó es el que se presentó en la Ecuación 2.

El cálculo de BLUP para TAH en un modelo lineal mixto, considerando todos los componentes aleatorios no detectó varianza para el componente “variedades” del modelo. Los datos de los resultados se presentan en el Anexo 2.

Debido a esta situación, se sustituyó la variable TAH por una nueva denominada “Sugar” (**pap5t**) que es la proporción de azúcar de la masa medida en 5 tallos molederos. Esta variable es el producto del contenido aparente de sacarosa (Pol%caña, -pol-) multiplicado por la masa de 5 tallos (peso5tallos). De esta manera se obtuvo una estimación directa de sacarosa presente en las muestras analizadas.

El ajuste del modelo lineal mixto se realizó mediante la aplicación de la función `lmer` del paquete de análisis estadístico de R `lme4` (Bates *et al.*, 2015). Los valores de BLUP fueron extraídos mediante la función `ranef` del mencionado paquete.

En un modelo similar, pero considerando el término genotipos y el resto de los términos del modelo como efectos fijos, fue analizado y la comparación de promedios se realizó mediante la aplicación de una Diferencia Mínima Significativa sin ningún tipo de ajuste (LSD en inglés) con la aplicación del paquete para R, `agricolae` (de Mendiburu, 2019)

El ejercicio de selección se realizó mediante el uso de todos los resultados de los análisis de la información considerando el siguiente orden de prioridad:

1. El valor más alto de BLUP.
2. El valor más alto de Sugar (pap5t) (k).
3. El valor de ubicación de cada genotipo según la prueba de LSD.

Adicionalmente se realizó el ejercicio de correlacionar los valores medios de la variable Sugar y los valores correspondientes de BLUP, para evidenciar los valores fuera de la media (“outlayers”), aunque el origen de los datos son los mismos. En este sentido, los valores de BLUP deberían tener más influencia en la decisión del mejorador puesto que es el reflejo únicamente del aporte genético a la variable de respuesta utilizada (Sugar). Se considera que los valores de BLUP señalan el valor genético de los genotipos en evaluación.

VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro 4 se presentan los valores obtenidos para cada variable en las dos repeticiones para los genotipos preseleccionados.

Cuadro 4. Genotipos seleccionados en la etapa 1 con testigos y con datos de evaluación de etapa 2.

VARIEDAD	rep	block	pop	alt	diam	Impresión_general	brixprom	carbon	escald	mosaico	roya_marrA	roya_marrB	roya_narA	roya_narB	amarillamiento	peso5tallos	oque2	oque3	TAH	POL	TCH	brix_jugo	pureza	jugo	pop_1	pop_2	alt1	diam1	peso_tallo	flor_%	corcho	fibra	sugar
CG14-3722	1	2	6	6	4	6	21.87	0	0.00	0	0	0	0	0	5	9.05	11.11	5.56	22.20	15.33	144.80	20.54	90.80	75.93	240	12.00	2.32	28.33	1.81	0	0.00	10.92	1.576
CG14-3722	2	1	6	6	4	6	21.40	0	0.50	0	0	0	0	0	1	9.00	32.06	0.00	22.64	15.72	144.00	20.04	95.41	74.57	240	12.00	2.57	25.33	1.80	0	0.00	12.18	1.336
CG14-4216	1	4	6	5	4	6	22.57	0	0.00	0	0	0	0	0	5	6.20	0.00	0.00	18.56	17.07	108.71	21.78	95.36	73.23	263	13.15	2.35	20.33	1.24	0	0.00	11.37	1.357
CG14-4216	2	4	6	5	3	7	22.74	0	0.00	0	0	0	1	5	0	6.25	0.00	0.00	21.80	17.10	127.50	22.52	92.36	69.93	306	15.30	2.63	24.33	1.25	0	0.00	14.12	1.701
CG14-4315	1	1	7	7	5	6	20.57	0	0.00	0	0	0	0	0	0	12.25	22.76	2.44	29.55	13.81	213.97	18.66	90.03	73.68	262	13.10	2.75	31.00	2.45	0	0.00	12.2	1.335
CG14-4315	2	2	6	6	4	4	20.57	0	0.00	0	0	0	0	0	0	7.45	0.00	0.00	8.42	15.27	55.13	20.40	91.08	71.12	111	5.55	3.02	26.00	1.49	0	0.00	12.49	1.441
CG14-4878	1	4	7	6	4	7	20.97	0	1.00	0	0	0	0	0	2	9.85	33.64	3.74	28.09	14.60	192.40	19.82	89.61	70.65	293	14.65	2.43	29.33	1.97	0	0.00	12.22	1.510
CG14-4878	2	3	7	7	4	4	20.53	0	0.00	0	0	0	0	0	0	8.30	0.00	0.00	16.36	14.89	109.87	19.88	91.15	73.48	206	10.30	2.47	27.67	1.60	0	0.00	12.58	1.692
CG14-4903	1	4	6	6	4	7	22.27	0	0.00	0	1	5	3	5	0	10.25	0.00	0.00	26.52	15.84	167.42	20.64	93.36	74.60	245	12.25	2.63	26.67	2.05	0	0.00	11.51	1.228
CG14-4903	2	2	7	7	4	7	22.07	0	1.00	0	0	0	0	0	0	9.25	3.42	0.00	27.10	15.31	176.98	19.92	93.47	74.14	287	14.35	2.67	22.67	1.85	0	0.00	13.05	1.387
CG14-4960	1	3	6	6	4	4	21.77	0	0.00	0	0	0	0	0	0	8.35	0.00	0.00	13.53	16.42	82.39	21.84	91.48	65.05	148	7.40	2.50	32.33	1.67	0	15.24	14.65	1.594
CG14-4960	2	2	6	6	4	5	21.93	0	0.50	0	0	0	0	0	0	7.70	0.00	0.00	23.31	15.77	147.84	21.26	90.22	68.17	288	14.40	2.95	30.67	1.54	0	7.03	13.72	1.162
CG14-5344	1	2	6	5	3	6	24.53	0	1.00	0	0	0	0	0	1	7.15	0.00	0.00	26.45	17.18	153.96	22.28	93.81	69.38	323	16.15	2.30	20.67	1.43	0	0.00	13.42	1.449
CG14-5344	2	1	7	7	4	4	23.47	0	0.00	0	0	0	0	0	0	5.10	0.00	0.00	11.61	17.51	66.30	22.76	93.59	69.10	195	9.75	2.60	24.33	1.02	0	15.38	14.73	1.715
CG14-5634	1	1	6	6	4	7	25.33	0	0.00	0	0	0	0	0	0	8.50	4.59	0.00	27.88	17.76	156.97	22.64	95.45	73.75	277	13.85	2.58	26.00	1.70	0	0.00	11.89	1.196
CG14-5634	2	1	7	6	3	5	22.17	0	0.00	0	0	0	0	0	0	9.00	4.96	0.00	25.05	16.77	149.40	21.74	93.84	71.17	249	12.45	2.65	25.00	1.80	0	0.00	11.98	1.371
CG14-5662	1	4	5	6	4	4	22.70	0	0.00	0	0	0	0	0	0	6.10	6.00	0.00	8.97	16.10	55.71	20.94	93.55	67.47	137	6.85	3.22	27.00	1.22	0	26.67	14.77	1.280
CG14-5662	2	1	7	7	4	5	22.70	0	0.00	0	0	0	0	0	0	10.55	4.42	7.96	32.27	15.45	208.89	20.64	91.09	66.75	297	14.85	2.57	23.00	2.11	0	0.00	14.8	0.890
CG14-5779	1	1	7	8	4	7	21.00	0	0.00	0	0	0	0	0	4	10.10	28.03	0.00	30.88	15.60	197.96	20.80	91.25	72.48	294	14.70	2.82	24.33	2.02	0	0.00	13.85	1.058
CG14-5779	2	1	5	5	4	3	21.00	0	0.00	0	0	0	0	0	0	7.20	6.00	12.00	9.34	16.35	57.12	21.44	92.77	71.56	119	5.95	2.45	25.00	1.44	0	0.00	13.01	1.831
CG14-5843	1	2	6	6	4	6	22.23	0	2.00	0	0	0	0	0	0	7.45	3.17	2.38	24.25	16.06	150.99	21.38	91.39	72.76	304	15.20	2.85	27.33	1.49	0	0.00	12.52	1.624
CG14-5843	2	3	6	6	4	4	22.23	0	0.00	0	0	0	0	0	0	6.00	0.00	0.00	12.32	17.21	71.60	21.98	95.27	68.26	179	8.95	2.43	23.67	1.20	0	0.00	14.07	1.438
CG14-6362	1	4	7	6	4	6	21.60	0	0.00	0	0	0	0	0	3	9.50	27.27	6.82	26.52	17.09	155.17	22.02	94.41	74.46	245	12.25	2.70	29.00	1.90	0	0.00	12.03	1.624
CG14-6362	2	3	6	6	4	7	22.77	0	0.00	0	0	0	0	0	1	9.15	30.23	14.73	24.98	15.87	157.38	20.52	94.10	73.57	258	12.90	2.68	29.67	1.83	0	0.00	11.58	1.782
CG14-6454	1	1	4	5	4	4	23.77	0	0.00	0	0	0	0	0	0	8.65	4.00	1.00	8.45	16.66	50.75	21.72	93.32	73.02	88	4.40	2.43	27.33	1.73	0	0.00	12.26	0.982
CG14-6454	2	1	7	7	4	7	21.67	0	0.00	0	0	0	0	0	0	10.15	0.00	0.00	28.36	15.64	181.35	20.70	91.93	72.46	268	13.40	2.55	29.00	2.03	0	0.00	12.65	1.764
CG14-6542	1	3	5	5	5	4	23.47	0	0.00	0	0	0	0	0	0	5.50	18.00	2.00	7.48	16.19	46.20	21.22	92.84	61.13	126	6.30	2.50	25.33	1.10	0	0.00	14.56	1.177
CG14-6542	2	2	6	6	4	6	23.47	0	2.00	0	0	0	0	0	0	7.10	14.63	0.00	23.35	17.01	137.27	21.98	94.13	64.83	290	14.50	2.97	26.33	1.42	0	0.00	13.2	1.101
CG14-6920	1	2	7	6	4	5	21.17	0	0.00	0	0	0	0	0	0	11.20	13.28	2.34	32.81	15.31	214.29	20.10	92.64	73.60	287	14.35	3.07	27.33	2.24	0	0.00	12.22	1.767
CG14-6920	2	1	7	6	4	7	23.00	0	0.00	0	0	0	0	0	0	8.90	38.73	0.00	29.03	16.93	171.47	21.80	94.50	74.53	289	14.45	2.48	29.33	1.78	0	0.00	12.08	1.509
CG14-6969	1	2	4	5	5	4	23.83	0	0.00	0	0	0	0	0	0	9.50	0.00	0.00	21.25	16.78	126.67	22.16	92.10	70.44	200	10.00	2.87	31.00	1.90	0	0.00	12.48	1.587
CG14-6969	2	2	6	7	4	6	23.83	0	0.00	0	0	0	0	0	4	9.05	2.94	2.21	31.43	16.03	196.08	20.80	93.75	64.20	325	16.25	3.00	24.67	1.81	0	0.00	13.78	1.507
CG14-7191	1	1	6	8	4	6	20.50	0	0.00	0	0	0	1	5	1	8.55	19.82	3.60	24.05	15.63	153.90	20.26	93.88	71.42	270	13.50	2.90	27.33	1.71	0	0.00	13.18	0.893
CG14-7191	2	1	5	6	3	6	21.47	0	0.00	0	0	0	0	0	0	7.05	13.49	0.00	16.52	15.62	105.75	19.94	95.29	73.75	225	11.25	2.75	25.33	1.41	0	2.38	13.18	1.415
CG14-7308	1	2	4	4	4	3	23.20	0	0.00	0	0	0	0	0	0	6.95	7.00	0.00	11.39	16.72	68.11	21.94	92.71	71.01	147	7.35	2.67	21.67	1.39	0	0.00	12.89	1.630
CG14-7308	2	3	6	7	4	6	23.20	0	0.00	0	0	0	0	0	0	8.05	5.51	0.00	27.12	16.46	164.76	21.22	94.34	68.28	307	15.35	2.43	28.00	1.61	0	0.00	15.93	1.138
CG14-7407	1	2	6	6	4	6	21.83	0	0.00	0	0	0	0	0	0	9.00	0.00	0.00	25.99	16.10	161.40	21.22	93.55	73.38	269	13.45	2.67	24.67	1.80	0	4.84	14.65	1.208
CG14-7407	2	2	6	7	4	6	21.00	0	0.00	0	0	0	0	0	2	9.20	0.00	0.00	28.03	16.44	170.51	21.58	92.68	71.56	278	13.90	2.80	27.00	1.84	0	0.00	13.13	1.214
CG14-7531	1	3	6	6	4	4	21.33	0	0.00	0	0	0	0	0	0	7.50	4.00	0.00	14.42	17.06	84.50	21.82	95.10	75.12	169	8.45	2.78	24.67	1.50	0	2.67	12.48	1.512
CG14-7531	2	3	6	8	4	7	21.33	0	0.00	0	0	0	0	0	0	11.35	5.47	0.00	20.08	11.01	182.36	15.72	85.18	75.42	241	12.05	2.65	25.67	2.27	0	0.00	11.94	1.451
CG14-7876	1	4	6	6	4	4	22.47	0	0.00	0	0	0	0	0	0	10.20	9.00	6.00	14.85	17.47	85.00	22.98	92.47	74.99	125	6.25	2.98	28.33	2.04	0	7.23	11.37	1.041
CG14-7876	2	1	5	7	4	5	22.47	0	0.00	0	0	0	0	0	0	10.90	32.58	8.33	28.69	16.18	177.31	21.46	91.71	76.92	244	1							

A. Caracterización por estadística descriptiva.

Los genotipos presentados en el Cuadro 4, fueron sometidos a un análisis de estadística descriptiva simple cuyos resultados se presentan en los cuadros 5 y 6.

Cuadro 5. Resultados de análisis de estadística simple para las variables.

	Población	Altura	Diámetro	Impresión General	Brix Promedio	Carbón	Escaldadura	Mosaico	Roya marrón A	Roya Marrón B	Roya Naranja A	Roya Naranja B	Amarillam.	Peso de 5 tallos	Oquedad 2
Mínimo	4	4	3	3	20.5	0	0	0	0	0	0	0	0	5.1	0
Máximo	7	8	5	7	25.67	0	2	3	3	5	6	5	5	12.25	38.73
Rango	3	4	2	4	5.17	0	2	3	3	5	6	5	5	7.15	38.73
Media	6.04	6.16	3.98	5.58	22.345	0	1.74	2.94	2.92	4.8	5.68	4.4	4.14	8.576	29.192
Mediana	6	6	4	6	22.23	0	2	3	3	5	6	5	5	8.675	34.225
Error estándar media	0.1177	0.1224	0.0534	0.1716	0.1763	0	0.0848	0.06	0.0629	0.14	0.155	0.2321	0.2119	0.2321	1.6158
Varianza	0.6922	0.7494	0.1424	1.4731	1.5538	0	0.3596	0.18	0.1976	0.9796	1.2016	2.6939	2.2453	2.6946	130.54
Desviación Estándar	0.832	0.8657	0.3774	1.2137	1.2465	0	0.5997	0.4243	0.4445	0.9897	1.0962	1.6413	1.4984	1.6415	11.425
coef.var	0.1378	0.1405	0.0948	0.2175	0.0558	NA	0.3446	0.1443	0.1522	0.2062	0.193	0.373	0.3619	0.1914	0.3914

Cuadro 6. Resultados de análisis de estadística simple para las variables.

	Oquedad 3	TAH	Pol	TCH	Brix Jugo	Pureza	Jugo	Población 2	Altura 1	Diámetro 1	Peso Tallo	Corcho	Fibra	PAP5T
Mínimo	0	13.06	11.01	80.67	15.72	85.18	61.13	9	2.3	20.33	1.02	0	10.92	0.8905
Máximo	14.73	37.18	18.04	225.23	23.58	95.45	76.92	16.4	3.22	32.33	2.45	26.67	15.93	1.8308
Rango	14.73	24.12	7.03	144.56	7.86	10.27	15.79	7.4	0.92	12	1.43	26.67	5.01	0.9403
Media	12.718	23.762	16.139	148.18	21.136	92.863	71.474	12.944	2.6674	26.446	1.7152	24.884	12.974	1.3763
Mediana	14.73	24.295	16.19	151.21	21.32	93.095	72.47	13	2.65	26.5	1.735	26.67	12.755	1.3792
Error estándar media	0.5217	0.7604	0.1587	5.0789	0.1768	0.2658	0.4655	0.2632	0.03	0.3893	0.0464	0.6981	0.1566	0.0342
Varianza	13.609	28.912	1.2598	1289.8	1.5624	3.5332	10.835	3.4649	0.0449	7.5796	0.1078	24.371	1.2268	0.0586
Desviación Estándar	3.6891	5.377	1.1224	35.913	1.2499	1.8797	3.2916	1.8614	0.2118	2.7531	0.3283	4.9367	1.1076	0.2421
coef.var	0.2901	0.2263	0.0695	0.2424	0.0591	0.0202	0.0461	0.1438	0.0794	0.1041	0.1914	0.1984	0.0854	0.1759

Los datos presentados en los cuadros anteriores muestran, en términos generales, los aspectos más importantes de los resultados de laboratorio y mediciones en campo, las casillas **Población**, **Altura**, **Diámetro** e **Impresión general** son el resultado de la apreciación en campo sujeta al Fitomejorador mediante el uso de una escala, por lo que aplican los indicadores para frecuencias únicamente. La población de los tallos, que es representada por **población 2 (pop1)**, presenta datos con gran rango de variabilidad (más del 40% entre su valor mínimo registrado y el máximo), esto es determinante en la selección; la media del porcentaje de °Brix medido en precosecha directamente en el campo (**Brix promedio**) fue de 22.345, esto indica que la distribución de azúcar podría estar mucho más equilibrada en el total del ensayo si se le compara con la cantidad de tallos. En general, aunque esta es una variable cuantitativa, su variación con respecto al ambiente es menor comparada con lo que ocurre con las variables relacionadas con la biomasa.

Con respecto al tema de las enfermedades es preciso anotar que no se realizaron análisis sobre este tema debido a que los materiales finalmente evaluados con detalle son preseleccionados considerando su

buena reacción a las enfermedades, por lo que es de esperarse poca variación entre genotipos con relación a este tema dentro del grupo final de genotipos que son analizados en su expresión fenotípica. Sin embargo, puede apuntarse que, como se aprecia en el Cuadro 5, la totalidad de genotipos seleccionados para su evaluación detallada no presentaron Carbón (*Sporisorium scitamineum*) lo cual se traduce en potenciales variedades con aparente resistencia a tal enfermedad, esto es deseable en el cultivo pues, de acuerdo con (Ovalle, 2018) esta enfermedad es de las más potencialmente dañinas, ya que en infecciones apicales pueden perderse macollas enteras. Con respecto a las royas, se presentaron valores relativamente bajos en las variedades analizadas y lo mismo puede notarse para las enfermedades producidas por virus (mosaico y Amarillamiento). Con respecto a la Escaldadura foliar, se aceptan algunos valores altos (≥ 2) ya que este problema puede ser resuelto, en buena medida, mediante la aplicación de tratamientos de termoterapia (Ovalle, 2018).

Con respecto a las variables relacionadas con la acumulación de biomasa, como el peso de los tallos (**peso de 5 tallos**) presenta valores altos de variación en sus datos, con una media de 8.576 Kg y un Coeficiente de Variabilidad (CV) de 20.14%, lo cual es razonable para una variable altamente poligénica. Una tendencia similar se presenta con los niveles de jugo (71.47% \pm 3.29%) y fibra o materia seca (12.97% \pm 1.10%). Todas estas variables están asociadas a la acumulación de biomasa, con 4% y 8% de CV RESPECTIVAMENTE.

Se aprecia en los cuadros 5 y 6 que para las variables relacionadas con el azúcar los niveles de variación son relativamente bajos si se compara con aquellos valores relacionados con la acumulación de biomasa. Así el Brix, medido tanto en el campo como en el laboratorio, pol%caña y pureza presentan valores del Coeficiente de Variabilidad (CV) entre el 5 y 6 % en tanto que las variables relacionadas con la acumulación de biomasa rondan entre el 10 y 20%. Por otro lado, las variables relacionadas con la calidad interna de los tallos (corcho, oquedad), que por otro lado también se relacionan con la biomasa, también presentan valores altos de variación (entre el 20 y 40%). De todo lo anterior se sigue que las variables con mayor variabilidad son las que se relacionan con la acumulación de biomasa, en tanto que las variables relacionadas con el contenido de sacarosa presentan valores menores, Esto es un indicativo de que las variaciones del ambiente serán menos importantes en su efecto, para las variables relacionadas con el azúcar. En el caso de la cantidad de jugo acumulado en los culmos, la variación es relativamente baja (CV=4.6 %), lo cual indica que la alta variabilidad del peso de un tallo es más atribuible a la materia seca (fibra, CV=8%, y corcho, CV= 19%). Este extremo ha sido ya estudiado anteriormente (Jackson, 2005) (Rosales-Longo F. U., 2017) con resultados similares. De lo anterior se sigue también que, los caracteres relacionados con el contenido de sacarosa serán más estables tanto temporal como espacialmente.

B. Análisis de correlación

Se realizó un análisis de correlación por el método de Pearson (Montgomery, 1991) tomando en cuenta variables cuantitativas, los resultados pueden apreciarse en el Cuadro 7.

Cuadro 7. Coeficientes de correlación y sus significancias ($\alpha = 0.05$).

	Brixprom	Peso5tallos	Oquedad 2	Oquedad 3	Pol	Brix jugo	Pureza	Jugo	Población 2	Altura 1	Diametro 1	Corcho	Fibra	SIGNIFICANCIAS
Brixprom	1	0.18650	0.05790	0.56400	0.00000	0.00000	0.02360	0.05690	0.43900	0.45080	0.72730	0.89370	0.19740	
Peso5tallos	-0.18990063	1	0.05600	0.02120	0.00170	0.00650	0.00250	0.00170	0.16440	0.19510	0.00530	0.05810	0.00310	
Oquedad 2	0.26998806	-0.2720485	1	0.02610	0.12360	0.09170	0.66410	0.06520	0.94650	0.80280	0.01530	0.19830	0.09080	
Oquedad 3	0.08354952	-0.3252023	0.31464518	1	0.88120	0.91670	0.43250	0.56930	0.93000	0.80540	0.11210	0.33760	0.19140	
Pol	0.56335046	-0.432598	0.22065096	0.02167789	1	0.00000	0.00000	0.13840	0.07640	0.67230	0.43900	0.49820	0.21460	
Brix jugo	0.55780417	-0.3798654	0.24109467	-0.01517777	0.97181525	1	0.00010	0.09370	0.06710	0.86550	0.89850	0.41020	0.15340	
Pureza	0.31968886	-0.4181967	0.06294254	0.11352394	0.6984728	0.51390337	1	0.72380	0.31610	0.35860	0.01640	0.94170	0.66540	
Jugo	-0.27101908	0.4317895	-0.26278566	-0.08243342	-0.21255015	-0.23965301	-0.05123011	1	0.49150	0.68940	0.60520	0.08080	0.00000	
Población 2	0.11192956	-0.199698	0.00973434	-0.01275103	0.25288487	0.26104364	0.14468781	-0.09955224	1	0.29830	0.44050	0.29380	0.53200	
Altura 1	-0.10908439	0.1863547	-0.03622254	-0.0357377	-0.06130967	-0.02456876	-0.13259657	-0.05794573	-0.15005753	1	0.06090	0.01400	0.74440	
Diametro 1	-0.05056353	0.3887172	-0.34133992	-0.22752027	-0.11193524	-0.01850076	-0.33778738	0.07490316	-0.11155623	0.26695984	1	0.28750	0.61380	
Corcho	-0.01938554	0.2698667	-0.18502367	-0.13844914	-0.09804034	-0.11906271	-0.01061025	0.24932762	0.15144743	-0.34554742	-0.15340568	1	0.01070	
Fibra	0.18539192	-0.4105259	0.24170892	0.18786373	0.17860234	0.20493023	0.06269304	-0.69702131	0.09048401	0.04727105	-0.07312582	-0.35782198	1	
COEFICIENTES DE CORRELACIÓN														

En el Cuadro 7, los valores por debajo de la diagonal presentan los coeficientes de correlación (r), que señalan la dependencia que tiene cada una de las variables con cada una del resto de ellas. Se reflejan los efectos de la dependencia antes mencionada, en el área sobre la misma diagonal se encuentran los valores que corresponden a la significancia que de cada comparación, resultante de un análisis de variación donde se probó la hipótesis de que el coeficiente (pendiente) de la variable regresora es igual a cero.

En esta comparativa de correlaciones se encontró que el peso de 5 tallos molederos tomados en campo (**Peso5tallos**) está relacionado moderadamente en sentido positivo con el porcentaje de jugo existente en los tallos (**Jugo**) ($r=0.43$; $\text{prob}>F=0.0017$). De la misma manera ocurre con el diámetro de las mismas cañas evaluadas (**Diam 1**) y el peso de 5 tallos molederos (**Peso5tallos**) ($r=0.389$; $\text{prob}>F=0.0053$) en términos generales el peso fue influenciado en cierta medida principalmente por el diámetro de las cañas y por la cantidad de jugo. Por otro lado, la fibra (materia seca) también puede mantener una influencia sobre el peso en el presente análisis, solamente que inversamente ($r=-0.41$; $\text{prob}>F=0.0031$). El jugo se postula una vez más, como la variable que más influye en el peso, seguida por el diámetro de la caña. El valor absoluto de correlación más alto que se encontró fue de 0.97, entre el $^{\circ}$ Brix en el jugo (**Brix jugo**) y el contenido aparente de sacarosa (**Pol**), esto es importante, pues con los hallazgos en el presente análisis se concluye que el jugo, y aún más, el azúcar en él es la variable que mejor se correlacionaron con las variables tanto para la acumulación de biomasa como para el contenido de sacarosa, respectivamente.

C. Análisis de varianza

Los resultados del análisis de varianza considerando a TAH como variable de respuesta se presentan en el Cuadro 8.

Cuadro 8. Análisis de varianza (ANOVA) para un modelo lineal convencional (todos los componentes del modelo son considerados fijos) realizados en agricolae (Mendiburu, 2017).

Tabla de análisis de varianza para un modelo lineal convencional (TAH)					
	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
rep	1.00	9.70	9.66	0.27	0.61
variedad	24.00	541.70	22.57	0.64	0.86
rep:block	1.00	54.80	54.81	1.56	0.23
Residuals	23.00	810.50	35.24		

rep= Repeticiones, variedad= Variedades evaluadas, rep:block= Bloques anidados en la repetición, Residuals= Error residual
Df= Degrees of freedom (grados de libertad), Sum Sq= Cuadro de sumas, Mean Sq= Cuadro de medias, F value= F calculada, Pr(>F) = F tabular

Si el análisis se realiza para un modelo lineal mixto el ajuste y eficiencia del análisis es mejorado, sin embargo no se encuentran diferencias para los tratamientos del factor “variedad”.

Cuadro 9. Análisis de varianza (ANOVA) para un modelo lineal mixto (rep y rep:block son considerados aleatorios y variedad se considera como fijo).

Tabla de análisis de varianza para un modelo lineal mixto (TAH)						
	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
variedad	465.56	21.16	22.00	22.00	0.68	0.81

variedad= Variedades evaluadas, Sum Sq= Cuadro de sumas, Mean Sq= Cuadro de medias, Num DF= grados de libertad, DenDF= Denominador grados de libertad, F value= F calculada, Pr(>F) = F tabular.

En el análisis de varianza (ANOVA) para un modelo lineal convencional representado en el Cuadro 8, todas las variables de la ecuación se consideraron como efectos fijos, a diferencia de éste, en el análisis de varianza (ANOVA) para un modelo lineal mixto representado en el Cuadro 9 se consideró únicamente a la variedad (genotipos) como efecto fijo y a los demás como efectos aleatorios. En este caso, debido a que el número de bloques incompletos es variable, para cada repetición, se decidió hacer un análisis para un modelo lineal mixto con el fin de ajustar de mejor manera las respuestas. Para ambos casos la variable en cuestión fue TAH, a pesar de que se observan diferencias aritméticas muy altas en ninguno de los dos casos se encontró diferencia estadística significativa entre las variedades. Con los resultados obtenidos se advierte que no es necesario realizar una comparación discreta de promedios pues para la variable TAH no existe diferencia significativa entre las variedades. Por otro lado, como se verá adelante, en un análisis de un modelo lineal mixto donde todos los componentes del modelo fueron considerados aleatorios, no se detectó varianza para el factor “variedades” cuando se utiliza la variable derivada TAH. Esto supone un problema porque tampoco es posible el cálculo del mejor estimador lineal insesgado (BLUP en inglés).

Se sabe que sí existen diferencias genéticas y ambientales pues en el Cuadro 6 se presentan datos que muestran rangos amplios para variables tanto de biomasa como de contenido de azúcar y la combinación de éstas (TAH). Es claro que las transformaciones de los datos hasta las dimensionales de Toneladas por hectárea

pueden distorsionar de manera importante la representatividad de la variabilidad. Este problema se resolvió utilizando una variable de cálculo mucho más directo: Sugar (**pap5t**). Esta variable no es más que la expresión de la cantidad de azúcar (en kilos) presente en la muestra originalmente medida de peso5tallos. Para esto se multiplica la biomasa medida (peso5tallos) por el contenido aparente de sacarosa en esta muestra (pol%caña -pol-). Esta variable presentó mejor consistencia y puede seguirse considerando como un buen estimador del potencial productivo de los genotipos en evaluación.

Al igual que para TAH, Para **pap5t** se realizaron análisis de varianza con un modelo lineal convencional considerando todos los efectos como fijos (Cuadro 10) y con un modelo lineal mixto considerando al elemento variedades como único efecto fijo y los demás aleatorios (Cuadro 11).

Cuadro 10. Análisis de varianza (ANOVA) modelo lineal convencional de pap5t (Sugar).

Tabla de análisis de varianza para un modelo lineal convencional (pap5t)					
	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
rep	1	0.106	0.10604	2.553	0.1237
variedad	24	1.7152	0.07147	1.721	0.0988
rep:block	1	0.0946	0.09456	2.277	0.1449
Residuals	23	0.9552	0.04153		

rep= Repeticiones, variedad= Variedades evaluadas, rep:block= Bloques anidados en la repetición, Residuals= Error residual
Df= Degrees of freedom (grados de libertad), Sum Sq= Cuadro de sumas, Mena Sq= Cuadro de medias, F value= F calculada, Pr(>F) = F tabular

Cuadro 11. Análisis de varianza (ANOVA) modelo lineal mixto de pap5t (Sugar).

Tabla de análisis de varianza para un modelo lineal mixto (pap5t)						
	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
variedad	1.7152	0.071467	24	24	1.6339	0.1181

variedad= Variedades evaluadas, Sum Sq= Cuadro de sumas, Mean Sq= Cuadro de medias, Num DF= grados de libertad, DenDF= Denominador grados de libertad, F value= F calculada, Pr(>F) = F tabular.

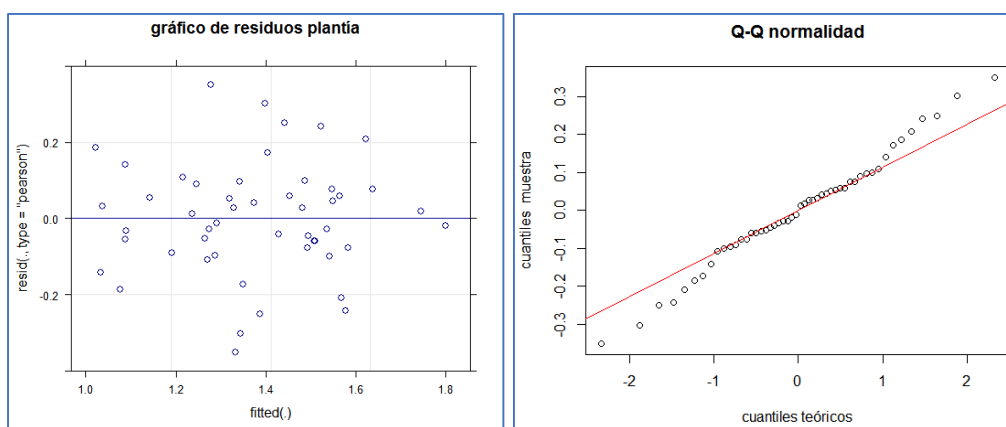


Figura 2. Dispersión de los valores de los residuos (desviaciones) y gráfico de QQ sobre normalidad de Sugar (**pap5t**) (FUENTE: Elaboración propia).

En la Figura 2 se aprecia la dispersión de los residuos y la alineación de los cuantiles teóricos y muestrales de dichos residuos. En ambas puede derivarse que la calidad de distribución de la variable pap5t es relativamente más apropiada, en términos de normalidad, para los análisis propuestos.

Con los resultados obtenidos, se sigue que la variable Sugar (**pap5t**) tiene una tendencia normal de distribución de los datos y una dispersión de valores más conveniente. Se observa que existe una diferencia estadística significativa ($\alpha=0.10$) para los datos de Sugar (**pap5t**) entre las variedades, (véanse los cuadros 10 y 11), se realizó el análisis siguiendo un ordenamiento de promedios con la ayuda de un análisis LSD (Least Significant Difference), sin ningún tipo de ajuste, el cual se presenta en el Cuadro 12.

Cuadro 12. Ordenamiento de promedios por LSD

Variedades	sugar	grupos
CG14-7876	1.77278	a
CG14-6920	1.610745	ab
CG14-7979	1.59529	ab
CG98-78	1.550765	ab
CG14-6362	1.537828	ab
CG14-6969	1.522407	abc
CG14-4903	1.519887	abc
CG14-6454	1.514275	abc
CG14-5634	1.50945	abc
CG14-7407	1.48074	abcd
CG14-4315	1.41467	abcde
CG14-3722	1.401083	abcde
CG14-5779	1.3764	abcde
CG14-8110	1.370865	abcde
CG14-4878	1.31465	bcde
CG14-5662	1.306037	bcde
CP72-2086	1.301877	bcde
CG14-4960	1.29268	bcde
CG14-7531	1.264568	bcde
CG14-7308	1.243535	bcde
CG14-7191	1.218787	bcde
CG14-5843	1.114535	cde
CG14-4216	1.063545	de
CG14-5344	1.06069	de
CG14-6542	1.04908	e

$$\text{LSD} = 0.4215773$$

Este ordenamiento de los genotipos puede ser suficiente para tomar decisiones para realizar un ejercicio de selección. sin embargo, es posible extraer aún más información del valor genético de los materiales mediante el empleo de algunas otras técnicas. Estas se presentan a continuación.

D. Análisis de componentes principales (ACP)

El ACP se realizó con el fin de contar con información que pudiera explicar la dinámica y las tendencias de las variables en estudio, así como su agrupamiento, ordenación y estabilidad. Esta información es de alto valor por cuanto permite establecer la importancia de cada una de ellas y eventualmente permitirá orientar los criterios de selección según lo que se obtenga de estos tipos de análisis. Según se indicó en la metodología, se emplearon 13 variables para realizar este estudio, por tanto, se generaron 13 Componentes Principales (CP).

Cuadro 13. Eigenvalues (raíces características) de cada componente principal (CP), proporciones de la variabilidad explicada por cada componente principal y valores acumulados.

Componentes Principales	Varianza	Desviación	Porcentaje de Varianza	Porcentaje Acumulado
CP1	3.789640890	1.94670	29.1500	29.150
CP2	1.976836000	1.40600	15.2100	44.360
CP3	1.649169640	1.28420	12.6900	57.040
CP4	1.153776740	1.07414	8.8750	65.918
CP5	0.952751688	0.97609	7.3290	73.247
CP6	0.811620810	0.90090	6.2430	79.490
CP7	0.726381198	0.85228	5.5880	85.078
CP8	0.610335938	0.78124	4.6950	89.772
CP9	0.439065264	0.66262	3.3770	93.150
CP10	0.374482803	0.61195	2.8810	96.031
CP11	0.288326042	0.53696	2.2180	98.248
CP12	0.226976016	0.47642	1.7460	99.994
CP13	0.000725764	0.02694	0.0060	100.000
TOTAL	13.000088792		100	

Una de las utilidades de un ACP como este, es la facilidad de poder explicar la variabilidad presente en el ensayo con menor dimensionalidad (pocos CP). Los ACP tienen dos efectos principales: maximizar la variabilidad y reducir la dimensionalidad (Jolliffe, 2002) para este efecto en el caso presente se observa que tomando en cuenta únicamente los primeros 3 CP's se explica una proporción razonable de la varianza (57.04%) y son los que explican un mayoritario porcentaje de varianza, 29.15 %, 15.21 % y 12.69 % para los CP'S 1, 2 y 3 respectivamente En la Figura 3 se representa la tendencia de la importancia de cada una de los CP's.

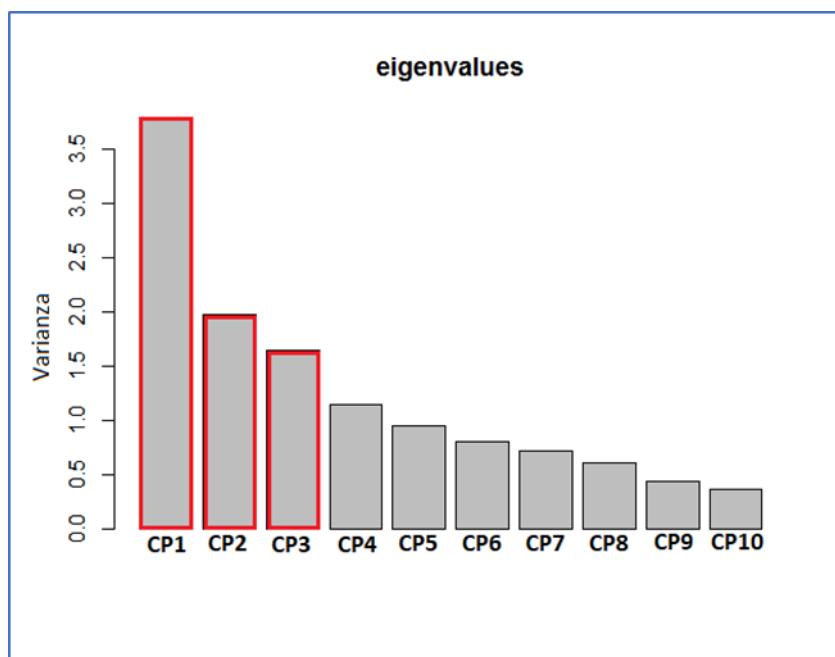


Figura 3. Importancia de los CP's en la varianza del ensayo

(Elaboración propia).

Por la influencia que poseen los primeros 3 CP's se hará uso de estos para fines de análisis en el presente trabajo.

Cada uno de los CP's está influenciado por cada una de las variables que se utilizaron para su efecto, aunque no en la misma proporción entre sí, lo cual representa una herramienta más para determinar de una forma diferente las variables que más influyen en la varianza total del ensayo, $S^2 = 13.000$ (Cuadro 14).

Cuadro 14. Cargas de las variables en los CP's.

Variables	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5
brixprom	0.3170041	-0.12921884	0.17489822	-0.02382215	0.54087305
peso5tallos	-0.36819049	-0.12761202	0.23303833	-0.03835603	0.36894052
oque2	0.23997718	0.19487486	-0.23820748	-0.25646258	0.5156835
oque3	0.140985	0.21130472	-0.37271831	-0.36538448	0.00248155
pol	0.43196097	-0.25875983	0.25704962	-0.11218993	-0.04059491
brixjugo	0.40977506	-0.21092231	0.31606059	-0.05210879	0.05956634
pureza	0.33084807	-0.29293289	-0.00944469	-0.23585936	-0.3689803
jugo	-0.27493599	-0.38807834	-0.03527937	-0.41841225	-0.10761325
pop2	0.15639009	-0.2018114	-0.05558364	0.50908882	-0.20158973
alt1	-0.07042054	0.29621357	0.41398745	-0.29472022	-0.17215389
diam1	-0.17839206	0.08623433	0.56539615	0.10366219	0.09342059
corcho	-0.1260983	-0.45469899	-0.24076412	0.27355353	0.27066419
fibra	0.26416058	0.4403119	0.00490353	0.34795584	-0.01478337

Las cargas o *Eigenvectors* proponen que los Componentes Principales 1, 2 y 3 que influyen en 57.04% del total de la varianza del ensayo entre genotipos están, a su vez, influenciados por distintas variables, el CP1 acumula el 29.15% del total de la varianza, tiene como las más influyentes variables a las que se presentan sombreadas en azul, entre estas: promedio de °Brix (**brixprom**), peso obtenido en campo (**peso5tallos**), porcentaje de sacarosa (**pol**), valor de °Brix (**brixjugo**), Pureza del jugo (**pureza**) y Porcentaje de jugo presente en el tallo (**jugo**), es decir, este componente principal es afectado principalmente por las variables relacionadas con el contenido de sacarosa. En este sentido, es importante señalar que esta tendencia indica que las variables que mejor explican las variaciones entre genotipos de caña de azúcar son aquellas relacionadas con el contenido de sacarosa, debido a que la mayor variabilidad entre materiales (29.15%) esta consistentemente asociada con estos caracteres. Estas variables, si bien son de variación cuantitativa, presentan niveles apropiados de consistencia y estabilidad lo que indica que los atributos primarios a ser considerados para la valoración de un genotipo de caña de azúcar deben ser aquellos relacionados con su contenido de sacarosa. Para el caso del CP2 que por sí solo representa el 15.21 % del total de la varianza comparte dos variables influyentes con CP1 que son: Porcentaje de jugo en el tallo (**jugo**) y pureza del jugo (**pureza**); adicionalmente cuenta con otras tres variables que influyen: altura de los tallos (**alt1**), corcho presente en los tallos (**corcho**) y fibra presente (**fibra**) que hacen referencia a la conformación de biomasa de los tallos. Sin embargo, las variables parecen un poco dispersas. La altura (alt1) no parece afectar a ningún componente, lo cual es contrario a lo encontrado en otros estudios (Rosales-Longo F. U., 2017). Si bien peso5tallos no parece importante en este componente, sí lo es la proporción de jugo presente en una muestra de 500 gr (jugo), la cual es de alta importancia para la variación en el peso general de un tallo de caña. El CP3 que representa el 12.69 % del total de la varianza presenta como variables más influyentes a: porcentaje °Brix (**brixjugo**) de la misma manera que para el CP1, altura de los tallos (**alt1**) que también se encuentra en el CP2 y adicionalmente cuenta con la influencia de: oquedad severa en los tallos (**oque3**) y diámetro de los tallos (**diam1**) lo que hace referencia la conformación interna de los tallos de una manera similar a la que sucede en el CP2. Lo anterior podría generalizarse de la siguiente manera: El CP1 está asociado a los caracteres relacionados con el contenido de azúcar; el CP2 está asociado de manera intermedia con los caracteres asociados a la acumulación de biomasa y el CP3 parece relacionarse con caracteres que intervienen en la calidad interna de los tallos. Las cargas de los CP's faltantes en el Cuadro 14 se encuentran en el Anexo 3 del trabajo al igual que el total de los *scores* para las 50 observaciones (25 parejas de genotipos) (Anexo 4).

Toda la discusión del párrafo precedente puede apreciarse de una mejor manera en las figuras 4(a), 4(b) y 4(c)

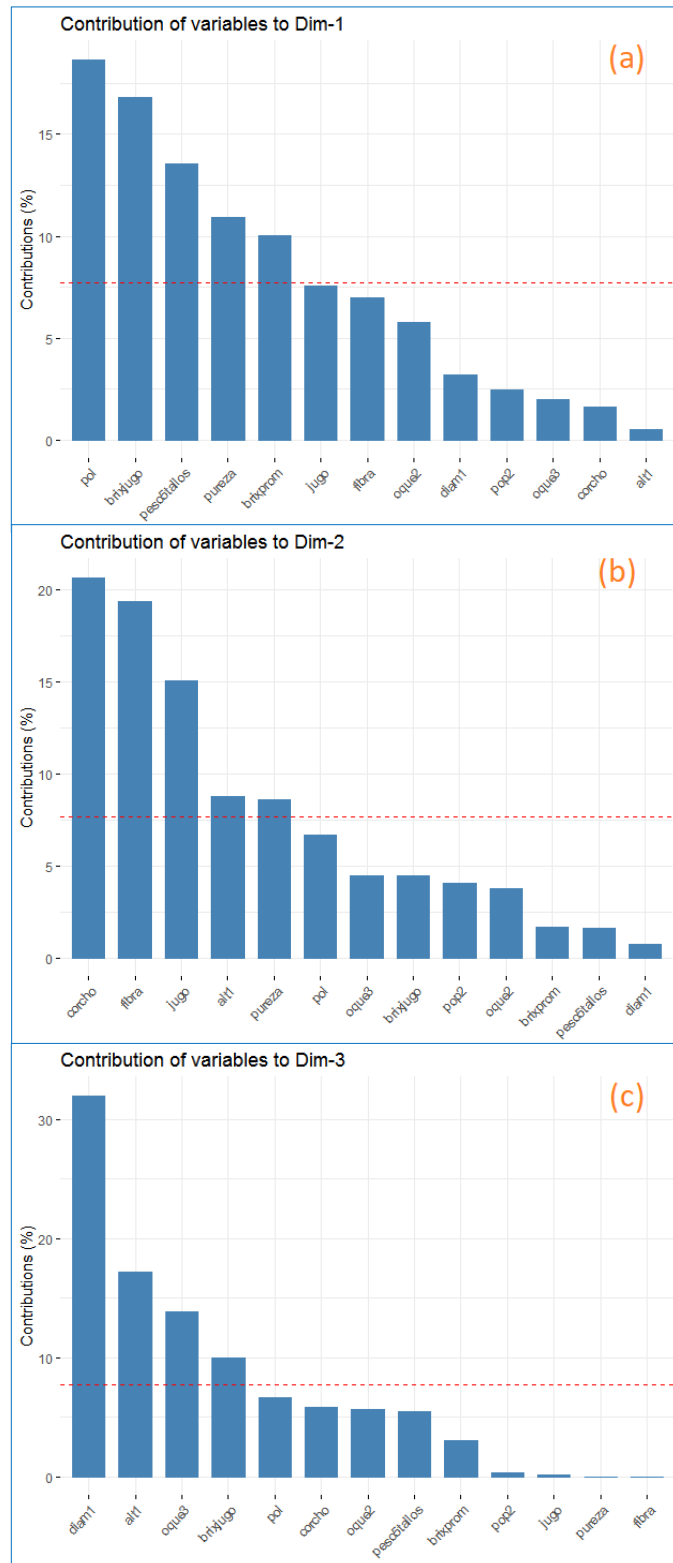


Figura 4. a) Importancia de las variables en el CP1. b) Importancia de las variables en el CP2. c) Importancia de las variables en el CP3. La media representada por una línea punteada (Elaboración propia).

En la Figura 5 Se observa la distribución en el espacio de dos coordenadas (CP1 y CP2) así como las tendencias de cada uno de los *Eigen*vectors en términos de su dirección, magnitud y sentido. Estos dos componentes en este espacio bidimensional explican el 44.4% del total de la variabilidad.

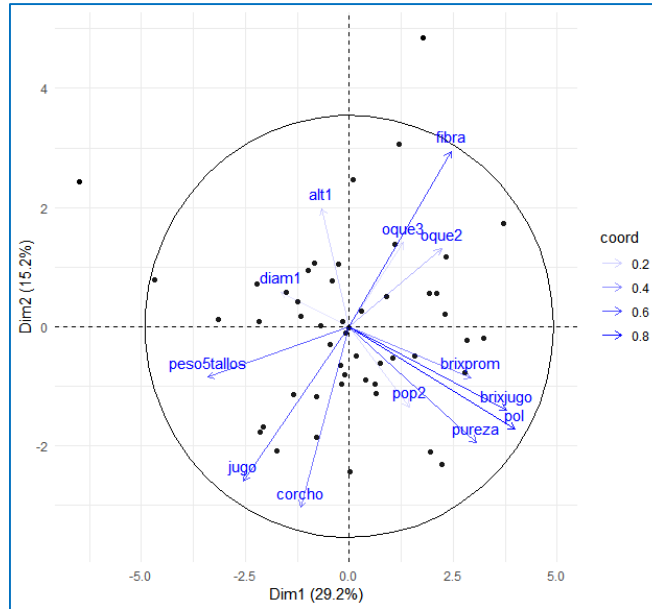


Figura 5. Biplot de la dispersión de los valores de los scores de cada observación (puntos negros) y los *Eigen*vectors según sus valores de asociación en un plano considerando los CP's 1 y 2 (Dim 1 y Dim 2)

(Elaboración propia).

La figura 6 representa la distribución de las cargas de las variables en los 3 CP's, exponiendo una variabilidad total de 57.04% con sus vectores correspondientes, aunque estos últimos no se aprecian en su totalidad por la amplitud de la distribución del gráfico principal.

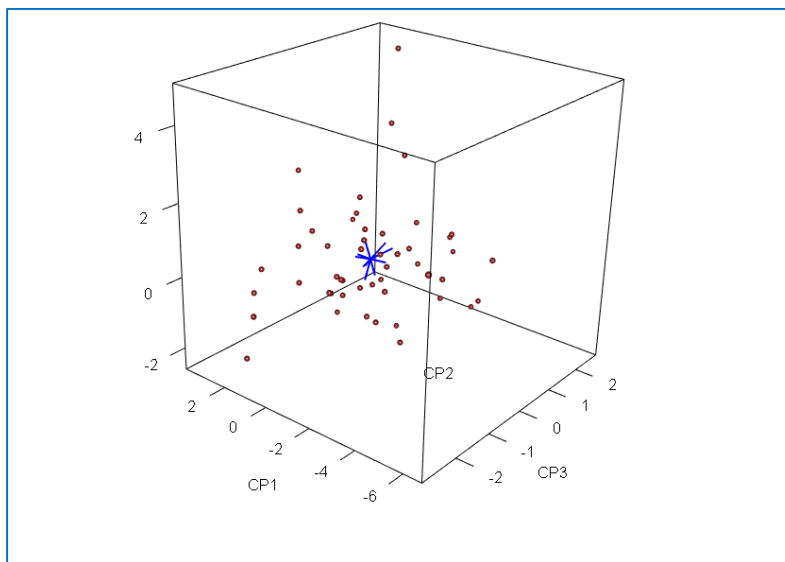


Figura 6. Dispersión de los valores (*triplot*) de los "scores" de los primeros tres CP's y los vectores correspondientes en azul (Elaboración propia).

Los “scores” de las observaciones (variedades) se observan más distribuidos en el CP2 y el CP1 en tanto que es menor en el CP3. En general, la influencia de las variables relacionadas con el contenido de sacarosa (como ya se apuntó antes), son más influyentes, esto se aprecia tanto en el biplot (Fig. 5) y el triplot (Fig. 6). En este sentido, se deriva que la mayor variabilidad de los genotipos puede explicarse de mejor manera desde las variables relacionadas con el contenido de la sacarosa, es decir, el CP1.

G. Mejor Predictor Linear Insesgado (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP)

El cálculo de BLUP para un modelo lineal mixto considerando a Sugar (**pap5t**) como la variable principal de respuesta arrojó los siguientes resultados:

Cuadro 15. Resultados de cálculo de BLUP del ensayo.

variedad	BLUP	Bloques (en 2 repeticiones)	BLUP2	Repeticiones	BLUP3
CG14-3722	0.006596928				
CG14-4216	-0.121212666	1:01	0.02627385	1	0.02158534
CG14-4315	0.015158761	1:02	0.00163136	2	-0.02158534
CG14-4878	-0.02137828	1:03	-0.01998132		
CG14-4903	0.058300938	1:04	0.01468054		
CG14-4960	-0.023261023	2:01	0.02280708		
CG14-5344	-0.125685962	2:02	-0.01872331		
CG14-5634	0.043922299	2:03	-0.01913457		
CG14-5662	-0.032874913	2:04	-0.00755362		
CG14-5779	-0.007783419				
CG14-5843	-0.096611134				
CG14-6362	0.06535267				
CG14-6454	0.045797384				
CG14-6542	-0.117928539				
CG14-6920	0.088075696				
CG14-6969	0.061815834				
CG14-7191	-0.069034584				
CG14-7308	-0.046479321				
CG14-7407	0.045623064				
CG14-7531	-0.034106154				
CG14-7876	0.14850995				
CG14-7979	0.087683672				
CG14-8110	-0.001864681				
CG98-78	0.059978081				
CP72-2086	-0.028594601				

Para el efecto de este trabajo, se toman los valores de BLUP y se comparan con los valores que ya se tenían con anterioridad para la variable Sugar (**pap5t**). Como se mencionó con anterioridad, Sugar (**pap5t**) indica el contenido estimado de azúcar (sacarosa) en la masa de una muestra de cinco tallos, en ese sentido, indica el valor de productividad de cada material según dicha muestra. Tanto el valor de contenido de azúcar como los valores de BLUP indican la variedad que posee un mejor comportamiento en su desempeño agronómico, sin embargo, el valor de Sugar (**pap5t**), sigue un patrón de efecto fijo, la ventaja de la utilización del BLUP para la estimación del mejor valor genético causante de la variable de respuesta es que su valor

resultante es insesgado y aproxima el valor genético de cada material a la media. Está aislado del efecto del resto de los factores (rep y rep:block) en este caso, el valor de BLUP representa o tiene su origen a partir del mismo valor de Sugar, sin embargo, no se encuentra afectado por el efecto bloques ni el efecto repeticiones, el valor genotípico aleatorio (breeding value). Esta es la herramienta final del presente trabajo y se ve representada en el Cuadro 16 donde se encuentra el orden de las variedades desde las del mayor valor del BLUP hasta el menor. (Cuadro 16 (a)). También se ordenan y en función de la media de Sugar (pap5t) (Cuadro 16(b)). Con esta herramienta se hace un ejercicio de selección.

Cuadro 16. a) Ordenamiento de las variedades en función del BLUP ordenado de mayor a menor. b) Ordenamiento de las variedades en función SUGAR ordenado de mayor a menor.

Cuadro 16 (a)		
variedad	BLUP	MEDIA SUGAR
CG14-7876	0.14850995	1.77278
CG14-6920	0.088075696	1.610745
CG14-7979	0.087683672	1.59529
CG14-6362	0.06535267	1.537828
CG14-6969	0.061815834	1.522407
CG98-78	0.059978081	1.550765
CG14-4903	0.058300938	1.519887
CG14-6454	0.045797384	1.514275
CG14-7407	0.045623064	1.48074
CG14-5634	0.043922299	1.50945
CG14-4315	0.015158761	1.41467
CG14-3722	0.006596928	1.401083
CG14-8110	-0.001864681	1.370865
CG14-5779	-0.007783419	1.3764
CG14-4878	-0.02137828	1.31465
CG14-4960	-0.023261023	1.29268
CP72-2086	-0.028594601	1.301877
CG14-5662	-0.032874913	1.306037
CG14-7531	-0.034106154	1.264568
CG14-7308	-0.046479321	1.243535
CG14-7191	-0.069034584	1.218787
CG14-5843	-0.096611134	1.114535
CG14-6542	-0.117928539	1.04908
CG14-4216	-0.121212666	1.063545
CG14-5344	-0.125685962	1.06069

Cuadro 16 (b)		
variedad	BLUP	MEDIA SUGAR
CG14-7876	0.14850995	1.77278
CG14-6920	0.0880757	1.610745
CG14-7979	0.08768367	1.59529
CG98-78	0.05997808	1.550765
CG14-6362	0.06535267	1.537828
CG14-6969	0.06181583	1.522407
CG14-4903	0.05830094	1.519887
CG14-6454	0.04579738	1.514275
CG14-5634	0.0439223	1.50945
CG14-7407	0.04562306	1.48074
CG14-4315	0.01515876	1.41467
CG14-3722	0.00659693	1.401083
CG14-5779	-0.00778342	1.3764
CG14-8110	-0.00186468	1.370865
CG14-4878	-0.02137828	1.31465
CG14-5662	-0.03287491	1.306037
CP72-2086	-0.0285946	1.301877
CG14-4960	-0.02326102	1.29268
CG14-7531	-0.03410615	1.264568
CG14-7308	-0.04647932	1.243535
CG14-7191	-0.06903458	1.218787
CG14-5843	-0.09661113	1.114535
CG14-4216	-0.12121267	1.063545
CG14-5344	-0.12568596	1.06069
CG14-6542	-0.11792854	1.04908

Se aprecia en los cuadros 16 (a) y 16 (b) que el ordenamiento jerárquico según el BLUP y la variable desde donde se originó este, es diferente. Esto es porque BLUP se calcula como un efecto aleatorio y entrega una corrección sobre el material según la expresión de este como una función de él mismo (valor genético) y las tendencias según las repeticiones y los bloques incompletos. Lo que hizo BLUP fue aproximar el valor genético (breeding value, u) de los genotipos a partir de pap5t (Sugar) ya que el error del cuadrado medio (CME) fue minimizado (Best), donde la predicción (\widehat{u}) (estimación de u) es una función lineal de pap5t (linear) y esta predicción es un estimador insesgado ($\widehat{u} - u = 0$) (unbiased). Las expectativas corresponden a valores de repeticiones hipotéticas de muestreo y la predicción de u (Thompson, 2008).

La Figura 7 es el ejercicio propuesto, en el que se presenta la correlación existente entre la media de la variable Sugar y el BLUP obtenida a través del modelo lineal mixto aplicado a la misma variable, los valores de BLUP corrigen el error de dispersión que aporta a la variable Sugar (outlayers), los efectos de bloques y repeticiones. Es decir, los valores que se alejan de la línea (media) según la variable de Sugar (pap5t) son aproximados a dicha línea por BLUP lo cual deriva en una mejor estimación del valor genético de los materiales en estudio, según se listan en el Cuadro 16.

Es posible ver que los valores genéticos varían según la variable original y BLUP (Cuadro 16), donde se aprecia que el orden que se sigue en cada uno de los elementos (variedades) es distinto. Esto es particularmente importante si se establece una presión de selección. En este sentido, se realizaron las selecciones con un 20% de presión de selección en el listado de arriba.

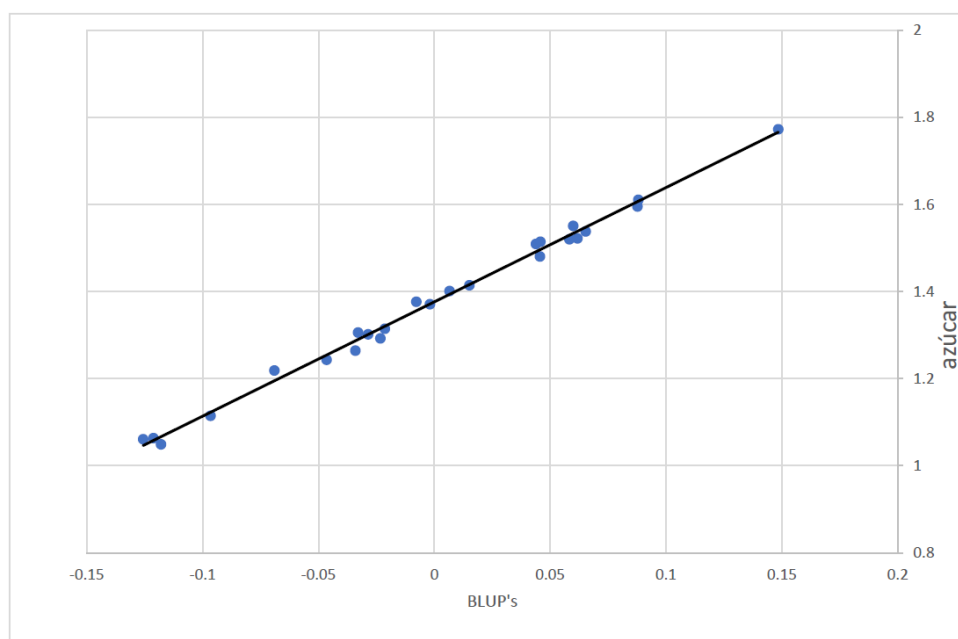


Figura 7. Correlación entre el valor medio de Sugar (**pap5t**) y BLUP
(Elaboración propia)

Si se aplica el 20% de presión de selección, se seleccionarán solamente las mejores cinco variedades. Para el caso de Sugar (pap5t) estas serían: CG14-7876, CG14-6920, CG14-7979, CG98-78 Y CG14-6362. Pero, según BLUP las variedades seleccionadas serían: CG14-7876, CG14-6920, CG14-7979, CG14-6362 y CG14-6969. BLUP logra extraer mejor el valor genético (breeding value) por lo que su uso puede evitar el error de no seleccionar una variedad de buen valor tal es el caso de la variedad CG14-6969, la cual pudo no haber sido seleccionada, siendo que su valor genético, según BLUP, es mejor que el de la variedad CG98-78. Esta comparación es válida también según los resultados del análisis de variación y la separación de medias que se presentan en el Cuadro 12.

VII. CONCLUSIONES

1. Los estudios de desempeño fenotípico realizados del material genético evaluado mediante las variables predispuestas dieron como resultado un listado de los genotipos que presentaron un desempeño superior (se listan en el Cuadro 4) y fueron sometidos a los análisis avanzados.
2. Mediante la clasificación y ordenamiento de un análisis de componentes principales (ACP) de las variables en estudio, se identificaron las variables de interés que responden a la variabilidad existente en el ensayo.
3. El cálculo de valor genético de los genotipos (variedades) fenotípicamente superiores para una variable de interés (azúcar en 5 tallos molederos “Sugar”), se logró determinar mediante el cálculo del Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP), el cual se representa en el Cuadro 15.
4. Se seleccionaron los genotipos que alcanzaron un mayor valor genético con base en su valor de BLUP que reflejan su valor genético para la variable Sugar, pueden apreciarse en el Cuadro 16 (a); asimismo se compararon con las que mejor valor medio de Sugar obtuvieron (Cuadro 16 (b)).
5. Según los datos de estadística descriptiva, se sigue que la variabilidad que registraron las distintas variables en estudio, se presenta mayor en las variables relacionadas con la acumulación de biomasa (peso5tallos, pop1 y diam1), lo anterior comparado con una menor variabilidad registrada en las variables relacionadas con el contenido de azúcar (Pol, brixjugo, brixprom, pureza).
6. La significación de la correlación entre el valor del diámetro de los tallos y el peso de los mismos es alta ($0.005 < \alpha$).
7. Se concluye que el peso total de la caña está grandemente influenciado por dos factores principalmente: 1) porcentaje de jugo en los tallos. 2) diámetro del tercio medio del tallo.
8. Las variables relacionadas con el contenido de azúcar presentaron niveles de correlación entre sí más altos que los que se registraron entre las variables relacionadas con la acumulación de la biomasa y la calidad interna de los tallos. No hay correlación entre las variables relacionadas con el contenido de azúcar y las relacionadas con la acumulación de biomasa.
9. Con la explicación de 57% de la variabilidad total, se encontró que las variables relacionadas con la acumulación de azúcar se agrupan preferentemente en el CP1 (29.51%). Las variables relacionadas con la acumulación de biomasa y calidad interna de los tallos se distribuyeron entre los CP's 1 y 2. Debido a que los componentes principales no son correlacionados entre sí, se sigue también que, no hay relación entre las variables relacionadas con la sacarosa y las variables relacionadas con la acumulación de biomasa.
10. El sistema BLUP extrajo de mejor manera los valores genéticos (breeding values) de los genotipos en evaluación y permitió realizar un ejercicio de selección donde se observó las diferencias que pueden darse en el momento de la selección.
11. Los resultados de la estimación con el sistema BLUP para cada genotipo, posee una correlación alta con los valores medios de la variable Sugar, aun así, los valores evaluados con el sistema BLUP son

más confiables y deberían ser atendidos pues están únicamente motivados por el valor genético que la masa final azúcar pueda manifestar y no lo altera el efecto bloques ni el efecto repeticiones.

12. El presente trabajo, a través de la evaluación de genotipos y análisis de la información obtenida, contribuye con el desarrollo del cultivo de caña de azúcar desde el punto de vista de la selección de la variedad genética a utilizar y provee información que puede ser utilizada para la selección de genotipos de caña en el futuro.

VIII. RECOMENDACIONES

1. Se recomienda seguir evaluando las ventajas de BLUP en ejercicios de selección, de tal manera que éstos permitan una mejor valoración de los genotipos que sean sujetos de evaluación.
2. La utilización de la variable Sugar brinda resultados más estables y consistentes, quizá porque se derivan de medidas directas en el ensayo, por lo que su utilización puede ser de utilidad. Se recomienda la evaluación de este alcance en los próximos estudios y trabajos de mejoramiento genético en el programa de variedades de CENGICAÑA.

IX. BIBLIOGRAFÍA

- Guatemala 2016. Superintendencia de Bancos, S. d. *Análisis Económico Sector Azucarero. Guatemala.*
- Amaya, Estévez, *et al.* 1995. Biología de la caña de Azúcar. CENICAÑA, *El cultivo de la caña en la zona azucarera de Colombia.* Cali 31-62 págs.
- Australia 2004. Australian Government. Department of Health and Ageing. Office of the Gene Technology Regulator. *The Biology and Ecology of Sugarcane (Saccharum spp. hybrids) in Australia.*
- Guatemala 2016. Banco de Guatemala. *Producto Interno Bruto Trimestral.* Guatemala.
- Bates, Douglas, *et al.* 2015. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. *Journal of Statistical Software*, 67(1), 1-48. doi:10.18637/jss.v067.i01
- Bos, Izak y Caligari, Peter. 2007. *Selections Methods in Plant Breeding.*
- de Mendiburu, Felipe. 2019. *agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research. R package version 1.3-0.* Obtenido de <https://CRAN.R-project.org/package=agricolae>
- Bates, Douglas, *et al.* 2015. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4.
- Grosjean, Philippe E Ibanez, Frederic. 2018. *pastecs: Package for Analysis of Space-Time Ecological Series. R package version 1.3.21.* Obtenido de <https://CRAN.R-project.org/package=pastecs>
- Harrel Jr., F. E., y Dupont, C. 2018. *Hmisc: Harrell Miscellaneous, R Package, Version 4.1-1.* Obtenido de <https://CRAN.R-project.org/package=Hmisc>
- ICC (INSTITUTO PRIVADO DE INVESTIGACIÓN SOBRE CAMBIO CLIMÁTICO). 2011-2017. *Base de Datos Agro-Meteorológicos.* Retrieved July 04, 2017, from <https://redmet.icc.org.gt/>
- ITIS. 13 del 10 de 2018. *Integrated Taxonomic Information System .* Obtenido de ITIS Report: <https://www.itis.gov>
- Jackson, Phillip. 2005. Breeding for improved sugar content in sugarcane. *Field Crops Research*, 92, 277-290.
- James, Glyn. 2004. An Introduction to Sugarcane. En G. L. James, *Sugarcane Second Edition.* Blackwell Science.
- Jolliffe, I. T. 2002. *Principal Component Analysis* (2 ed.). New York: Springer.
- Kassambara, Alboukadel y Mundt, Fabian. 2017. *factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses. R package version 1.0.5.* Obtenido de <https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>
- Luo, D., Ganesh, S., y Koolgaard, J. 2017. *predictmeans: Calculate Predict Means for Linear Models. R package version 0.99.* Recuperado el enero de 2018, de <http://CRAN.R-project.org/package=predictmeans>

- Melgar, Mario Francisco. 2012. Desarrollo Tecnológico de la Agroindustria Azucarera y Perspectivas. In M. F. Melgar, A. Meneses, H. Orozco, O. Pérez, & R. Espinosa (Eds.), *El cultivo de la caña de azúcar en Guatemala*. Guatemala: Artemis Edinter. 1-31 págs.
- Mendiburu, Felipe. 2017. agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research. R package version 1.2-8. Retrieved from <https://CRAN.R-project.org/package=agricolae>
- Montejo, Lucas Lizandro, y Rivera, Eduardo Tomás. 2002. *Manual de Producción de Caña de Azúcar*. Honduras.
- Montgomery, Douglas C. 1991. *Diseño y Análisis de Experimentos*. (N. Grepe, Ed., & J. Delgado-Saldivar, Trad.) México: Iberoamérica, S.A.
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura, F. 2017. *FAOSTAT*. Obtenido de <http://www.fao.org/faostat/es/#data/QC>
- Orozco, Héctor, y Buc, Rafael. 2016. CENSO DE VARIEDADES DE CAÑA DE AZÚCAR DE LA ZONA CAÑERA DE GUATEMALA PARA LA ZAFRA 2015-2016. *Memoria. Presentación de Resultados Zafra 2015-2016*. (A. Meneses, et al.) Santa Lucía Cotzumalguapa, Escuintla, Guatemala.
- Orozco, Héctor et al. 2012. Mejoramiento genético de la caña de azúcar. In Melgar, Mario Francisco, et al. (Eds.), *El cultivo de la caña de azúcar en Guatemala*. Guatemala: Artemis Edinter 45-79 págs.
- Ovalle, Werner. 2018. *Guía para la identificación de enfermedades de la caña de azúcar. CENGICANÑA*. 4- 8 págs.
- Perafán, Felipe. 2009. *Azúcar de caña*. Obtenido de <http://www.perafan.com>
- R Core Team. 2017. R: A Language and Environment for Statistical Computing. Vienna, Austria. Retrieved from R Foundation for Statistical Computing: <https://www.R-project.org/>
- R Core Team. 2017. R: A language an enviroment for statistical computing. Vienna, Australia.
- Rencher, A. C. 2002. *Methods of multivariate analysis*. Canadá: Jhon Wiley and Sons.
- Robinson, G. 1991. That BLUP is a Good Thing: The Estimation of Random Effects. *Statistical Science*, 6(1), 15-32 págs.
- Rosales-Longo, Fredy. 2011. ASPECTOS GENERALES DE LA CITOGENÉTICA DE LA CAÑA DE AZÚCAR. *Memoria. Presentación de Resultados Zafra 2010-2011*. (Meneses, Aidlai, et al Edits.) Santa Lucía Cotzumalguapa, Escuintla, Guatemala.
- Rosales-Longo, Fredy. 2017. Mejoramiento Genético de la Caña de Azúcar. En F. U. Rosales-Longo, *Índices fenotípicos de selección en caña de azúcar*. Lugo. 15-16 págs.
- Rosales-Longo, Fredy. 2017. *ÍNDICES FENOTÍPICOS DE SELECCIÓN EN CAÑA DE AZÚCAR*. Lugo, Galicia, España: Universidad de Santiago de Compostela. Retrieved from <http://hdl.handle.net/10347/16500>
- Thompson, Robin. 2008. Estimation of quantitative genetic parameters. *Proc. R. Soc. B*, 275, 679-686. doi:10.1098/rspb.2007.1417

Villatoro, Braulio y Meneses, Aidlai. 2013. Manejo Agronómico por Ambiente (MAPA), Enfoque Para Aumentar la Productividad de la Agroindustria Azucarera de Guatemala. In Melgar, Mario, *et al* (Eds.), *Memoria. Presentación de Resultados de Investigación. Zafra 2012-2013*. 336-348 págs.

Wei, Taiyun y Simko, Viliam. 2017. *Corrplot: Visualization of a correlation Matriz (Version 0.84)*. Obtenido de <https://github.com/taiyun/corrplot>

X. Anexo

Anexo 1. Listado de los cultivares en evaluación dentro del experimento

Genotipo	Progenitor femenino	Progenitor(es) masculino(s)
CG14-5779	CP89-2143	PR87-2015
CG14-7906	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-4664	Mex50-471	Co270
CG14-7191	CC85-63	NCo376/LM2002/M13/432
CGMex14-139	RB721012	CC82-27
CG14-4705	PR78-3025	CP57-603
CG14-7154	L80-2	SP79-2233/L82-54
CG14-7141	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-7881	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-5750	CP72-1210	Q96
CP72-2086	CP62-374	CP63-588
CG14-5987	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-6034	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-8073	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-5908	SP71-6180	SP74-8355/CC85-92
CG14-8110	L80-2	SP79-2233/L82-54
CG14-5070	PR78-3025	CP57-603
CG14-8077	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG98-78	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-4698	PR78-3025	CP57-603
CG14-8211	Co270	Mex50-471
CG14-6454	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-6330	CP57-603	PR78-3025
CG14-5274	CP89-2143	CG98-46
CG14-6848	CG98-46	CP89-1868
CG14-5634	CP89-2143	CC85-92
CG14-6989	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-4322	CB46-47	CC85-63
CG14-7547	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-4315	CB46-47	CC85-63
CG14-4318	CB46-47	CC85-63

Genotipo	Progenitor femenino	Progenitor(es) masculino(s)
CG14-4330	CB38-22	CP81-1384
CG14-7087	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-6889	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-6949	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-7338	SP71-6180	SP74-8355/CC85-92/CP88-1508
CG14-4320	CB46-47	CC85-63
CG14-4326	CB46-47	CC85-63
CG14-8880	CP81-1384	CB38-22
CG14-5205	CB38-22	SP70-1284
CG14-6075	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-4197	RB732223	CP77-1055
CG14-7088	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-7347	SP71-6180	SP74-8355/CC85-92/CP88-1508
CG14-7367	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-3692	CG00-129	Loethers
CG14-7293	CP57-603	PR78-3025
CG14-7057	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-3696	CPCL02- 2980	CP03-1621
CG14-5344	Mex60-445	Q96
CG14-3722	Tuc69-117	BJ6018
CG14-6934	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-7300	Q107	CG96-01
CG14-7330	CG98-46	CP89-1868
CG14-7563	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-6878	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-7050	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-6913	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-7258	CG98-41	CC84-75
CG14-6969	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-5100	PR78-3025	CP57-603
CG14-6977	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-4155	NC0376	CC85-63/LM2002M13/432
CG14-4035	CC82-27	RB721012

Genotipo	Progenitor femenino	Progenitor(es) masculino(s)
CG14-3351	F4096	CP27-139
CG14-3379	CL59-1052	CP02-1551
CG14-7273	CP57-603	L80-42/CP81-1384
CG14-4010	CC82-27	M13/432
CG14-7308	CG96-78	CGSP97-136
CG14-7407	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-7265	?	?
CG14-6920	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-4151	NCo376	CC85-63/LM2002/M13/432
CG14-5843	CG56-59	CC85-92
CG14-5167	PR78-3025	CP57-603
CG14-7100	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-4895	Mex74-1409	CP57-603
CG14-7053	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-5141	PR78-3025	CP57-603
CG14-7302	CP61-23	CG96-01/Q107
CG14-7606	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-5596	CP89-2143	CC85-92
CG14-6906	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-4960	Mex74-1409	CP57-603
CG14-3873	CGCP98-05	CG96-01
CG14-3767	CP92-1371	L81-2/CP92-1486
CG14-7522	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-5082	PR78-3025	CP57-603
CG14-7531	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-7816	CG98-46	CP89-1868
CG14-4334	CB38-22	CP81-1384
CG14-6542	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-6499	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-7557	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-6735	B74132	CG98-130
CG14-6893	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-6703	B70121	L75-361/CC85-63
CG14-6753	CP81-1384	PGM89-968

Genotipo	Progenitor femenino	Progenitor(es) masculino(s)
CG14-6929	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-5161	PR78-3025	CP57-603
CG14-3554	CG98-32	CG00-102
CG14-7847	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-7560	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-7001	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14- MS#142	SP71-6180	SP74-8355/CC85-92
CG14-6995	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-3553	CG98-32	CG00-102
CG14-6917	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-5400	CP92-1477	Q107
CG14-7459	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-6045	SP71-6180	L82-54/CP88-1508
CG14-4436	CP73-1547	B74132
CG14-7122	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-7568	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-3602	L79-21	CP61-39/CP86-1747
CG14-4216	RB732223	B70121
CG14-7979	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-5924	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-4836	CB40-69	CG98-75
CG14-4903	Mex74-1409	CP57-603
CG14-8292	CG98-46	CP89-1868
CG14-3618	CP88-1573	MS*15
CG14-4627	Mex50-471	Co270
CG14-4878	Mex74-1409	CP57-603
CG14- MS#183	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CGCP14-48	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-6362	B4362	CP89-1868/CG98-46
CG14-3518	CP92-1607	C87-51/CP75-1632/CP92-1486
CG14-7876	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-4353	Mex79-431	CG98-41

Genotipo	Progenitor femenino	Progenitor(es) masculino(s)
CG14-6201	L80-2	SP79-2233/L82-54
CGB14-47	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CGMex14-145	B70121	L75-361/CC85-63
CG14-3933	Loethers	CG00-129
CG14-MS#94	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-7357	SP71-6180	SP74-8355/CC85-92
CG14-5662	SP86-0042	CC85-92
CG14-5949	SP71-6180	CP88-1508/CP91-2214
CG14-5888	SP71-6180	SP74-8355/CC85-92/CP88-1508
CG14-7591	SP72-4790	SP79-2233/CP88-1508
CG14-3529	CP92-1607	C87-51/CP75-1632/CP92-1486
CG14-5661	SP86-0042	CC85-92

Anexo 2. Resultados de la estimación de BLUP para la variable TAH.

TAH . BLUP\$variedad	(Intercept)
CG14-3722	0
CG14-4216	0
CG14-4315	0
CG14-4878	0
CG14-4903	0
CG14-4960	0
CG14-5344	0
CG14-5634	0
CG14-5662	0
CG14-5779	0
CG14-5843	0
CG14-6362	0
CG14-6454	0
CG14-6542	0
CG14-6920	0
CG14-6969	0
CG14-7191	0
CG14-7308	0
CG14-7407	0
CG14-7531	0
CG14-7876	0
CG14-7979	0
CG14-8110	0
CG98-78	0
CP72-2086	0

Anexo 3. Total de componentes principales (CP's) resultante del análisis.

Variables	CP 1	CP 2	CP 3	CP 4	CP 5	CP 6	CP 7	CP 8	CP 9	CP 10	CP 11	CP 12	CP 13
brixprom	0.3170041	-0.12921884	0.17489822	-0.02382215	0.54087305	-0.04964241	-0.20366234	-0.20117977	0.64266308	0.16871208	-0.01733752	-0.18090232	-0.01372941
peso5tallos	-0.36819049	-0.12761202	0.23303833	-0.03835603	0.36894052	0.09785167	0.0942423	-0.19627586	0.04686449	-0.63173565	-0.02662198	0.44411874	0.00621312
oque2	0.23997718	0.19487486	-0.23820748	-0.25646258	0.5156835	0.25183983	0.3813792	0.31002997	-0.23709011	-0.12701985	0.30942427	-0.20713759	0.00152042
oque3	0.140985	0.21130472	-0.37271831	-0.36538448	0.00248155	0.36428299	-0.61246871	-0.2968146	-0.13143007	-0.03927838	-0.0548896	0.21281571	-0.00191029
pol	0.43196097	-0.25875983	0.25704962	-0.11218993	-0.04059491	-0.00364326	0.01293937	0.03464898	-0.2291574	-0.03466148	-0.14574549	0.14186598	0.75477185
brixjugo	0.40977506	-0.21092231	0.31606059	-0.05210879	0.05956634	0.06915539	0.01196184	0.12048158	-0.31756244	0.06182608	-0.35436744	0.20370809	-0.62470426
pureza	0.33084807	-0.29293289	-0.00944469	-0.23585936	-0.3689803	-0.21503639	0.02563963	-0.23666327	0.08058453	-0.39716333	0.54016256	-0.11971665	-0.19903966
jugo	-0.27493599	-0.38807834	-0.03527937	-0.41841225	-0.10761325	0.19674572	-0.08334169	0.24620984	0.10678459	-0.21059278	-0.39312424	-0.51896437	0.00379383
pop2	0.15639009	-0.2018114	-0.05558364	0.50908882	-0.20158973	0.74530156	0.05890649	0.0725546	0.21707373	-0.09602784	0.10556742	0.01439656	0.00350056
alt1	-0.07042054	0.29621357	0.41398745	-0.29472022	-0.17215389	0.33658037	0.39398061	-0.52619473	-0.00237052	0.2028221	-0.03989837	-0.17689745	0.00096278
diam1	-0.17839206	0.08623433	0.56539615	0.10366219	0.09342059	0.11045775	-0.50778427	0.18049727	-0.28426712	0.00105105	0.40688812	-0.26942553	0.00344145
corcho	-0.1260983	-0.45469899	-0.24076412	0.27355353	0.27066419	-0.02479615	0.02490788	-0.51580212	-0.45348221	0.15087707	0.01132163	-0.27470837	-0.00030522
fibra	0.26416058	0.4403119	0.00490353	0.34795584	-0.01478337	-0.14322529	-0.06326386	-0.15383011	-0.08041102	-0.52396031	-0.35870833	-0.3962355	0.01321667

Anexo 4. Scores obtenidos del análisis multidimensional de Componentes Principales (ACP)

Obs.	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13
1	-1.51044	0.56777	-0.19265	0.17249	-0.79442	-0.17912	-0.09776	-1.26234	-0.30000	-0.47373	-1.63008	0.53971	0.00084
2	-1.24988	0.41273	0.34764	0.00596	-1.45431	-0.48622	0.45830	-0.85441	-0.69673	-0.11867	0.35479	-0.36891	0.00990
3	0.16282	-0.49977	-1.06338	-0.54454	0.25247	0.57761	0.30618	0.58772	-0.75707	0.24326	-0.51445	0.30812	-0.00824
4	-0.47055	-0.30506	2.28125	1.62998	0.02730	0.84229	0.32598	-0.56948	0.01019	-0.26441	-0.48636	-0.10483	0.01061
5	3.22614	-0.19771	1.50510	0.46574	1.77462	-0.02870	-1.54912	-0.21569	-0.21949	0.02248	-0.60850	-0.96090	0.01553
6	0.40257	-0.90655	-0.04398	-1.15055	1.40360	-1.19647	-0.88096	0.40593	-0.14338	0.22663	0.07080	-0.09559	-0.01776
7	2.23639	-2.31938	0.41041	-0.87429	0.91723	0.76011	-0.60555	-0.24246	0.99469	0.08444	0.30065	-0.08274	0.02244
8	-4.67647	0.78131	0.48665	0.07922	0.31499	-0.09055	-0.70900	-0.32752	-0.27171	-0.49388	0.34189	0.24923	-0.00147
9	2.76896	-0.77800	-1.72132	-0.08311	1.22865	-1.09644	-0.02200	0.03964	0.60877	0.20082	-0.68062	0.43588	-0.00892
10	-2.06161	-1.69455	-0.41175	0.57552	0.40662	0.47761	-0.33733	1.91331	0.25870	0.57666	0.25073	0.00250	-0.03540
11	0.29301	0.24829	1.65787	-1.04104	1.79809	0.26631	-0.65970	-0.51445	-0.76232	0.56042	0.41184	-0.11536	-0.01710
12	1.57674	-0.49640	-1.13176	0.03950	-0.03879	0.55362	0.48732	-0.39436	0.43044	0.79555	-0.83143	0.20061	-0.01636
13	0.88681	0.50944	-0.72489	0.42225	-0.48739	1.51019	0.37704	0.28071	0.27093	-1.67184	-0.45153	-0.43605	-0.10753
14	-2.21005	0.71789	1.01807	-1.26442	-0.52111	0.59970	0.77616	-0.62683	0.23757	-0.55974	0.19742	0.37954	0.00102
15	-0.16974	0.08185	0.18777	-0.07535	0.13334	1.03893	0.41676	0.17449	-0.39658	0.99213	-0.13954	-0.67270	-0.02175
16	1.19014	3.05376	1.36275	0.63607	0.26570	-0.14597	-1.35672	1.94219	-0.62555	-0.72552	0.67295	0.92590	0.00807
17	0.74754	-0.61837	-0.35601	-1.82948	-1.08131	0.09213	0.44113	0.09435	-0.69920	-0.14432	-0.13407	-0.31914	0.04200
18	2.32671	1.16644	-0.65314	2.85781	-0.27169	-0.78609	-0.50861	-0.79546	0.35918	1.14453	0.46810	0.40811	-0.02239
19	1.95093	-2.10798	-2.38622	-0.73180	-0.57545	0.26232	0.51162	0.74452	0.38105	0.59708	0.24687	0.40602	0.00525
20	0.65218	-1.12515	0.77790	-1.73960	1.75229	-0.16141	-0.22781	-0.77141	0.32297	-0.40721	-0.13339	0.23834	0.00505
21	-0.77583	-1.17408	-0.59304	-0.54352	0.47418	1.64863	0.06531	0.23532	0.23185	-0.50714	0.79721	0.21494	-0.00832
22	-3.14778	0.11097	0.07098	1.47326	-0.23977	-0.86680	-1.22491	0.38826	-0.14304	0.56621	-0.22664	0.88870	-0.02468
23	-0.77950	-1.87286	1.80122	-0.17511	-1.06680	-0.74383	-0.02341	0.06249	-0.51461	-0.14253	-0.05800	0.05301	0.03954
24	-0.19272	-0.96501	2.63261	-1.44633	-0.01957	0.85233	0.98814	0.78933	0.01203	0.23127	-0.45890	0.55191	0.01062
25	1.77007	4.85358	1.90529	-2.16040	-1.75296	-0.59925	0.29659	0.66630	1.67327	0.11373	0.00919	0.08500	0.00087
26	-2.15695	-1.78525	2.11608	0.36652	-0.37732	0.06505	0.15311	-0.05957	0.59272	-0.06704	-1.02873	-0.17127	-0.00507
27	-0.21779	-0.64958	-0.07476	0.76147	-0.28195	-2.10002	1.72683	1.51300	-0.81350	0.36632	-0.15600	-0.55305	0.00873
28	-0.00112	-0.01940	-1.00261	-0.24971	-1.79747	0.53540	0.05860	-0.39631	0.43867	-0.32742	0.57142	-0.86041	0.00077
29	-0.09966	-0.81502	1.46949	1.55157	1.13266	-0.23277	2.18265	0.64300	0.05844	-0.60483	0.50615	0.05454	0.01580
30	0.61509	-0.97777	-0.43503	-0.31229	-0.03530	0.87039	0.25359	-0.16960	-0.26188	-0.00589	0.35418	0.76101	0.01043
31	-1.15759	0.16827	-0.26917	-0.37879	1.02753	0.24393	-0.55436	0.43212	-0.88111	-0.55155	0.46953	0.09415	-0.00748
32	0.00708	-2.43552	0.88750	0.82705	-1.37537	0.82652	-2.15220	-0.26659	0.71081	-0.13730	-0.07807	0.38032	0.01723
33	3.70165	1.73744	0.09646	-0.38316	-0.74446	-0.11067	-0.18400	1.48758	0.87811	0.05862	-0.74556	0.00136	0.02485
34	-1.33495	-1.15185	-0.68485	-0.83125	-1.63487	-1.18431	-0.94059	-0.85248	0.30651	-0.41574	0.11196	0.25647	-0.00705
35	-0.25123	1.05182	-0.34835	1.75419	1.46655	-1.39157	1.62571	-0.33607	0.33265	-0.88669	-0.65711	0.39513	-0.01095
36	-0.82872	1.05499	-0.74713	0.13090	-0.69126	2.11692	1.02812	-0.31239	-0.74669	0.95228	0.28740	-0.32269	-0.01322
37	1.93479	0.55920	0.79515	0.37450	-0.30451	0.09622	0.02737	-1.81089	-0.09453	1.13894	0.53084	0.44262	0.00686
38	0.10223	2.45808	1.06096	0.36965	0.21374	1.41752	-0.24591	0.41140	-0.58555	0.65055	0.26755	-0.18779	-0.01527
39	-0.40242	0.77086	0.08310	-1.53294	0.46596	-0.82580	0.26270	-0.33408	-1.81860	-0.19240	-0.20436	0.06507	0.01273
40	1.09006	1.37394	0.34999	0.24853	0.95368	-0.47321	1.11034	-2.06887	0.41174	0.24922	0.75330	0.30496	-0.01443
41	-0.99932	0.93502	-0.93641	-0.73127	-0.64931	-1.65978	-0.86350	-0.33935	-0.61628	0.30974	-0.11642	-1.06193	-0.01429
42	-0.69533	0.01492	-1.63772	-0.85486	0.12268	-0.05384	0.55582	-0.53207	0.40300	-0.66136	-0.18450	-0.29946	-0.01118
43	-6.49833	2.42429	-2.82953	0.26663	1.91974	0.85399	-0.05250	0.25970	1.45615	0.58591	-0.27726	-0.37299	0.08075
44	1.03852	-0.52909	-2.67432	0.26859	-0.83746	-0.27302	0.69569	0.20982	-0.33999	-0.64154	0.68783	0.79910	0.01695
45	2.10280	0.54712	-0.44251	2.25307	0.17273	0.54372	-1.04253	-0.30542	0.00987	-1.61029	0.33307	-0.84350	0.04412
46	2.82896	-0.23343	-1.47174	0.76274	-0.57102	-0.10024	0.06237	0.13177	-0.58622	-0.22877	0.35183	-0.11869	0.04298
47	-2.17844	0.07550	-1.00076	0.53897	-1.08910	-0.31795	-1.33100	0.35161	-0.41307	0.43669	-0.36038	0.05332	-0.01943
48	-0.08554	-0.11873	-0.92935	-1.79983	1.16113	-1.44184	-0.54356	0.02781	0.75290	-0.19698	0.71534	-0.43820	-0.04028
49	-1.75269	-2.09885	2.18967	1.23699	-0.79908	-1.22063	0.87256	0.46470	1.11352	0.48564	0.88640	-0.73134	-0.01227
50	2.29247	0.19990	-0.73150	0.66448	0.10659	0.71511	0.16427	0.10101	-0.56964	0.44768	-0.78730	-0.37803	0.00694