

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

SUBDIRECCIÓN DE POSGRADO



**FORMACIÓN Y SELECCIÓN DE GENOTIPOS (VARIEDADES, HÍBRIDOS)
SOBRESALIENTES DE MELÓN (*CUCUMIS MELO* L.) EN BASE A
CRITERIOS AGRONÓMICOS.**

TESIS

**Que presenta JOSÉ ALEJANDRO LOYO MELCHOR
como requisito parcial para obtener el Grado de
MAESTRO EN CIENCIAS ENFITOMEJORAMIENTO**

Saltillo, Coahuila

Noviembre de 2015


**FORMACIÓN Y SELECCIÓN DE GENOTIPOS (VARIEDADES, HÍBRIDOS)
SOBRESALIENTES DE MELÓN (*CUCUMIS MELO* L.) EN BASE A
CRITERIOS AGRONÓMICOS.**

TESIS

Elaborada por **JOSE ALEJANDRO LOYO MELCHOR** como requisito parcial
para optar al grado de **MAESTRO EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO**
con la supervisión y aprobación del Comité de Asesoría



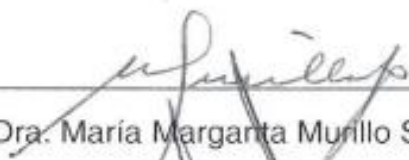
Dr. Fernando Borrego Escalante
Asesor principal




Dr. Adalberto Benavides Mendoza
Asesor



Dr. Alfonso López Benítez
Asesor



Dra. María Margarita Murillo Soto
Asesor



Dr. Alberto Sandoval Rangel
Subdirector de postgrado
UAAAN

Saltillo, Coahuila

Noviembre de 2015

AGRADECIMIENTOS

A **Dios** nuestro señor que ha sido un pilar que me sostiene y siempre está conmigo, que me ha permitido culminar con este propósito a favor de mi vida y de los que me rodean.

A mi “Alma Terra Mater” **la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro** que me ha formado a nivel profesional y personal, siendo esta una universidad de calidad, y agradecerle, compartiendo la sabiduría otorgada para mejorar el Agro Mexicano.

Al **Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología** (CONACYT) por brindar el apoyo económico durante mi estancia del grado a favor de mi superación.

Al **Departamento de Fitomejoramiento**, especialmente a los maestros, por trasmitirme sus conocimientos y experiencia en el aula y campo.

Al **Dr. Fernando Borrego Escalante** por el apoyo incondicional a la culminación de este trabajo y durante toda mi estadía, agradezco sus enseñanzas y consejos, considerándolo más que un asesor, un amigo.

A la **Dra. María Margarita Murillo Soto**, por su apoyo en la realización y revisión de este trabajo, gracias por sus sugerencias.

Al **Dr. Adalberto Benavides Mendoza**, por su apoyo en la realización y revisión de este trabajo, gracias por sus sugerencias.

Al **Dr. Alfonso López Benítez**, por su enseñanza, sugerencias, experiencia compartida, durante mi formación y revisión de este trabajo.

A los trabajadores de campo **Adrián, Pancho, Bocho** y todos los que se juntan cuando llega el tigre, por su amistad y colaboración en el trabajo de campo, aportando sabiduría a mi vida.

A mis compañeros de generación **Julio, Lino, Yonis, Nury, Gaby** por el buen equipo conformado y las experiencias vividas, compañeros y amigos **Gallozo, Marco, Paco** por su apoyo incondicional y enseñanzas.

DEDICATORIA

A mis padres:

José Alejandro Loyo Castro y Margarita Melchor Sánchez (+) por la vida, apoyo incondicional su amor y sacrificio. Siempre con sus acciones me dieron el mejor ejemplo de nunca rendirse y esforzarse cada día más para ser mejor persona.

A mi Esposa:

Dulce, por su gran amor, comprensión y apoyo, pues eres complemento de mi vida. Te amo mi amor.

A mi hijo:

José Julián, que le ha dado mucho amor y alegría a mi vida, pues es el motor que me impulsa a salir a delante. Te amo hijo.

A mis Hermanos:

Vero, Mari, Jorge, Juanis, Felipe, Rut y Rafa, por su gran apoyo y amor en las buenas y en las malas, los quiero mucho y son unos hermanos excelentes.

ÍNDICE DE GENERAL

ÍNDICE DE GENERAL.....	v
LISTA DE CUADROS	vii
LISTA DE FIGURAS	ix
I. INTRODUCCIÓN	5
Objetivos.....	7
Hipótesis	7
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	8
Clasificación taxonómica.....	9
Podas en melón	9
Interacción genotipo ambiente	11
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	15
Material Genético	16
Primera etapa	16
Manejo del cultivo.....	16
Cosecha y extracción de semillas.....	18
Segunda etapa.....	18
Manejo agronómico de los tres ambientes Túnel, Bajío y Parras.....	19
Sistema de podas.....	20
Variables a evaluar:	20
Agronómicas.....	20
Diseño experimental	20
Modelo de los Efectos Principales Aditivos e Interacciones Multiplicativas (AMMI).	21
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	23
Túnel.....	23
Bajío.....	25
Parras	26
Análisis combinado de los tres ambientes.....	27
Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) de las Variables Agronómicas.	36
Frutos amarrados (FRUTAM)	36
Desarrollo de frutos (DESFRUT)	38

Peso fruto (PESO) y rendimiento.....	39
V. CONCLUSIÓN.....	41
VII. REFERENCIAS.....	42
VIII. APÉNDICE	48

LISTA DE CUADROS

Cuadro 3.1. Material genético siete poblaciones, y nueve progenitores utilizados para las cruzas dirigidas.	16
Cuadro 3.2. Genealogía de los doce progenies del programa de mejoramiento.	17
Cuadro 3.3. Genealogía de los mejores materiales genéticos y el testigo.....	18
Cuadro 3.4. Fechas de siembra, densidad y cosecha en los diferentes ambientes.	19
Cuadro 3.5. Escala en el desarrollo del fruto.	20
Cuadro 4.1. Análisis de varianza para las variables agronómicas en melón bajo condiciones de Túnel.	24
Cuadro. 4.2. Análisis de varianza para las variables agronómicas en melón en el ambiente del Bajío.	25
Cuadro. 4.3. Análisis de varianza para las variables agronómicas en melón en el ambiente de Parras.....	26
Cuadro 4.4. Análisis de varianza de los tres ambientes en las variables agronómicas en melón.....	28
Cuadro 4.5. Cuadrados medios del análisis AMMI de los 18 genotipos de melón en los tres ambientes evaluados.....	36
Continua. Cuadro 4.5.....	37
Cuadro. A1. Medias de los genotipos de melón en los tres ambientes, en las variables agronómicas.	48
Cuadro. A2. Medias de la intensidad de poda en melón en los ambientes del Bajío, Parras y Túnel, en las variables agronómicas.	49
Cuadro. A3. Medias de la interacción (Intpoda)(Genotipo), en melón en el ambiente túnel, en las variables agronómicas.	49
Cuadro. A4. Medias de la interacción (Intpoda*Genotipo), en melón en el ambiente bajo, en las variables agronómicas.	51
Cuadro. A5. Medias de la interacción (Intpoda)(Genotipo), en melón en el ambiente Parras, en las variables agronómicas.	52

Cuadro A6. Medias de los 18 genotipos de melón en tres ambientes, en las variables agronómicas.	53
Cuadro A7. Medias agronómicas en los tres ambientes de estudio en melón..	54
Cuadro A8. Las medias agronómicas, de la intensidad de poda en melón en los tres ambientes.	54
Cuadro. A9. Medias de la interacción genotipo por intensidad de poda en melón.	54
Cuadro. A10. Medias de la interacción ambiente, genotipo por intensidad de poda en melón.	56
Cuadro. A11. Valores del Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) de frutos amarrados.	59
Cuadro. A12. Valores del Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) del desarrollo del fruto.	60
Cuadro. A13. Valores del Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) del peso del fruto.	61
Cuadro. A14. Valores del Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) del rendimiento.	62

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Medias de la variable frutos amarrados (FRUTAM) de los tres ambientes, con diferente sistema de poda en 18 genotipos de melón.	30
Figura 2. Medias de las variables desarrollo del fruto (DESFRUT) de los tres ambientes, con diferente sistema de poda en 18 genotipos de melón.	31
Figura 3. Medias de las variables peso de fruto (PESO) de los tres ambientes, con diferente sistema de poda en 18 genotipos de melón.	32
Figura 4. Medias de las variables rendimiento en toneladas por hectárea (REND) de los tres ambientes, con diferente sistema de poda en 18 genotipos de melón.	33
Figura 5. Distribución de los genotipos en un biplot en los tres ambientes para frutos amarrados en melón.	37
Figura 6. Distribución de los genotipos en un biplot en los tres ambientes para desarrollo de fruto de melón.	38
Figura 7. Distribución de los genotipos en un biplot en los tres ambientes para peso del fruto de melón.	39
Figura 8. Distribución de los genotipos en un biplot en los tres ambientes para rendimiento de melón.	40

RESUMEN

FORMACIÓN Y SELECCIÓN DE GENOTIPOS (VARIEDADES, HÍBRIDOS) SOBRESALIENTES DE MELÓN (*CUCUMIS MELO* L.) EN BASE A CRITERIOS AGRONÓMICOS.

POR:

JOSÉ ALEJANDRO LOYO MELCHOR

MAESTRÍA EN CIENCIAS

FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

Dr. Fernando Borrego Escalante –Asesor—

Palabras clave: *Cucumis melo* L. Interacción genotipo ambiente, podas, desarrollo del fruto.

El presente trabajo se evaluaron 18 genotipos en tres ambientes contrastantes Túnel, Bajío (Buenavista) y Parras, con un diseño de bloques al azar con arreglo de parcelas divididas con tres tratamientos : poda en el tallo principal, en la sexta hoja (POD1), poda en la sexta hoja de las dos ramificaciones que se producen al realizar la primera poda (POD2) y sin poda (SPOD) para su análisis individual, combinado y su interacción genotipo ambiente con el Modelo de Efectos Principales Aditivos e Interacciones Multiplicativas (AMMI), con el propósito de seleccionar genotipos con buena estabilidad en las variables

agronómicas, desarrollo de frutos(DESFRUT),frutos amarrados (FRUTAM), peso total (PESO) y rendimiento (REND).En el Análisis (AMMI) de las variables a agronómicas. En FRUTAM en el ambiente Túnel los genotipos con mayor estabilidad fueron UANMEL4, ExN, Bxl y (N)(ExL), para el Bajío los más estables fueron UANMEL7 y UANMEL2 y en el ambiente Parras ninguno presentó valores favorables para estabilidad, En DESFRUT en el ambiente Túnel los genotipos más estables fueron BxN, (N)(ExL), en el Bajío fueron el UANMEL4 y (LxM)(B) y PARRAS (I)(ExL) y CRUISER. En la variable PESO, en el TÚNEL el más estable UANMEL7, (ExL)(JxK), BxN y B. Bajío fue el (ExL),CRUISER y (N)(ExL). Parras fue UANMEL4 y ExN. Estos resultados indican un efecto favorable en intensidades de poda en melón que se manifiesta en los rendimientos, además el uso de podas mejora la productividad y hace más rentable el cultivo del melón.

ABSTRACT**TRAINING AND SELECTION GENOTYPES (VARIETIES, HYBRIDS)
HIGHLIGHTS OF MELON (*Cucumis melo* L.) BASED ON CRITERIA
AGRONOMIC.****POR:****JOSÉ ALEJANDRO LOYO MELCHOR****MAESTRÍA EN CIENCIAS
FITOMEJORAMIENTO****UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. NOVIEMBRE 2015.****Dr. Fernando Borrego Escalante -Asesor-****Keywords:** *Cucumis melo* L, Interaction environment, pruning, fruit
Development genotype.

The present study 18 genotypes were evaluated in three contrasting environments Tunnel, Bajío (Buena Vista) and Parras, a randomized block design with a split plots with three treatments: pruning the main stem, the sixth leaf (POD1) Pruning in the sixth sheet the two branches that occur when you perform the first pruning (POD2) without pruning (SPOD) for individual analysis, and combined with the genotype-environment interaction model Additive Main Effects and Multiplicative Interaction (AMMI) the purpose of selecting genotypes

with good stability in the agronomic variables, fruit development (DEFRUT), tied fruits (FRUTAM), total weight (PESO) and performance (REND) .In the analysis (AMMI) agronomic variables . In FRUTAM in the tunnel environment more stable genotypes were UANMEL4, ExN, BXI and (N) (ExL)for the most stable and UANMEL2 UANMEL7 were Bajío and the environment Parras none had favorable stability values,In DEFRUT in the tunnel environment more stable genotypes were BxN, (N) (ExL) in the Bajio were UANMEL4 and (LxM) (B) and vines (I) (ExL) and CRUISER. In the WEIGHT variable, in the most stable UANMEL7 TUNNEL (ExL) (JXK) BxN and B. Bajio it was the (ExL), CRUISER and (N) (ExL). Parras was UANMEL4 and ExN. These results indicate a favorable effect on pruning intensities manifested in melon yields also use pruning improves productivity and make farming more profitable melon.

I. INTRODUCCIÓN

La importancia del melón a nivel mundial se expresa en la cosecha de un poco más de 1.8 millones de hectáreas y la producción se estima en aproximadamente 29.462 millones de toneladas. China es el principal productor con 14.400 millones de toneladas, representa el 55 por ciento de la producción mundial (FAOSTAT, 2013). México ocupa el doceavo lugar con 527 mil toneladas, con una superficie cosechada de 18,306.69 hectáreas, con un rendimiento promedio de 28.79 t ha^{-1} , los principales estados productores son Sonora, Coahuila, Michoacán, Guerrero y Durango. En el estado de Coahuila se tienen contempladas una superficie cosechada de 4,020.25 hectáreas con un rendimiento de 32.73 t ha^{-1} (Sagarpa-SIAP 2014). Debido al anhelo de aumentar cada vez más la producción de los cultivos sin aumentar el área que estos ocupan se busca continuamente nuevas alternativas de manejo que nos permita incrementar la productividad. El cultivo de melón bajo intensidades de poda nos permite controlar el número de frutos por planta, aumentar su tamaño y calidad, de acuerdo de las exigencias del mercado. El rendimiento de los cultivos está en función del genotipo, el ambiente y la interacción genotipo ambiente. Es necesario realizar evaluaciones en diferentes ambientes y manejar diferentes tipos de podas, para tener rendimientos superiores a la media nacional, con el fin de satisfacer las necesidades del mercado nacional é internacional. El investigador ha desarrollado métodos eficientes, orientados a la obtención de nuevos genotipos, con características agronómicas favorables,

como altos rendimientos, resistencia a enfermedades, buena estabilidad, calidad y mayor eficiencia fisiológica. Por lo tanto es necesario obtener híbridos con características que interactúen menos con el ambiente. Para aumentar la rentabilidad y productividad en melón es necesario hacer cambios en los sistemas de producción convencionales, implementando diferentes técnicas, entre ellas el uso de podas, complementadas con buenas prácticas culturales, ya que estos factores son muy importantes en el desarrollo y rendimiento de la planta (Lardizabal, 2003). Se ha demostrado que al interrumpir el crecimiento apical estimula un crecimiento acelerado de brotes laterales, debido a que las concentraciones de auxinas y otras hormonas favorecen la brotación precoz (Pereira et al., 2003).

El programa de mejoramiento fisiotécnico en melón de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), cuenta con materiales genéticos experimentales con calidad sobresalientes, para el desarrollo de programas de mejoramiento de gran importancia para el campo mexicano.

Objetivos

- Determinar la respuesta de genotipos de melón a tres intensidades de poda en tres ambientes.
- Determinar la ¿magnitud? de la interacción genotipo x ambiente y su efecto en genotipos de melón, en variables agronómicas.
- Seleccionar los mejores genotipos, por estabilidad, en variables agronómicas.

Hipótesis

- Los genotipos de melón superarán al testigo comercial en más de una de las variables evaluadas, en diferentes ambientes y en tipos de podas.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

El melón (*Cucumis melo* L.) tiene 30 especies divididas en seis subgrupos (Kirkbride, 1993), el melón cuenta con un número cromosómico $2n=24$, su distribución ocurrió originalmente en una gran parte de África y Oriente Medio hasta Pakistán, el sur de Arabia y también unas especies se produjeron en Asia (Kroon et al., 1979; Ramachandran y Narayan, 1985). La distribución en Oriente medio y Asia dio origen a la gran diversidad que existe en la zona (Robinson y Decker-Walters, 1997).

El melón se encuentra dentro de la familia de las cucurbitáceas, que es una de las familias de plantas de gran importancia a nivel mundial en el mercado de las hortalizas (Mallick & Masui, 1986), la cual contiene una gran diversidad genética (Bisognin, 2002). Existe mucha controversia sobre el verdadero origen del melón. Una posible teoría indica que antes de la separación de los continentes, África y Asia estaban unidas y que el cultivo se desarrolló a la par en los dos continentes (Mallick & Masui, 1986).

Aunque la mayoría de la comunidad científica considera que la forma silvestre de melón se originó en África, pero su domesticación no se conoce realmente a detalle (Akashi *et al.*, 2002).

Clasificación taxonómica

Según USDA (2014), el melón (*Cucumis melo* L.) taxonómicamente se puede clasificar de la forma siguiente:

Reino:	Plantae
Subreino:	Tracheobionta
Superdivisión:	Spermatophyta
División:	Magnoliophyta
Clase:	Magnoliopsida (Cotiledóneas)
Subclase:	Dilleniidae
Orden:	Violales
Familia:	Cucurbitaceae
Género:	<i>Cucumis</i> L.
Especie:	<i>Cucumis melo</i> L. cantaloupe

Podas en melón

Con la poda del melón se obtienen brotes para conseguir un crecimiento vegetativo equilibrado y regular la producción de la planta, aumento de la precocidad, también se facilita la producción de las flores, controlando la cantidad, tamaño y calidad de los frutos (Reche, 1996).

La poda se realiza para lograr un equilibrio entre el crecimiento de las guías y la producción de frutos. La poda aumenta peso promedio del fruto, cada guía de

melón produce un tallo principal con muchas ramas secundarias o laterales (Jett, 1996).

El uso de la poda es una práctica común en la producción de melón en Irán. La poda tiene el fin de lograr un equilibrio en el crecimiento y cuajado de fruto (Feyzian *et al.*, 2009). El manejo de podas en melón no solo incrementa el rendimiento, además la precocidad y calidad en el fruto (Chang, *et al.*, 2010). Kong, *et al.*, (2008), recomienda que las podas en melón puedan ser utilizadas para producción comercial.

Sebastián,(1999), realizo un estudio a campo abierto con tres modalidades de podas y determino que la poda no logro mejorar un incremento en el rendimiento, tan solo influyo en el aumento de la superficie foliar y no en el número de frutos por planta.

Según Giaconi y Escafe, (1997), la podas es impracticable desde el punto de vista económico en grandes extensiones de cultivo y se ejecuta en siembras pequeñas como recurso para obtener frutos más grandes y mayor calidad. Cuando se trata de satisfacer un mercado exigente en tamaño, forma y calidad es aconsejable someter a la planta a esta práctica cultural (Montes, 1996).

Se recomienda realizar la poda durante las primeras horas de la mañana, cuando la planta tiene menos reservas y los cortes pueden hacerse más fácil por encontrarse los tallos y los brotes más tiernos (Reche,1996)

Interacción genotipo ambiente

La interacción genotipo por ambiente (IGA) es frecuentemente descrita como la inconsistencia del comportamiento entre los mismos genotipos desde un ambiente a otro, y cuando esta ocurre en gran proporción reduce el progreso genético de la selección (Yang y Baker, 1991; Magari y Kang, 1993).

En los programas de mejoramiento genético de plantas, es de gran importancia la evaluación del germoplasma en diferentes etapas del cultivo, aunado a diferentes ambientes de producción con el objetivo de conocer su expresión y comportamiento y obtener variedades con mayor rango de adaptación, y estables. La respuesta diferencial de los genotipos a las condiciones ambientales produce la interacción genotipo ambiente (IGA) facilitando la identificación de genotipos que demuestran un comportamiento favorable o nulo para ambientes específicos (Crossa *et al.*, 1990).

Los modelos con término multiplicativo han sido muy utilizados para describir la interacción en los cuadros de dos vías; tienen la ventaja de permitir una representación simultánea (Biplot) de filas y columnas del cuadro, lo que facilita identificar las combinaciones de niveles causantes de la interacción. Estos modelos, a su vez, se clasifican en internos y externos (Van Eeuwijk and Kroonenberg, 1998): internos cuando estiman la interacción haciendo uso solamente de la información contenida en el cuadro inicial de datos, y externos

cuando utilizan además información proveniente de variables externas, ya sean medidas sobre filas, columnas o ambos factores de variación.

Entre los modelos con término multiplicativo se encuentran: el Modelo Concurrente de Tukey (Tukey, 1949) y los Modelos de Regresión sobre la Media, de Yates y Cochran, Mandel, Finlay y Wilkinson, Eberhart y Russell (González *et al.*, 2003). Se caracterizan por tratar de explicar la interacción a partir de un solo término multiplicativo, lo cual en muchos casos resulta insuficiente, dada su complejidad.

En los modelos AMMI se mantiene la descomposición en términos multiplicativos de la interacción y esta no es forzada a tener una característica específica; en el modelo se incluyen tantos términos como sean necesarios, para explicar la variabilidad asociada a la interacción y son clasificados también como modelos internos (Gauch, 1988).

Estos modelos combinan las técnicas de Análisis de Varianza (ANVA) y Análisis de Componentes Principales (Gauch and Zobel, 1989); tienen como objetivo explicar la interacción asociada a un ANVA bifactorial, a partir de una representación biplot. Existen otras formas de hacer referencia a este tipo de modelos con término multiplicativo en la interacción y efectos principales aditivos (modelos AMMI); así por ejemplo, algunos lo denominan modelos bilineales (Gabriel, 1978) (Denis, 1991); por otra parte, otros lo llaman modelos biaditivos (Denis and Gower, 1994). Los modelos AMMI han sido aplicados fundamentalmente en experimentos de campo, más específicamente en el

análisis de la interacción genotipo-ambiente, con el objetivo de clasificar genotipos en estables é inestables a partir de su interacción con el ambiente (Cornelius *et al*, 1996) (Van Eeuwijk, 1995).

Es conocido que a partir del Análisis de la Varianza, se puede detectar la presencia o no de interacción, mediante la F de Fisher correspondiente a esta fuente de variación. Sin embargo, una vez detectada, no se interpreta, se limita a seleccionar los genotipos con mayores valores medios, sin tener en cuenta su grado de estabilidad.

Los modelos AMMI, al permitir una representación Biplot de filas (genotipos) y columnas (ambientes), dan la posibilidad de estudiar el grado de estabilidad de los genotipos, al ser probados en diferentes ambientes.

La interacción genotipo-ambiente (GxA) no es sino el comportamiento relativo diferencial que exhiben los genotipos cuando se les somete a diferentes ambientes. Esta interacción es manifiesta cuando la respuesta fenotípica producida por un cambio en las condiciones ambientales no es la misma para todos los genotipos (Comstock and Moll, 1963). El método de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) no sólo permite estimar estabilidad, sino, también evaluar localidades y como consecuencia clasificar los ambientes (Crossa *et al.*, 1990). Girek, *et al.*, (2013), usaron la metodología AMMI para seleccionar genotipos de melón estables para la variable rendimiento en ambientes contrastantes en invernadero y campo abierto. Nunes, *et al.*, (2011), trabajó con ocho híbridos de melón cantaloupe en

el estado de Rio Grande del Norte, Brasil, encontrando que las variables ambientales como temperatura, influyen sobre la interacción genotipo x ambiente (G x E).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

La presente investigación se realizó en dos etapas. La primera durante el ciclo Primavera- Verano 2013, fase de cruzamiento e incremento de semilla de las poblaciones del programa de mejoramiento en melón; esto se realizó en el área adyacente al invernadero de fisiotecnia en las instalaciones de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro UAAAN ubicada al sur de la Ciudad de Saltillo Coahuila a $25^{\circ} 21' 19.31''$ latitud Norte y $101^{\circ} 1' 49.36''$ longitud Oeste. La segunda etapa fue la evaluación en campo agrícola de diferentes genotipos seleccionados del programa de mejoramiento a diferentes tipos de poda en el ciclo Verano-Otoño 2014. Esta evaluación se realizó en tres ambientes el primero Túnel UAAAN a $25^{\circ} 21' 19.31''$ latitud N y $101^{\circ} 1' 49.36''$ longitud W cuenta con una altitud de 1780 msnm, en este ambiente se realizó la construcción de un túnel cubierto con polietileno, lo que favoreció el aumento de la temperatura alcanzando valores de 38°C . Bajío UAAAN a $25^{\circ} 21' 20.45''$ latitud N y $101^{\circ} 2' 17.87''$ longitud W, con una altitud 1748 msnm. En estas dos ambientes la temperatura media anual es de 16.8°C , el clima es seco, semiárido, con lluvias en verano, la precipitación total anual es de 350 a 450mm, el tipo de suelo es de textura migajón arcillosa con bajos contenidos de materia orgánica. Parras ubicado en el CBTA No 21 Parras Coahuila a $25^{\circ} 27' 5.79''$ latitud N y $102^{\circ} 10' 29.45''$ longitud W. Con una temperatura media anual de 18°C el clima es seco semicálido, con una precipitación anual de 400 a 500 mm, su tipo de suelo es litosol poco profundos con susceptibilidad a la erosión.

Material Genético

Se utilizaron siete poblaciones para el incremento de semilla con la genealogía (UANMEL1), (UANMEL2), (UANMEL3), (UANMEL 4), (UANMEL 5), (UANMEL 6) (UANMEL 7), y nueve progenitores identificados en el Cuadro 3.1. Provenientes del programa de mejoramiento de melón del área de Fisiotecnia del Departamento de Fitomejoramiento de la UAAAN para la realización de las cruzas.

Cuadro 3.1. Material genético siete poblaciones, y nueve progenitores utilizados para las cruzas dirigidas.

POBLACIONES PROGENITORES	
UANMEL 1	E
UANMEL 2	N
UANMEL 3	J
UANMEL 4	LxM
UANMEL 5	K
UANMEL 6	B
UANMEL 7	JxK
	ExL
	I

Primera etapa

Manejo del cultivo

Se inició el 11 de abril del 2013 con la preparación del terreno en dos tuneles, cada uno con tres camas los cuales fueron fertilizados, equipado con cintilla y acolchado con polietileno negro, para evitar el crecimiento de maleza y retención de humedad, el 19 de abril se realizó la construcción de túneles de 28 m de largo por 4.40m con una distancia de 1.20m de distancia entre camas

con cubierta de polietileno para proteger al cultivo de las inclemencias del tiempo e incremento de la temperatura.

El 23 de abril del 2013 se hizo la siembra directa en los dos lotes con materiales del programa de mejoramiento, en el primero se sembró siete poblaciones para el incremento de semilla con la genealogía Cuadro 3.1 en el segundo lote se sembró nueve genotipos (progenitores) con la genealogía Cuadro 3.1.

El trabajo de la formación de híbridos se empezó el 1 al 30 de junio del 2013 mediante la polinización manual, llevando un registro de las cruzas exitosas. De los 9 progenitores se originaron doce progenies con la siguiente genealogía Cuadro 3.2.

Cuadro 3.2. Genealogía de los doce progenies del programa de mejoramiento.

NUMERO	PROGENIE
1	(B)(JXK)
2	(JXK)(B)
3	(B)(N)
4	(B)(J)
5	(B)(I)
6	(I)(EXL)
7	(N)(EXL)
8	(E)(K)
9	(E)(N)
10	(LXM)(B)
11	(J)(LXM)
12	(EXL)(JXK)

Cosecha y extracción de semillas

Al término del ciclo del cultivo se realizó la cosecha, extracción y lavado de semilla de las diferentes progenies, para su tratamiento con fungicida y conservación en el laboratorio de Fisiotecnia.

Segunda etapa

Con los análisis de datos de trabajos anteriores se realizó la selección de los mejores 17 genotipos del programa de mejoramiento en melón del Departamento de Fitomejoramiento de la UAAAN y añadiendo un testigo comercial Cruiser F1 para tener su comparación con los 17 genotipos, dando un total de 18 genotipos que se evaluaron, teniendo como genealogía la observada en el Cuadro 3.3.

Cuadro 3.3. Genealogía de los mejores materiales genéticos y el testigo.

NUM	GENOTIPO
1	(EXL)(JXK)
2	EXK
3	BXI
4	BXN
5	(LXM)(B)
6	(N)(EXL)
7	(I)(EXL)
8	EXN
9	BXJ
10	UAN MEL 1
11	UAN MEL 2
12	UAN MEL 4
13	UAN MEL 5

14 UAN MEL 7
 15 EXL
 16 I
 17 B
 18 CRUISER

Manejo agronómico de los tres ambientes Túnel, Bajío y Parras

Se realizó la preparación del terreno, fertilización orgánica complementaria , instalación del sistema de riego, acolchado y diferentes densidades de siembra, Cuadro 3.4. Para el control de las plagas se utilizaron trampas pegajosas amarillas y azules, además de una barrera de crisantemos como repelente, el control de las enfermedades se realizó con aplicaciones preventivas con fungicidas de etiqueta verde. También se realizaron tres aplicaciones de lombricomposta vía riego. Las labores culturales se realizaron durante todo el ciclo del cultivo.

Cuadro 3.4. Fechas de siembra, densidad y cosecha en los diferentes ambientes.

AMBIENTE	SIEMBRA	DENSIDAD	COSECHA	DIAS
TUNEL	17-MAY-14	38,461	05-AGO-14	81
BAJIO	15-MAY-14	31,250	26-JUL-14	73
PARRAS	27-MAY-14	41,666	29-JUL-14	64

Sistema de podas

Se realizaron dos Sistema de podas en melón, a un tallo: Cuando la planta tiene 5-6 hojas verdaderas se despunta el ápice principal, de las axilas de las hojas brotaran guías laterales de 2° orden, la segunda poda cuando éstos tallos tienen 5-6 hojas verdaderas se despuntan de la misma manera, teniendo como testigo plantas sin ninguna poda.

Variables a evaluar:

Agronómicas

FRUTAM: Frutos amarrados.

DEFRUT: Desarrollo del fruto se tomó con una escala que se refleja en el Cuadro 3.5.

Cuadro 3.5. Escala en el desarrollo del fruto.

ESCALA	PARÁMETRO
5	EXCELENTE
4	BUENO
3	REGULAR
2	MALO
1	PÉSIMO

PESO: Peso total en gramos (gr)

REND: Rendimiento en toneladas por hectárea ($t\ ha^{-1}$)

Diseño experimental

El diseño experimental que se utilizó bloques alzar con arreglo de parcelas divididas, en cada uno de tres ambientes de evaluación con tres repeticiones.

Modelo lineal

$$Y_{ijk} = \mu + \underbrace{\gamma_k + \tau_i + (\gamma\tau)_{ki}}_{\text{Representa a la parcela}} + \underbrace{\beta_j + (\tau\beta)_{ij}}_{\text{Representa a la subparcela}} + \varepsilon_{ijk}$$

Y_{ijk} = Observación de la unidad experimental.

μ = Media general.

γ_k = Efecto de los bloques

τ_i = Efecto del tratamiento τ de la parcela.

$(\gamma\tau)_{ki}$ = Error de la parcela [$E_{(a)}$].

β_j = Efecto del tratamiento β de la subparcela

$(\tau\beta)_{ij}$ = Efecto de la interacción de los tratamientos de la parcela y subparcela.

ε_{ijk} = Error de la subparcela [$E_{(b)}$].

Modelo de los Efectos Principales Aditivos e Interacciones Multiplicativas (AMMI).

El modelo AMMI es representado mediante la siguiente fórmula matemática (Gauch, 1988):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Dónde:

Y_{ij} : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j .

μ : Es la media general de las observaciones (Su estimación se hace por medio de $\hat{\mu} = \bar{Y}_{..}$).

g_i : Es el efecto del genotipo i (Desvío del genotipo i a la media general de las observaciones, y se estima a través de $\hat{g}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}$).

e_j : Es el efecto del ambiente j (Desvío respecto al promedio general del ambiente j , y se estima por medio de $\hat{e}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$).

λ_k : Es el valor propio del eje k de componentes principales.

γ_{ik} : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a λ_k .

α_{jk} : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a λ_k .

ε_{ij} : Error del genotipo i en el ambiente j .

p : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI.

Todos los análisis estadísticos se realizaron con el lenguaje R statistical (R version 3.0.2, 2013), Statistica V8.0 y SAS V9.0.(Statistical Analysis System)

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En las características agronómicas en el cultivo de melón en los diferentes genotipos, intensidad de poda y diferentes ambientes. Los análisis de varianza, bloques completamente al azar en parcelas divididas arrojaron estos resultados para las variables FRUTAM, DESFRUT, PESO y REND En el ambiente Túnel (Cuadro. 4.1), Bajío (Cuadro 4.2) y Parras (Cuadro 4.3).

Túnel

En la variable FRUTAM, Cuadro. 4.1. Estadísticamente presenta diferencias ($p \leq 0.01$ y 0.05), en la fuente de variación Genotipo y la interacción (Genotipo*Intpoda). Mateo. (2014), realizo trabajos en tres intensidades de podas bajo un sistema de producción realizado en macro túnel utilizando un diseño factorial en bloques completamente al azar teniendo resultados óptimos al ($p \leq 0.05$) en frutos amarrados y peso total.

En la fuente de variación Intpoda y Repetición, estadísticamente no hay significancia. Para DESFRUT, en Intpoda hay diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$), los Genotipos, Repetición y (Genotipo*Intpoda) no hay significancia. En el PESO, estadísticamente diferencias ($p \leq 0.01$) en Genotipos. En el RENDIMIENTO, estadísticamente diferente ($p \leq 0.01$) en la fuente de variación genotipo. En Intpoda, Repetición y (Genotipo*Intpoda) no hay diferencias significativas.

Cuadro 4.1. Análisis de varianza para las variables agronómicas en melón bajo condiciones de Túnel.

FV	GL	FRUTAM	DESEFRUT	PESO	REND
Repetición	2	0.197	1.287	0.211	312.45
Error a	4	1.001	0.261	0.684	1012.12
Intpoda	2	2.038	5.646 **	0.379	560.66
Genotipos	17	0.561 *	0.843	1.759 **	2602.49 **
Genotipo*Intpoda)	34	0.598 **	0.453	1.085	1604.78
Error b	102	0.325	0.535	0.778	1150.78
Total	161	4.719	9.025	4.897	7243.28
CV a%		59.965	12.511	35.853	35.853
CV b%		34.160	17.921	38.230	38.230

FV: Fuente de variación, GL: Grados de libertad. CV: Coeficiente de variación, Intpoda: intensidad de poda, FRUTAM: Frutos amarrados. DESEFRUT: Desarrollo de del fruto. PESO: Peso total en gramos (gr): REND: Rendimiento ($t\ ha^{-1}$).

En la variable FRUTAM, (Cuadro A.1) el genotipo más sobresaliente (ExL)(JxK), con un valor de la media de 2.111 y el genotipo UANMEL1 obtuvo el peor valor 1.222, Li *et al.* (2010), mencionan la importancia de frutos amarrados es cuando se maneja dos frutos por planta de melón, sin embargo un mayor número de frutos amarrados en melón es de importancia porque es reflejado en el rendimiento, Salehi *et al.* (2014), obtuvieron altos rendimientos en melón manejándolo a dos podas, por lo tanto en la interacción (Genotipo*Intpoda), (ExL)(JxK)*SPOD y UANMEL5*SPOD con valores de 2.667, son mejores, y se presentan en el Cuadro A3. En el desarrollo del fruto, DESEFRUT, donde hay diferencias estadísticas en la Intpoda, en el tratamiento sin poda SPOD obtuvo valores de 4.426 (Cuadro A2). En las variables del rendimiento el PESO del fruto el genotipo B, obtuvo los valores altos con 3.323 y los valores para I con 1.580 siendo más bajo (Cuadro A1). En el rendimiento el genotipo más sobresalientes fue B con $127.819\ t\ ha^{-1}$ y el peor I con $60.768\ t\ ha^{-1}$, trabajos reportados con el manejo de podas en diferentes genotipos manejándolo a una,

dos y hasta tres podas obtienen mejores rendimientos, un mayor número de frutos y calidad (Kong *et al.* 2008), (Chang-ping, 2009), (Tang *et al.*, 2013).

Bajío

En el análisis de varianza en el ambiente Bajío (Cuadro 4.2), en las variables FRUTAM, PESO Y REND no hay diferencias estadísticas en todas sus fuentes de variación, solo en la variable DESFRUT, en los genotipos hay diferencias estadísticas ($p \leq 0.05$). El mejor genotipo para la variable DESFRUT, BxJ con valor de 3.917 y el peor I y ExL con 2.167.

Cuadro. 4.2. Análisis de varianza para las variables agronómicas en melón en el ambiente del Bajío.

FV	GL	FRUTAM	DESRUT	PESO	REND
Repetición	2	0.089	0.886	0.235	229.710
Intpoda	2	0.040	0.519	0.149	145.430
Error a	4	0.318	0.696	0.103	100.120
Genotipo	17	0.387	2.621 *	0.461	450.170
(Intpoda*Genotipo)	34	0.180	0.528	0.123	119.740
Error b	102	0.289	1.363	0.327	319.520
Total	161	1.303	6.613	1.397	1364.690
CV a%		42.743	27.099	31.290	31.290
CV b%		40.739	37.939	55.899	55.899

FV: Fuente de variación, GL: Grados de libertad. CV: Coeficiente de variación, Intpoda: intensidad de poda, FRUTAM: Frutos amarrados. DESFRUT: Desarrollo de del fruto. PESO: Peso total en gramos (gr): REND: Rendimiento ($t\ ha^{-1}$).

Parras

En el ambiente de Parras se procedió a realizar el análisis de varianza Cuadro 4.3, donde en la variable FRUTAM, hay diferencias estadísticas en genotipo ($p \leq 0.01$), en intpod a Intpoda*Genotipo no hay diferencias. En DESFRUT, los genotipos son diferentes estadísticamente ($p \leq 0.01$), Intpoda y (Intpoda*Genotipo) no hay significancia. En el PESO y REND, en la intensidad de poda (Intpoda) y genotipo, hay diferencias estadística al ($p \leq 0.01$), pero en la (Intpoda*Genotipo) no diferencias estadística.

Cuadro. 4.3. Análisis de varianza para las variables agronómicas en melón en el ambiente de Parras.

FV	GL	FRUTAM	DESFRUT	PESO	REND
Repetición	2	0.292	1.644	0.342	593.630
Intpoda	2	0.060	0.138	1.534 **	2663.230 **
Error a	4	0.144	0.515	0.104	179.880
Genotipo	17	0.615 **	1.623 **	1.639 **	2846.060 **
(Intpoda*Genotipo)	34	0.211	0.817	0.244	423.330
Error b	102	0.288	0.559	0.316	549.430
Total	161	1.609	5.296	4.179	7255.560
CV a%		28.217	20.576	17.530	17.530
CV b%		39.949	21.444	30.638	30.638

FV: Fuente de variación, GL: Grados de libertad. CV: Coeficiente de variación, Intpoda: intensidad de poda, FRUTAM: Frutos amarrados. DESFRUT: Desarrollo de del fruto. PESO: Peso total en gramos (gr): REND: Rendimiento ($t\ ha^{-1}$).

En los valores promedios el mejor genotipo (Cuadro A7) en la variable FRUTAM, fue I con un valor de 2.000, y el peor B y (ExL) con un valor de 1.000. En DESFRUT, los mejores UANMEL1 e I con un valor de 4.111. En la variable

PESO y REND la intensidad de poda (Intpoda) la mejor forma POD2 con valor de 1.995 kg y 83.104 t ha⁻¹ y la peor SPOD con 1.659 kg y 69.125 t ha⁻¹. El mejor genotipo UANMEL1 con un PESO de 3.123 kg y REND de 130.113 t ha⁻¹ y el peor PESO y REND lo presentó el genotipo Bxl con un valor de 1.262 kg y 52.569 t ha⁻¹. Trabajos realizados por Jani y Hoxha, (2002) demostraron en sus estudios que el uso de podas aumentan el rendimiento comercial en melón, por otra parte Molina *et al*; (1999) incrementaron el rendimiento en híbridos manejando diferentes tipos de podas hasta 44.3 t ha⁻¹.

Análisis combinado de los tres ambientes

El análisis de varianza de los tres ambientes, para las cuatro variables agronómicas (Cuadro 4.4), en ambiente y genotipo estadísticamente son diferentes al ($p \leq 0.01$) en la variable FRUTAM, y en la interacción amb*gen e Intpod es al ($p \leq 0.05$). En DESFRUT, las diferencias estadísticas al ($p \leq 0.01$), en ambiente y amb*gen, en la fuente de variación genotipo y intpod con una significancia de ($p \leq 0.05$). En el PESO y REND las diferencias estadísticas al ($p \leq 0.01$), en ambiente, genotipos y amb*gen, en las fuentes de variación de intpod y la interacción gen*intpod tiene una significancia de ($p \leq 0.05$).

Cuadro 4.4. Análisis de varianza de los tres ambientes en las variables agronómicas en melón.

FV	GL	FRUTAM	DESFROT	PESO	REND
ambiente	2	6.167 **	41.225 **	68.304 **	144546.255 **
rep(amb)	6	0.193	1.284	0.263	378.597
genotipo	17	0.667 **	1.535 *	1.846 **	2671.915 **
amb*gen	34	0.448 *	1.777 **	1.007 **	1613.399 **
Intpod	2	1.045 *	2.773 *	1.386 *	2114.580 *
gen*intpod	34	0.383	0.675	0.699 *	1001.956 *
amb*intpod	4	0.546	1.771	0.338	627.364
amb*gen*intpod	68	0.303	0.560	0.376	572.949
Error	318	0.307	0.806	0.467	664.091
Total correcto	485	10.060	52.407	74.686	154191.105
CV %		38.418	25.304	39.687	39.200

FV: Fuente de variación, GL: Grados de libertad, rep: repetición, amb: ambiente, Intpod: Intensidad de poda, gen: Genotipo. CV: Coeficiente de variación. FRUTAM: Frutos amarrados. DESFRUT: Desarrollo de del fruto. PESO: Peso total en gramos (gr): REND: Rendimiento ($t ha^{-1}$).

Las medias de las variables agronómicas en los tres ambientes de estudio (Cuadro A7), el ambiente TUNEL resultó ser el mejor en las variable FRUTAM (1.668), DESFRUT (4.081), PESO (2.307 kg) y REND (88.743 $t ha^{-1}$). En el (Cuadro A6), las medias de los genotipos en los tres ambientes en las variables FRUTAM (Figura 1) el mejor material I (1.759) y el peor B (1.130), DESFRUT (Figura 2) el mejor UANMEL1 (3.972), y el peor ExK (2.972), en el PESO y REND (Figura 3 y 4) el genotipo con más sobresaliente UANMEL1 (2.296 kg y 88.362 $t ha^{-1}$) y en los más bajos rendimientos resultó el híbrido comercial CRUISER (1.377 kg y 52.752 $t ha^{-1}$). Paris *et al.*, (2008) y (Nunes *et al.*, 2011), determinaron que el crecimiento del melón influye dramáticamente en presencia de diferentes ambientes.

Cabe mencionar que en el ambiente túnel se vio favorecido por un cubierta de polietileno que aumento su temperatura y protección la cual influyó en un mayor

desarrollo del cultivo, en el trabajo realizado por Chang *et al.*, (2011) determinaron que la temperatura mínima eficaz para el crecimiento de melón fue de 10°C, la temperatura adecuada era de 34°C y el valor límite superior de 45°C, determinando una correlación positiva entre la temperatura y el crecimiento de melón en el rango de 10-45°C. La comprensión de la IGxA bajo condiciones climáticas adversas permite evaluar el comportamiento de genotipos y su estabilidad en una región con potencial de adaptación (Aspeytia *et al.*, 2015)

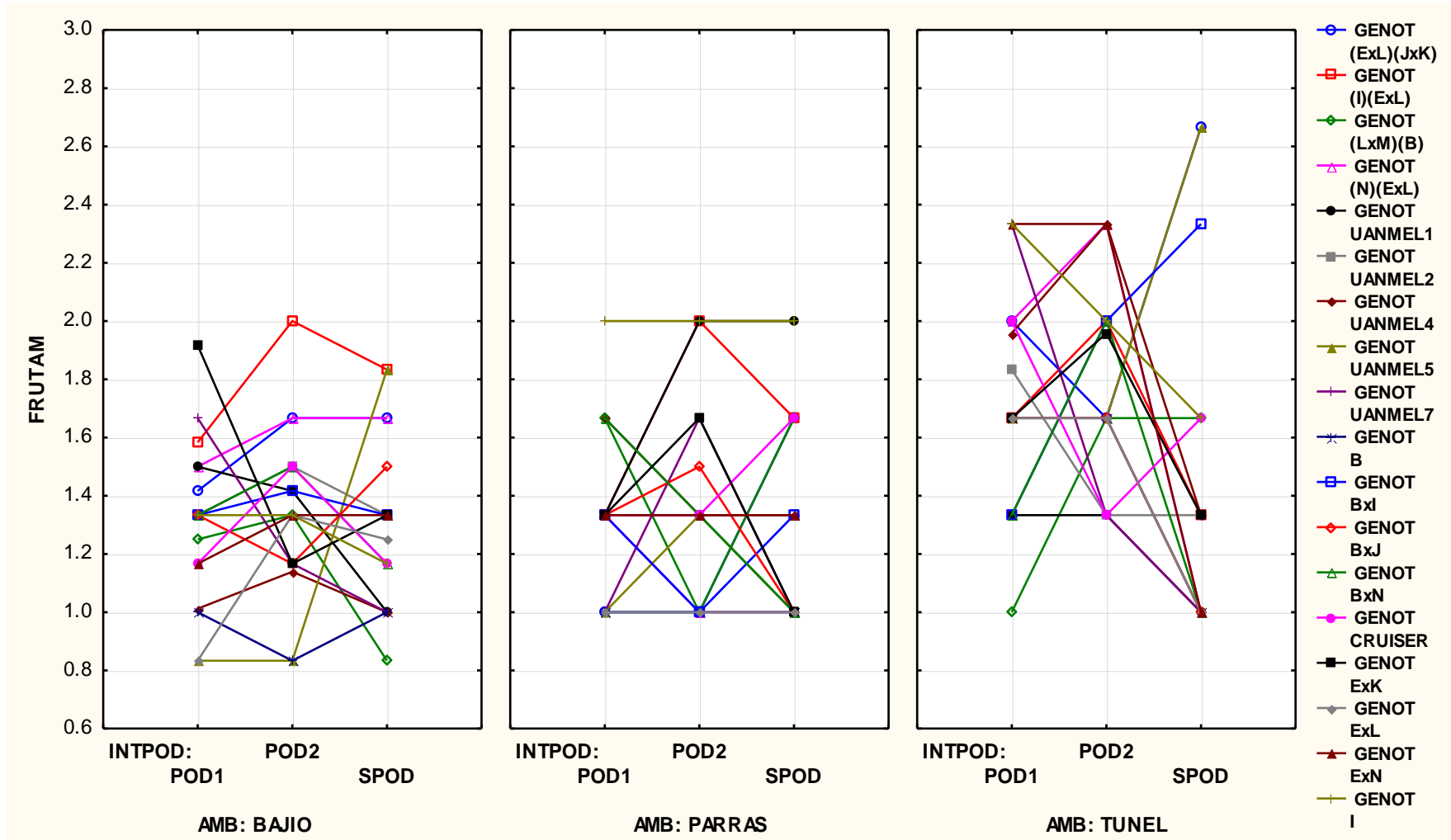


Figura 1. Medias de la variable frutos amarrados (FRUTAM) de los tres ambientes, con diferente sistema de poda en 18 genotipos de melón.

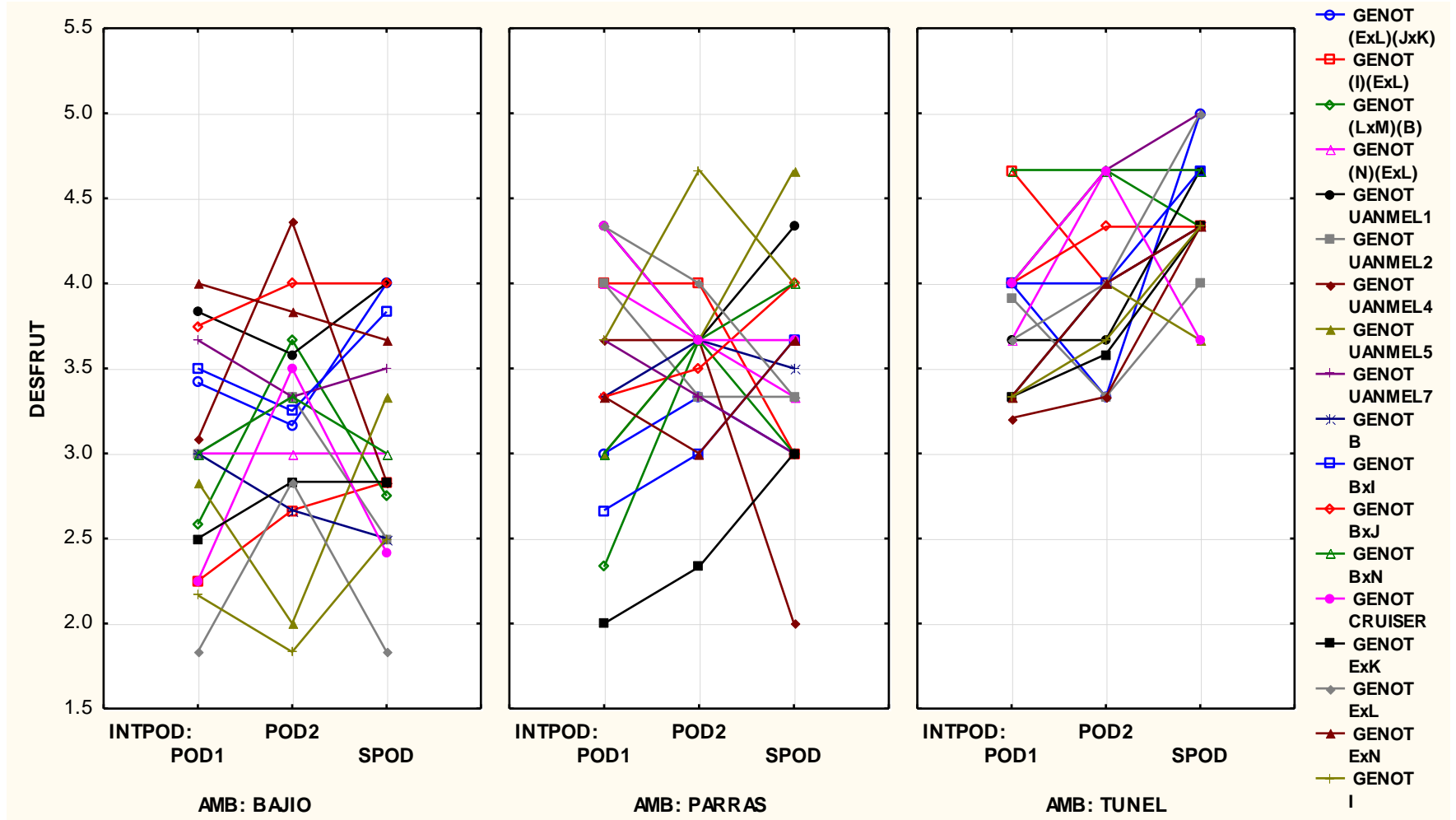


Figura 2. Medias de las variables desarrollo del fruto (DESFROT) de los tres ambientes, con diferente sistema de poda en 18 genotipos de melón.

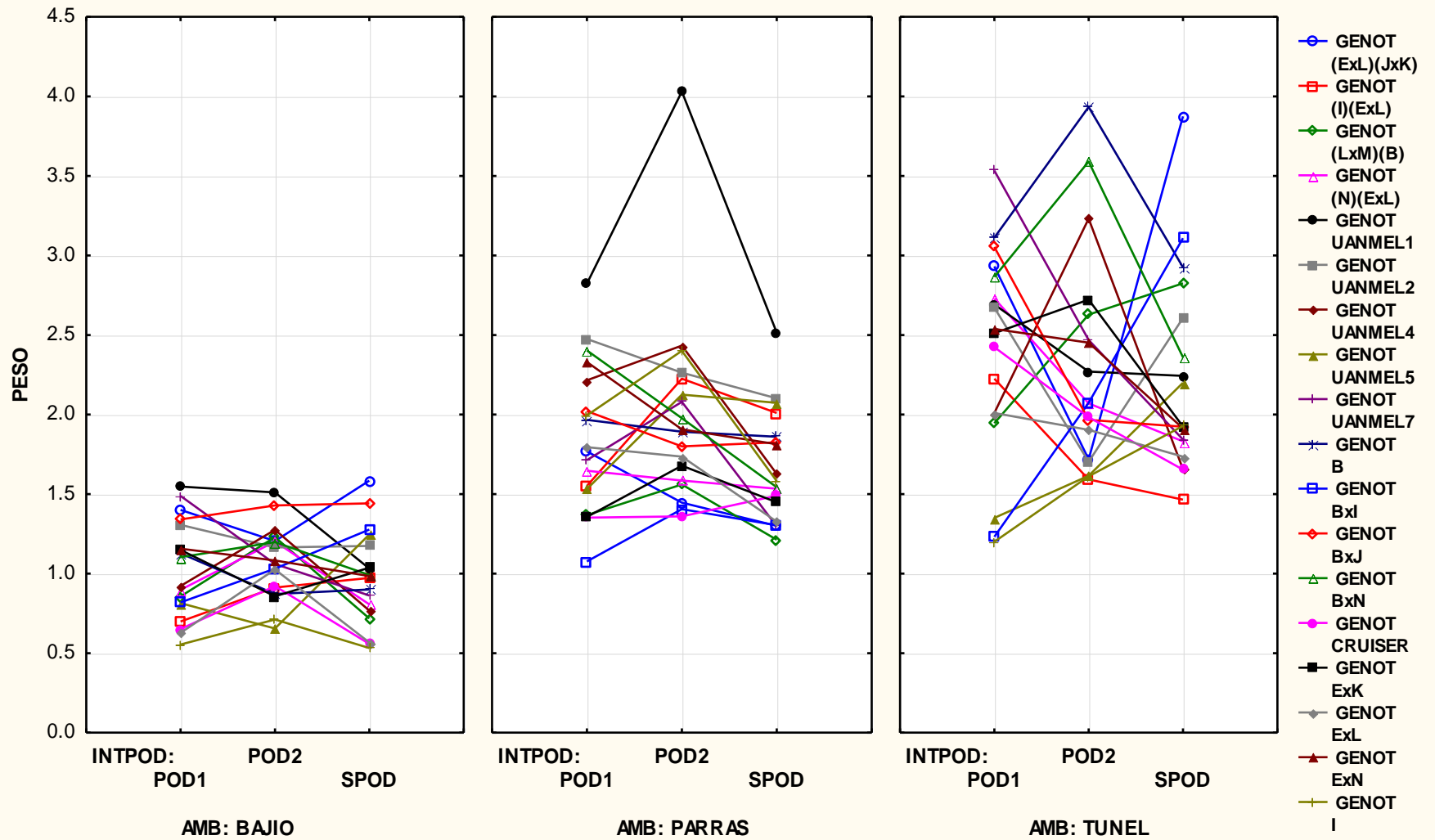


Figura 3. Medias de las variables peso de fruto (PESO) de los tres ambientes, con diferente sistema de poda en 18 genotipos de melón.

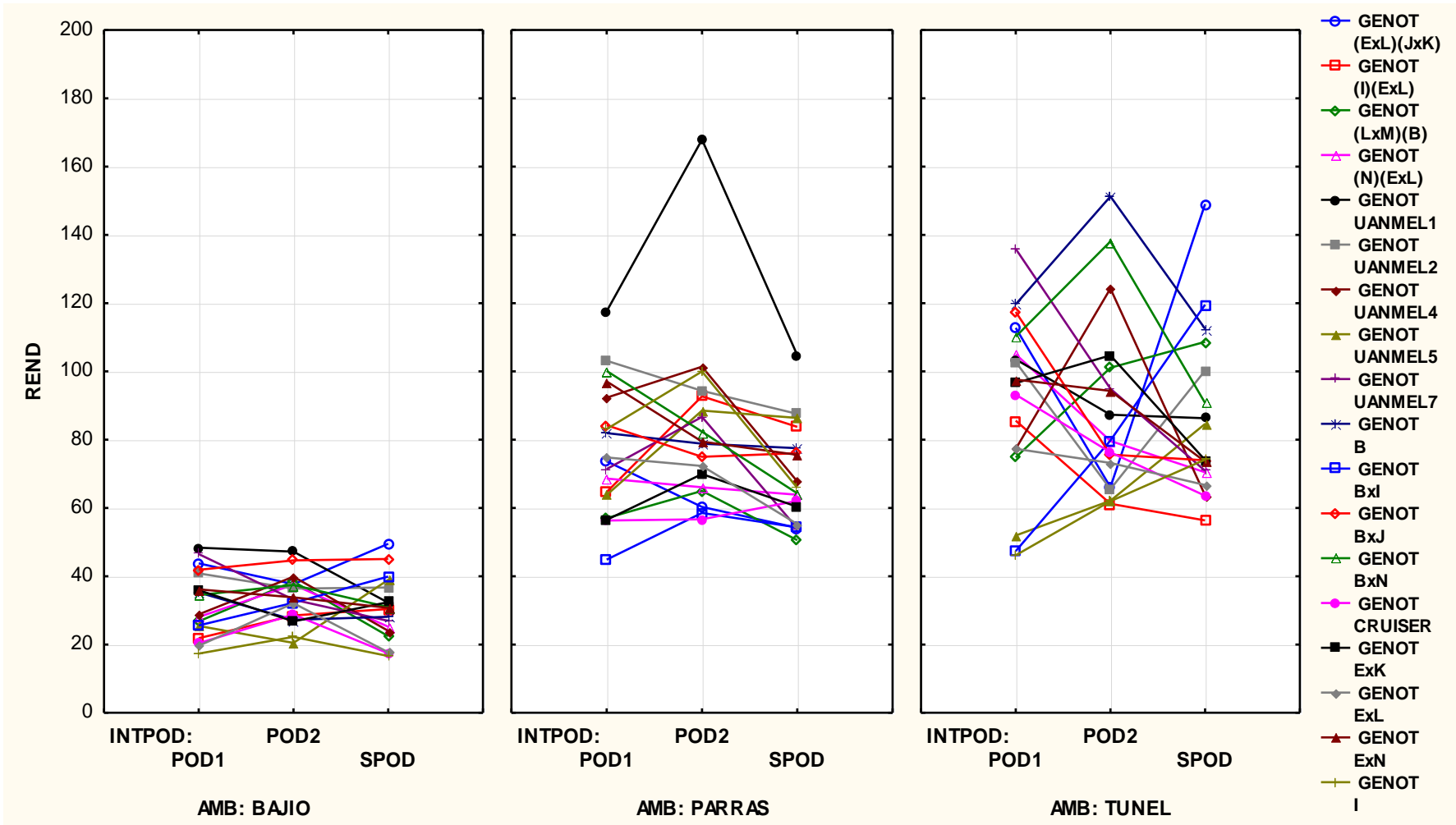


Figura 4. Medias de las variables rendimiento en toneladas por hectárea (REND) de los tres ambientes, con diferente sistema de poda en 18 genotipos de melón.

La interacción genotipo por ambiente es frecuentemente descrita como la inconsistencia del comportamiento entre genotipos desde un ambiente a otro, y cuando ésta ocurre en gran proporción reduce el progreso genético de la selección (Yang y Baker, 1991; Magari y Kang, 1993). En la interacción amb*gen Cuadro A1, los mejores valores en la variable FRUTAM fue la combinación TUNEL*(ExL)(JxK) con un valor de 2.111 y los peores resultados lo obtuvieron BAJIO*B con 0.944, en DESFRUT la interacción TUNEL*BxN obtuvieron los mejores resultados con 4.667 y los que presentaron los valores más bajos BAJIO*I y BAJIO*ExL con 2.167 y en las variables de rendimiento PESO el mejor TUNEL*B con un valor de 3.323 kg y menor BAJIO*I con 0.600 kg y REND, el mejor rendimiento por hectárea fue la combinación PARRAS*UANMEL1 con 130.113 t ha⁻¹ y el los valores bajos los obtuvieron BAJIO*I con 18.726 t ha⁻¹. Se determinó que los resultados en el ambiente BAJIO fueron los más irrelevantes esto debido a sus condiciones climáticas pues son inapropiadas para el cultivo de melón.

En la intensidad de poda en los tres ambiente (Intpod) (Cuadro A8), presenta los mejores resultados POD2, con un valor de 1.508 en la variable FRUTAM, en DESFRUT el mejor valor de 3.657 en el manejo SPOD y para PESO y REND, POD2 con un valor de 1.792 kg y 68.476 t ha⁻¹, por lo tanto los la intensidad de podas reflejan diferencias entre los genotipos y se refleja en el rendimiento (Tang *et al.*, 2013) (Salehi *et al.*, 2014). En los estudios realizados por Zongtang

et al.,(2010) recomiendan realizar solo una poda para lograr una mejor producción.

En el (Cuadro A9) se observan las medias de la interacción del genotipo por la intensidad de poda donde (ExL)(JxK)*SPOD y (I)(ExL)*POD2 presentan los mejores valores 2.000 para la variable FRUTAM, la peor interacción B*SPOD y UANMEL7*SPOD con un valor de 1.000. Para DESFRUT con el mayor valor numérico, la combinación UANMEL1*SPOD con 4.333 y el ExK*POD1 presenta los valores más bajos de 2.611 y finalmente en el PESO y REND el mejor UANMEL1*POD2 con 2.604 kg y 100.808 t ha⁻¹, los valores más bajos BxI*POD1 con 1.043 kg y 39.277 t ha⁻¹. Cabe mencionar que estudios realizados por Buwalda, *et al* (1986) registró que hay mayores rendimientos en fruto sin utilizar podas, los frutos disminuyeron a medida que el número de frutos por planta aumento, la realización podas aumento la precocidad en los materiales.

En el (cuadro A10) se observan las medias y las mejores combinaciones de la variable FRUTAM: TÚNEL*(ExI)(Jxk)*SPOD y TÚNEL*UAAANMEL5* SPOD con un valor de 2.667. DESFRUT TÚNEL*(ExI)(Jxk)*SPOD , TÚNEL* ExL* SPOD y TÚNEL*UAAANMEL7*SPOD con un valor de 5. Para las variables PESO y REND el mejor fue PARRAS* UAAANMEL1*POD2 con un valor de 4.030 kg con un rendimiento de 1667.914 th⁻¹

Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) de las Variables Agronómicas.

Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) por su gran capacidad para interpretar datos un gran número de genotipos en varios ambientes, este método es actualmente de los más usados ya que considera a los genotipos y ambientes como efectos aditivos y lineales permitiendo su estudio por medio de un análisis de varianza (ANVA), mientras que la IGxA es de efectos multiplicativos que pueden ser analizados por medio de componentes principales (Crossa *et al.*,1990)

Frutos amarrados (FRUTAM)

En esta variable se encontraron diferencias estadísticas significativas ($p \leq 0.05$), en la interacción genotipo por ambiente (Cuadro 4.4), el componente principal 1 (CP1) de la variable FRUTAM (Cuadro 4.5), el cual explica 63.3 por ciento de la interacción, en DESFRUT el CP1 está explicando un 75 por ciento, PESO, CP1 82 por ciento, REND, CP1 82.4 por ciento.

Cuadro 4.5. Cuadrados medios del análisis AMMI de los 18 genotipos de melón en los tres ambientes evaluados.

FV	GL	FRUTAM	PORCIENTO	DESFRUT	PORCIENTO
CP1	18	0.178	63.300	0.839	75.000
CP2	16	0.116	36.700	0.315	25.000
Error	426	0.319	100.000	0.775	100.000

FV: Fuente de variación, GL: Grados de libertad, CP: Componente principal.

Continua. Cuadro 4.5.

FV	GL	PESO	PORCIENTO	REND	PORCIENTO
CP1	18	0.520	82.000	836.787	82.400
CP2	16	0.128	18.000	201.439	17.600
Error	426	0.474	100.000	683.000	100.000

FV: Fuente de variación, GL: Grados de libertad, CP: Componente principal.

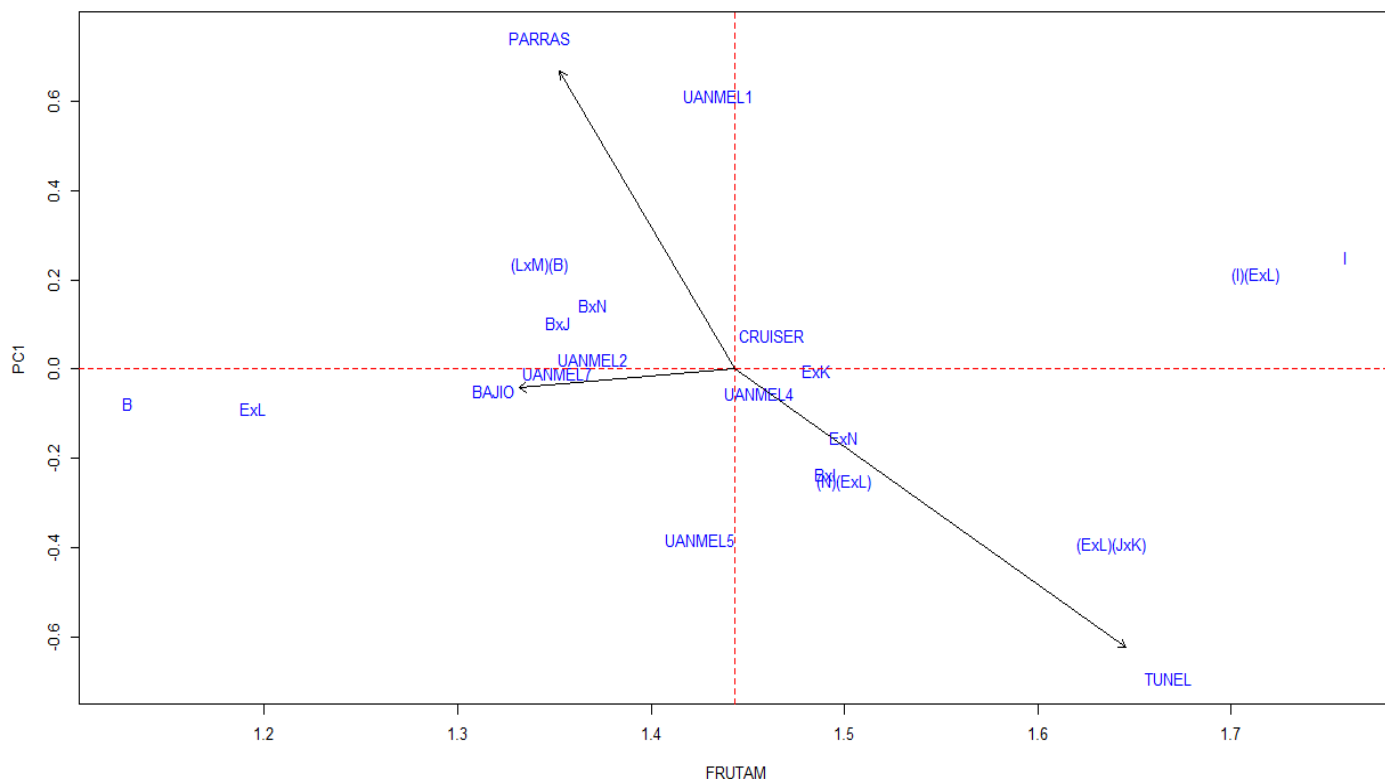


Figura 5. Distribución de los genotipos en un biplot en los tres ambientes para frutos amarrados en melón.

En la Figura 5 se observa que los tres ambientes son contrastantes. Los genotipos que mejor estabilidad para el ambiente Túnel fueron UANMEL4, ExK, ExN, BxI y (N)(ExL), en el lote del Bajío, el mejor UANMEL7 y UANMEL2 para el ambiente Parras, ninguno de los genotipos estuvo relativamente cerca del vector para considerarlo como estable para este ambiente. El mejor

genotipo UANMEL4, presentó mayor estabilidad de acuerdo al biplot, considerando su cercanía al centro de la gráfica.

Desarrollo de frutos (DESFROT)

Se encontraron diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$), en la interacción ambiente*genotipo Cuadro 4.4, el componente principal 1 está explicando un 75.000 por ciento de la varianza (Cuadro 4.5).

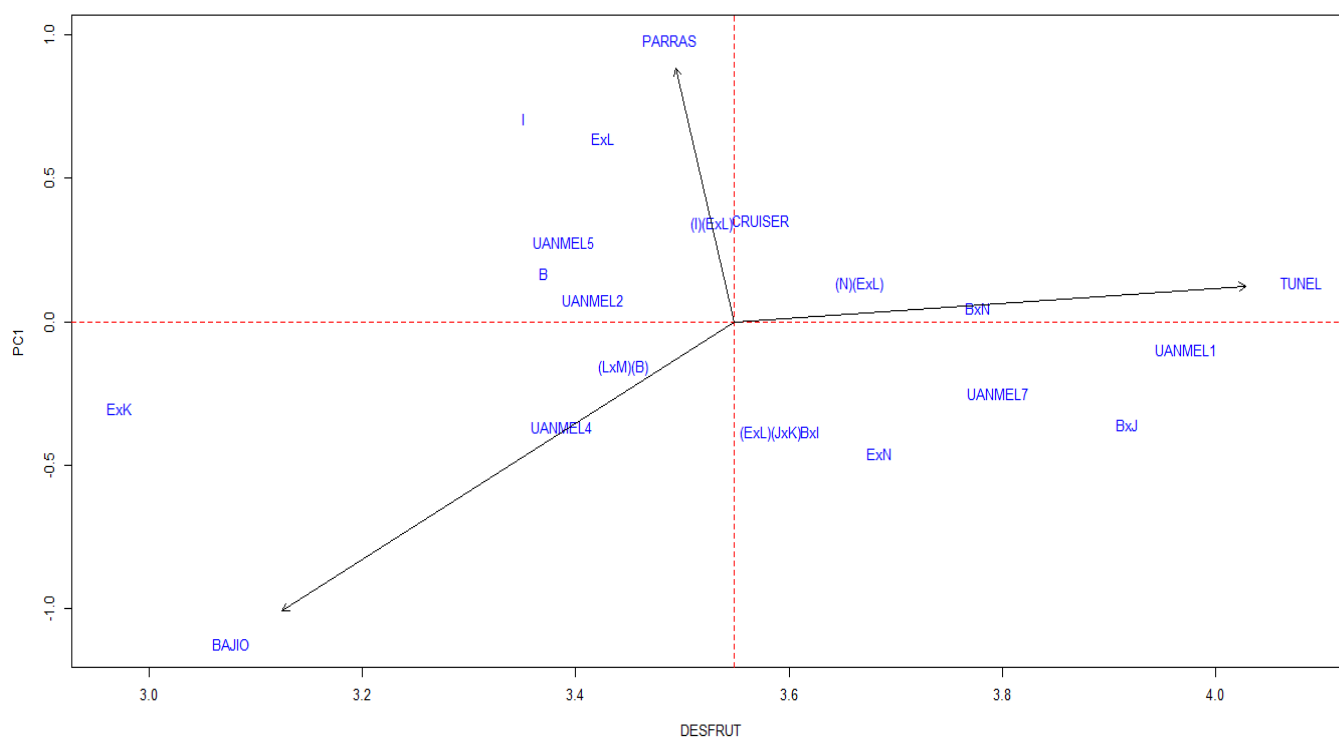


Figura 6. Distribución de los genotipos en un biplot en los tres ambientes para desarrollo de fruto de melón.

En la Figura 6, los mejores genotipos para el ambiente Tunel, BxN y (N)(ExL), mostraron mayor estabilidad. En el Bajío fueron el (UANMEL4) y (LxM)(B) y para Parras, (I)(ExL) y CRUISER. En desarrollo del fruto no se observa

cercanía al centro de ninguno de los genotipos presentando inestabilidad para los tres ambientes, pues cada genotipo se comportó de manera diferentes en cada uno de los cuadrantes en el biplot.

Peso fruto (PESO) y rendimiento

En esta variable Cuadro 4.4, estadísticamente se encontró significancia al $p \leq 0.01$ en la interacción ambiente*genotipo, en el cuadro 4.5 el componente principal 1 presenta un 82.0 por ciento a la varianza en peso y para rendimiento 82.400.

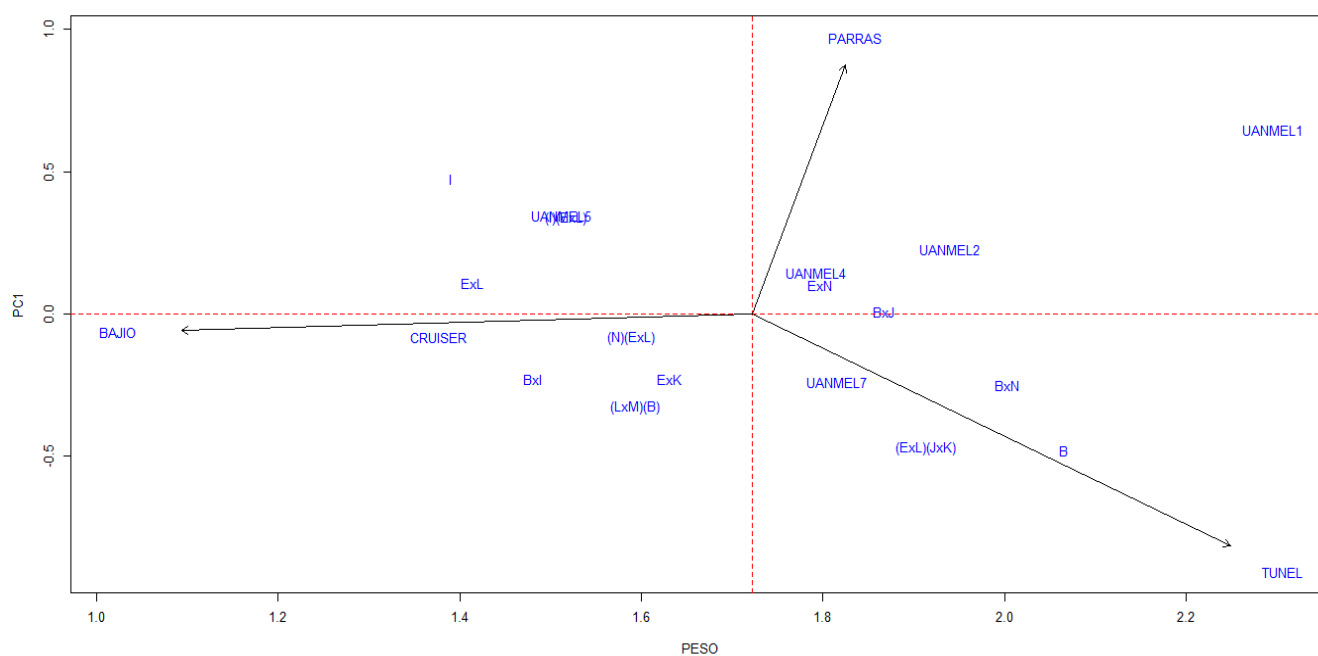


Figura 7. Distribución de los genotipos en un biplot en los tres ambientes para peso del fruto de melón.

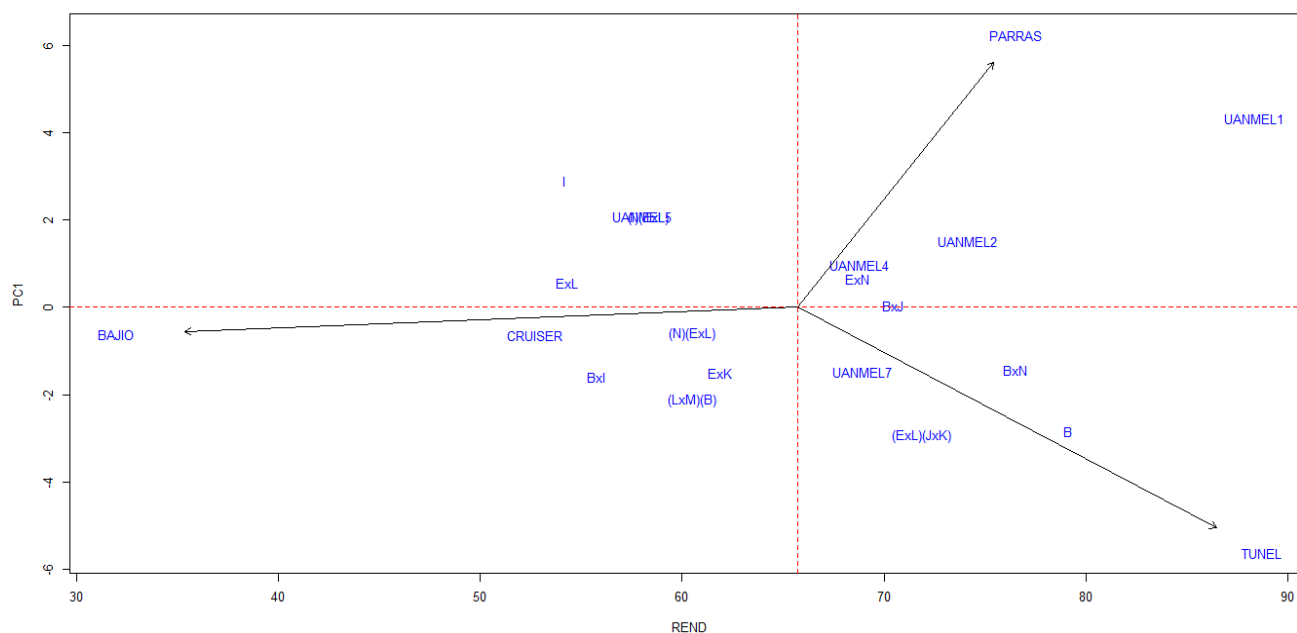


Figura 8. Distribución de los genotipos en un biplot en los tres ambientes para rendimiento de melón.

Figura 7 y 8, se observan la distribución de los genotipos de acuerdo a los diferentes ambiente, en el Túnel los mejores genotipos fueron UANMEL7, (ExL)(JxK), BxN y B, presentaron estabilidad por estar más próximo al vector en el ambiente Túnel. En el Bajío los mejores fueron (ExL), CRUISER y (N)(ExL) presentaron mayor estabilidad, Parras el genotipo UANMEL4 y ExN son los más próximos al vector, con esta técnica de análisis multivariado podemos identificar los mejores genotipos con altos rendimientos y de calidad (Feyzian *et al* 2009) (Nunes *et al.*, 2011), que el análisis AMMI permite el estudio de la contribución de la interacción genotipo ambiente para la selección de genotipo de melón.

V. CONCLUSIÓN

El manejo de los genotipos con podas en diferentes ambientes, permitió obtener características favorables para su selección y su continuo mejoramiento para su posible liberación. Cabe destacar que la mayoría de los genotipos fueron sobresalientes al compararlos con el testigo comercial Cruiser F1. La importancia de un programa de mejoramiento tradicional aunado al sistema de podas puede ser una alternativa favorable reflejada en el rendimiento, teniendo además que el uso de podas mejora la productividad y hace más rentable el cultivo del melón.

VII. REFERENCIAS

- Aspeytia, D. S., Escalante, F. B., Villa, V. M. Z., Chaparro, J. D. S., & Reyes, F. C. (2015). Estimación de la interacción genotipo-ambiente en tomate (*Solanum lycopersicum* L.) con el modelo AMMI. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 6(4), 763-778.
- Akashi, Y., Fukuda, N., Wako, T., Masuda, M., & Kato, K. (2002). Genetic variation and phylogenetic relationships in East and South Asian melons, *Cucumis melo* L., based on the analysis of five isozymes. *Euphytica*, 125(3), 385–396. doi:10.1023/A:1016086206423
- Bisognin, D. 2002. Origin and evolution of cultivated cucurbits. *Ciencia Rural*, 32(1990),715723.Retrievedfromhttp://www.scielo.br/scielo.php?pid=S010384782002000400028&script=sci_arttext&tlng=es
- Buwalda, J. G., & Freeman, R. E. (1986). Melons: effects of vine pruning and nitrogen on yields and quality. *New Zealand journal of experimental agriculture*, 14(3), 355-359.
- Chang-ping, Q. I. A. O. 2009. Effects of Pruning Type and Fruit Number on Leaf Development and Fruit Production of Muskmelon [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 5, 048.
- Comstock, R. E.; Moll, R. H. 1963. Genotype-environment interaction. In: Hanson WD, Robinson RF (eds) *Statistical genetics and plant breeding*. Publ. 982. National Academy of Science—National Research Council, Washington, DC, pp 164–196.
- Cornelius, P. L.; Crossa, J. y Seyedsadr, M. S. 1996. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. En: S. Manjit, H. G. Kang y J. R. Gauch (eds.). *Genotype by Environment Interaction.*, p. 199-233.
- Crossa, J.,H.G. Gauch, y R.W. Zobel. 1990. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Science*. 30: 493-500.

- Chang, Z. T., Li, S. Y., Du, J. Z., Si, L. Z., Yuan, W. L., Zhang, H., & Li, L. K. 2010. Pruning Method of Melon Production in Sunny Greenhouse During Winter-spring Season [J]. *China Cucurbits and Vegetables*, 1, 005.
- Chang, L., He, S., Chi, M., & Huang, D. (2011). Temperature-driven growth shape simulation and model of greenhouse melon leaves. *Mathematical and Computer Modelling*, 54(3), 1175-1180
- Denis, J. B. y Gower, J. C. 1994. Biadditive models. *Biometrics*, vol. 50, p. 310-311.
- Denis, J. B. 1991. Ajustements de modèles linéaires et bilinéaires sous contraintes linéaires avec données manquantes. *Revue de Statistique Appliquée*, vol. 29, no. 2, p. 5-24.
- FAOSTAT (En línea) Organización de las Naciones Unidas para Agricultura y Alimentación. 2013. (Acceso en 26 de septiembre 2015). Disponible en Internet; <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/E>
- Feyzian, E., Dehghani, H., Rezai, A. M., & Javaran, M. J. 2009. Diallel cross analysis for maturity and yield-related traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Euphytica*, 168(2), 215-223.
- Feyzian, E., Dehghani, H., Rezai, A. M., & Jalali, M. 2009. Correlation and sequential path model for some yield-related traits in melon (*Cucumis melo* L.). *J. Agric. Sci. Technol*, 11, 341-353.
- Gabriel, K. R. 1978. Least squares approximation of matrices by additive and multiplicative models. *Journal of the Royal Statistical Society*, vol. 40, p. 186-196.
- Gauch, H. G. 1988. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics*, 1988, vol. 44, p. 705-715.
- Gauch, H. G. y Zobel, R. W. 1989. Accuracy and selection success in yield trial analyses'. *Theoretical and Applied Genetics*. vol. 77, p. 473-481.
- Giaconi, V, Escafe, M 1997. Cultivo de hortalizas, 12 ed. Santiago de Chile, Chile. Ed. Universitaria. P.336.

- Girek, Z., Prodanović, S., Živanović, T., Zdravković, J., Đorđević, M., Adžić, S., & Zdravković, M. 2013. Analysis of GxE interaction by using AMMI model in melon breeding. *Zbornik naučnih radova Instituta PKB Agroekonomik*, 19(1-2), 165-174.
- González, M. E.; Estévez, A.; Castillo, J. G.; Salomón, J. L.; Varela, M.; Ortiz, U. y Ortiz, E. 2003. Análisis de la estabilidad genotípica en el cultivo de la papa (*Solanum tuberosum* L.) mediante las representaciones biplots. *Cultivos Tropicales*, vol. 24, no. 1, p 81-84.
- Jani, S., & Hoxha, S. (2002). The Effect of Plant Pruning on Production of Melon Grown under PVC Greenhouse Conditions. *ACTA HORTICULTURAE*, 377-384.
- Jett, L. W. (2006). High tunnel melon and watermelon production. University of Missouri Extension.
- Kirkbride, J.H. Jr.(1993) Biosystematic monograph of the genus *Cucumis* (Cucurbitaceae). North Carolina: Parkway, Boone, 1993. 159p
- Kroon, G.H., Custers, J.B.M., KHO, Y.O., et al.(1979) Interspecific hybridization in *Cucumis* (L.). I. Need for genetic variation, biosystematic relations and possibilities to overcome crossability barriers. *Euphytica*, v.28, p.723-728,
- Kong, X., Li, J., Xu, R., Xiao, R., & Cao, B. 2008. Effects of pruning and fruit thinning on yields and quality of melon [J]. *China Cucurbits and Vegetables*, 1, 008.
- Lardizabal, C. 2003. Determinación agroeconómica del efecto de los niveles de nutrición y su interacción con cuatro sistemas de poda en el cultivo del melón bajo condiciones de macrotúnel en El Zamorano, Honduras. Tesis Ing. Agr. Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano, Honduras
- Li, L., Li, Y., & Cheng, Z. (2010). Effects of Different Fruit Thinning Methods on Growth, Development, Yield and Quality of Muskmelon Cultivated in Autumn [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 6, 035.

- Mallick, M. F. R., & Masui, M. (1986). ORIGIN , DISTRIBUTION AND TAXONOMY OF MELONS Most reports on melons are concerned with studies conducted to cater to the local needs of melon growers . Some authors have expressed their philo- sophical views . Many of them have a " blind men and elephant. *Scientia Horticulturae*, 28, 251–261.
- Magari, R. and M. Kang. 1993. Genotype selection via a new yield stability statistic in maize yield trials. *Euphytica* 70:105-111.
- Mateo, F. A. (2004). Efecto de tres sistemas radicales y tres tipos de poda en la productividad del melón bajo condiciones de macrotúnel en Zamorano, Honduras.
- Montes, A.1996. Cultivo de hortalizas en el trópico. Escuela Agrícola Panamericana, Honduras, p.108.
- Molina Vivaracho, S., Duque Vallejo, A., & Hoyos Echevarría, P. (1999). [Response to pruning of different cultivars of toad skin melon in outdoor cropping]. In 28. *Seminario de Técnicos y Especialistas en Horticultura, Valencia (España), 20-25 Abr 1998*. MAPA.
- Nunes, G., Neto, A., De Carvalho, R., Costa Filho, J., & Melo, S. 2011. Influence of environmental variables on genotype by environment interaction in melon. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33(4), 1194-1199.
- Nunes, G. H. de S., Andrade Neto, R. de C., Costa Filho, J. H. da, & Melo, S. B. de. (2011). Influência de variáveis ambientais sobre a interação genótipos x ambientes em meloeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33(4), 1194–1199. doi:10.1590/S0100-29452011000400018
- Nunes, G. H. S., Santos Júnior, H., Grangeiro, L. C., Bezerra Neto, F., Dias, C. T. S., & Dantas, M. S. M. (2011). Phenotypic stability of hybrids of Gália melon in Rio Grande do Norte state, Brazil. *Anais Da Academia Brasileira de Ciências*, 83(4), 1421–1434. doi:10.1590/S0001-37652011005000034
- Paris, M., Zalapa, J., McCreight, J., & Staub, J. (2008). Genetic dissection of fruit quality components in melon (*Cucumis melo* L.) using a RIL population derived from exotic x elite US Western Shipping germplasm. *Molecular Breeding*, 22(3), 405–419. doi:10.1007/s11032-008-9185-3

- Pereira F.H.F., Nogueira I.C.C. Pedrosa J:F.,Nogueiros M.Z., Neto F.B (2003). Poda de haste principal e densidades de cultivo na producto e qualidade de frutos em hibridos de malao. UFV, Adepto . Fitotecnia, Vicoso. Brasil.
- Ramachandran, C., Narayan, R.K.J.(1985) Chromosomal DNA variation in Cucumis. *Theor Appl Genet*, v.69, p.497- 502
- R Core Team. 2013. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <http://www.R-project.org/>.
- Reche, M. J. 1996. Poda de hortalizas en invernadero (calabacín, melón, pepino y sandía). Agente de extensión agraria. Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación, Madrid, España. p. 32. ISBN-10: 8449102596.
- Robinson, R.W., D.S. Decker-Walters.(1997) Cucurbits. New York Cab International, 1997. 226p. (Crop Production Science in Horticulture n°.6).
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). SAGARPA. 2014. Cierre de la producción agrícola por cultivo 2014. (<http://www.siap.sagarpa.gob.mx>). (Acceso 27 de septiembre 2015).
- Salehi, R., Kashi, A., Lee, J. M., & Javanpour, R. (2014). Mineral Concentration, Sugar Content and Yield of Iranian 'Khatooni'Melon Affected by Grafting, Pruning and Thinning. *Journal of Plant Nutrition*, 37(8), 1255-1268. doi:10.1080/01904167.2014.888740
- Tang, M., Zhao, H. F., Bie, Z. L., Xie, J. J., Yi, H. P., Ren, J., Du, N., & Sun, Y. H. (2013). Effects of Different Pruning Methods on Plant Growth and Fruit Quality of Melon. *Hubei Agricultural Sciences*, 5, 025.
- Tukey, J. W. 1949. One degree of freedom for non-additivity. *Biometrics*, 1949, vol. 5, p. 232-242.
- USDA .2014. United States Department of Agriculture. Plants classification. <http://plants.usda.gov/java/> Revisado. 2014.

Van Eeuwijk, F. A. 1995. Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials: I. An inventory of models. *Euphytica*, vol. 84, p. 1-7.

Van Eeuwijk, F. A. y Kroonenberg, P. M. 1998. Multiplicative models for interaction in three-way ANOVA, with applications to plant breeding. *Biometrics*, , vol. 54, p. 1315-1333.

Yang, R. and R. Baker. 1991. Genotype – environment interactions in two wheat crosses. *Crop Sci.* 31:83-87.

Zongtang, C., Shengyin, L., & Du Junzhi, N. A. (2010). Pruning method of melon production in sunny greenhouse during. *China Cucurbits and Vegetables*.

VIII. APÉNDICE

Cuadro. A1. Medias de los genotipos de melón en los tres ambientes, en las variables agronómicas.

AMBIENTE	GENOTIPO	FRUTAM	Dev std	DESFROT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
BAJIO	(ExL)(JxK)	1.583	0.586	3.528	1.107	1.397	0.679	43.637	21.217
BAJIO	(I)(ExL)	1.806	0.635	2.583	1.118	0.861	0.527	26.915	16.483
BAJIO	(LxM)(B)	1.139	0.453	3.000	1.125	0.935	0.449	29.214	14.048
BAJIO	(N)(ExL)	1.611	0.220	3.000	1.061	0.969	0.632	30.276	19.758
BAJIO	B	0.944	0.391	2.722	1.805	0.967	0.805	30.203	25.159
BAJIO	BxI	1.361	0.417	3.528	0.712	1.043	0.576	32.580	18.006
BAJIO	BxJ	1.333	0.354	3.917	0.810	1.404	0.381	43.865	11.912
BAJIO	BxN	1.333	0.661	3.111	1.219	1.098	0.614	34.299	19.186
BAJIO	CRUISER	1.278	0.507	2.722	1.128	0.711	0.442	22.205	13.796
BAJIO	ExK	1.472	0.565	2.722	1.064	1.014	0.532	31.696	16.619
BAJIO	ExL	1.139	0.486	2.167	0.866	0.741	0.312	23.141	9.767
BAJIO	ExN	1.278	0.363	3.833	0.612	1.075	0.289	33.575	9.026
BAJIO	I	1.278	0.712	2.167	0.935	0.600	0.505	18.726	15.785
BAJIO	UANMEL1	1.306	0.391	3.806	0.635	1.363	0.358	42.601	11.199
BAJIO	UANMEL2	1.389	0.601	2.944	1.488	1.215	0.660	37.965	20.618
BAJIO	UANMEL4	1.050	0.303	3.426	1.308	0.989	0.424	30.888	13.256
BAJIO	UANMEL5	1.167	0.750	2.722	0.833	0.905	0.387	28.281	12.084
BAJIO	UANMEL7	1.278	0.363	3.500	0.354	1.137	0.435	35.530	13.603
PARRAS	(ExL)(JxK)	1.222	0.441	3.111	0.782	1.505	0.379	62.707	15.782
PARRAS	(I)(ExL)	1.667	0.707	3.667	0.866	1.929	0.703	80.369	29.287
PARRAS	(LxM)(B)	1.444	0.527	3.000	0.866	1.381	0.462	57.522	19.255
PARRAS	(N)(ExL)	1.111	0.333	3.667	0.707	1.588	0.445	66.179	18.537
PARRAS	B	1.000	0.000	3.500	0.707	1.906	0.144	79.420	5.985
PARRAS	BxI	1.222	0.441	3.111	0.928	1.262	0.572	52.569	23.818
PARRAS	BxJ	1.278	0.441	3.611	0.486	1.882	0.410	78.425	17.086
PARRAS	BxN	1.333	0.500	3.556	0.726	1.974	0.731	82.267	30.437
PARRAS	CRUISER	1.444	0.726	3.889	0.782	1.401	0.336	58.356	13.982
PARRAS	ExK	1.333	0.500	2.444	0.527	1.494	0.469	62.268	19.526
PARRAS	ExL	1.000	0.000	3.889	1.054	1.619	0.358	67.453	14.922
PARRAS	ExN	1.333	0.500	3.333	0.707	2.017	0.529	84.027	22.022
PARRAS	I	2.000	0.000	4.111	0.601	1.992	0.683	83.008	28.457
PARRAS	UANMEL1	1.778	0.972	4.111	0.928	3.123	0.963	130.113	40.137
PARRAS	UANMEL2	1.222	0.441	3.556	0.726	2.280	0.586	94.999	24.407
PARRAS	UANMEL4	1.444	0.527	3.111	1.167	2.092	0.625	87.151	26.025
PARRAS	UANMEL5	1.111	0.333	3.778	0.833	1.910	0.609	79.582	25.378
PARRAS	UANMEL7	1.222	0.667	3.333	0.500	1.697	0.506	70.702	21.063
TUNEL	(ExL)(JxK)	2.111	0.782	4.111	0.928	2.842	1.333	109.289	51.276
TUNEL	(I)(ExL)	1.667	0.500	4.333	0.707	1.761	0.593	67.713	22.801
TUNEL	(LxM)(B)	1.444	0.527	4.333	0.500	2.466	0.912	94.849	35.090

TUNEL	(N)(ExL)	1.778	0.972	4.333	0.707	2.211	0.589	85.020	22.645
TUNEL	B	1.444	0.527	3.889	0.601	3.323	0.924	127.819	35.538
TUNEL	BxI	1.889	0.782	4.222	0.833	2.138	1.023	82.221	39.333
TUNEL	BxJ	1.444	0.527	4.222	0.667	2.314	0.952	89.016	36.607
TUNEL	BxN	1.444	0.527	4.667	0.500	2.938	0.744	113.011	28.603
TUNEL	CRUISER	1.667	0.707	4.111	0.782	2.020	1.012	77.696	38.932
TUNEL	ExK	1.653	0.491	3.750	0.829	2.386	0.791	91.776	30.429
TUNEL	ExL	1.444	0.527	4.222	0.972	1.883	0.692	72.414	26.615
TUNEL	ExN	1.889	0.782	3.889	0.601	2.301	0.724	88.499	27.828
TUNEL	I	2.000	0.707	3.778	0.667	1.580	0.448	60.768	17.217
TUNEL	UANMEL1	1.222	0.441	4.000	1.118	2.402	1.400	92.371	53.837
TUNEL	UANMEL2	1.500	0.500	3.750	0.661	2.327	1.062	89.516	40.850
TUNEL	UANMEL4	1.875	0.599	3.625	0.857	2.299	1.072	88.435	41.228
TUNEL	UANMEL5	2.000	0.866	3.667	0.866	1.722	0.614	66.217	23.634
TUNEL	UANMEL7	1.556	0.726	4.556	0.726	2.615	0.941	100.575	36.187

Cuadro. A2. Medias de la intensidad de poda en melón en los ambientes del Bajío, Parras y Túnel, en las variables agronómicas.

AMBIENTE	intpod	FRUTAM	Dev std	DESFRUT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
Bajío	POD1	1.306	0.494	2.981	1.117	1.026	0.511	32.052	15.958
Bajío	POD2	1.350	0.550	3.177	1.052	1.075	0.546	33.580	17.055
Bajío	SPOD	1.301	0.526	3.074	1.239	0.970	0.560	30.301	17.516
Parras	POD1	1.333	0.476	3.444	0.861	1.855	0.665	77.290	27.705
Parras	POD2	1.380	0.557	3.546	0.859	1.995	0.773	83.104	32.201
Parras	SPOD	1.315	0.609	3.472	0.860	1.659	0.522	69.125	21.756
Túnel	POD1	1.766	0.572	3.785	0.809	2.391	1.053	91.951	40.503
Túnel	POD2	1.794	0.655	4.032	0.752	2.307	0.997	88.743	38.345
Túnel	SPOD	1.444	0.718	4.426	0.662	2.223	0.845	85.507	32.501

Cuadro. A3. Medias de la interacción (Intpoda)(Genotipo), en melón en el ambiente túnel, en las variables agronómicas.

GENOTIPO	INTPOD	FRUTAM	Dev std	DESFRUT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
(ExL)(JxK)	POD1	2.000	0.000	4.000	1.000	2.932	1.626	112.755	62.535
(ExL)(JxK)	POD2	1.667	1.155	3.333	0.577	1.718	0.891	66.089	34.275
(ExL)(JxK)	SPOD	2.667	0.577	5.000	0.000	3.875	0.408	149.023	15.676
(I)(ExL)	POD1	1.667	0.577	4.667	0.577	2.225	0.859	85.576	33.023
(I)(ExL)	POD2	2.000	0.000	4.000	1.000	1.592	0.374	61.217	14.393
(I)(ExL)	SPOD	1.333	0.577	4.333	0.577	1.465	0.177	56.345	6.796
(LxM)(B)	POD1	1.000	0.000	4.000	0.000	1.945	0.143	74.807	5.504
(LxM)(B)	POD2	1.667	0.577	4.667	0.577	2.628	1.526	101.088	58.693
(LxM)(B)	SPOD	1.667	0.577	4.333	0.577	2.825	0.583	108.652	22.434
(N)(ExL)	POD1	2.000	0.000	3.667	0.577	2.730	0.520	104.999	19.989

(N)(ExL)	POD2	2.333	1.528	4.667	0.577	2.070	0.635	79.614	24.415
(N)(ExL)	SPOD	1.000	0.000	4.667	0.577	1.832	0.253	70.448	9.715
B	POD1	1.667	0.577	3.333	0.577	3.112	1.220	119.678	46.931
B	POD2	1.667	0.577	4.000	0.000	3.933	0.920	151.280	35.386
B	SPOD	1.000	0.000	4.333	0.577	2.925	0.465	112.498	17.884
BxI	POD1	1.333	0.577	4.000	1.000	1.232	0.223	47.371	8.562
BxI	POD2	2.000	0.000	4.000	1.000	2.073	0.653	79.742	25.118
BxI	SPOD	2.333	1.155	4.667	0.577	3.108	1.028	119.550	39.535
BxJ	POD1	1.667	0.577	4.000	1.000	3.053	0.860	117.434	33.094
BxJ	POD2	1.667	0.577	4.333	0.577	1.967	1.235	75.640	47.509
BxJ	SPOD	1.000	0.000	4.333	0.577	1.923	0.357	73.973	13.740
BxN	POD1	1.333	0.577	4.667	0.577	2.865	0.230	110.191	8.832
BxN	POD2	2.000	0.000	4.667	0.577	3.590	0.637	138.075	24.482
BxN	SPOD	1.000	0.000	4.667	0.577	2.360	0.779	90.768	29.979
CRUISER	POD1	2.000	1.000	4.000	1.000	2.423	1.553	93.204	59.736
CRUISER	POD2	1.333	0.577	4.667	0.577	1.984	0.640	76.294	24.600
CRUISER	SPOD	1.667	0.577	3.667	0.577	1.653	0.911	63.589	35.029
ExK	POD1	1.667	0.577	3.333	0.577	2.512	0.655	96.601	25.192
ExK	POD2	1.958	0.072	3.583	0.520	2.722	0.499	104.691	19.180
ExK	SPOD	1.333	0.577	4.333	1.155	1.925	1.146	74.037	44.091
ExL	POD1	1.667	0.577	3.667	1.155	2.010	1.324	77.307	50.924
ExL	POD2	1.667	0.577	4.000	1.000	1.903	0.186	73.204	7.147
ExL	SPOD	1.000	0.000	5.000	0.000	1.735	0.265	66.730	10.192
ExN	POD1	2.333	0.577	3.333	0.577	2.538	1.248	97.627	48.013
ExN	POD2	2.333	0.577	4.000	0.000	2.452	0.093	94.294	3.558
ExN	SPOD	1.000	0.000	4.333	0.577	1.913	0.427	73.576	16.440
I	POD1	2.333	0.577	3.333	0.577	1.200	0.558	46.153	21.465
I	POD2	2.000	1.000	3.667	0.577	1.612	0.116	61.986	4.458
I	SPOD	1.667	0.577	4.333	0.577	1.928	0.277	74.166	10.639
UANMEL1	POD1	1.333	0.577	3.667	1.528	2.692	2.281	103.524	87.746
UANMEL1	POD2	1.333	0.577	3.667	1.155	2.270	1.226	87.307	47.148
UANMEL1	SPOD	1.000	0.000	4.667	0.577	2.243	0.970	86.281	37.291
UANMEL2	POD1	1.833	0.289	3.917	1.010	2.672	0.302	102.781	11.632
UANMEL2	POD2	1.333	0.577	3.333	0.577	1.703	1.193	65.512	45.874
UANMEL2	SPOD	1.333	0.577	4.000	0.000	2.607	1.456	100.255	55.982
UANMEL4	POD1	1.958	0.072	3.208	0.361	2.010	0.278	77.294	10.686
UANMEL4	POD2	2.333	0.577	3.333	0.577	3.232	1.521	124.293	58.483
UANMEL4	SPOD	1.333	0.577	4.333	1.155	1.657	0.397	63.717	15.275
UANMEL5	POD1	1.667	0.577	3.333	0.577	1.350	0.260	51.922	10.000
UANMEL5	POD2	1.667	0.577	4.000	1.000	1.615	0.476	62.115	18.316
UANMEL5	SPOD	2.667	1.155	3.667	1.155	2.200	0.805	84.614	30.972
UANMEL7	POD1	2.333	0.577	4.000	1.000	3.533	0.531	135.895	20.437
UANMEL7	POD2	1.333	0.577	4.667	0.577	2.468	1.033	94.934	39.744
UANMEL7	SPOD	1.000	0.000	5.000	0.000	1.843	0.016	70.896	0.618

Cuadro. A4. Medias de la interacción (Intpoda*Genotipo), en melón en el ambiente bajo, en las variables agronómicas.

GENOTIPO	intpod	FRUTAM	Dev std	DESFRUT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
(ExL)(JxK)	POD1	1.417	0.382	3.417	1.507	1.400	0.722	43.761	22.547
(ExL)(JxK)	POD2	1.667	0.764	3.167	1.041	1.205	0.657	37.646	20.542
(ExL)(JxK)	SPOD	1.667	0.764	4.000	1.000	1.585	0.885	49.505	27.653
(I)(ExL)	POD1	1.583	0.804	2.250	0.901	0.699	0.537	21.839	16.800
(I)(ExL)	POD2	2.000	0.500	2.667	1.528	0.912	0.708	28.511	22.114
(I)(ExL)	SPOD	1.833	0.764	2.833	1.258	0.973	0.510	30.396	15.961
(LxM)(B)	POD1	1.250	0.433	2.583	1.010	0.857	0.322	26.766	10.068
(LxM)(B)	POD2	1.333	0.577	3.667	0.577	1.230	0.360	38.427	11.262
(LxM)(B)	SPOD	0.833	0.289	2.750	1.639	0.719	0.604	22.448	18.873
(N)(ExL)	POD1	1.500	0.000	3.000	1.323	0.898	0.514	28.068	16.054
(N)(ExL)	POD2	1.667	0.289	3.000	1.000	1.201	0.929	37.542	29.038
(N)(ExL)	SPOD	1.667	0.289	3.000	1.323	0.807	0.586	25.219	18.323
B	POD1	1.000	0.500	3.000	2.179	1.128	0.661	35.235	20.660
B	POD2	0.833	0.289	2.667	2.021	0.872	0.815	27.240	25.472
B	SPOD	1.000	0.500	2.500	2.000	0.901	1.197	28.135	37.400
BxI	POD1	1.333	0.289	3.500	0.500	0.819	0.200	25.599	6.232
BxI	POD2	1.417	0.520	3.250	0.661	1.032	0.679	32.229	21.202
BxI	SPOD	1.333	0.577	3.833	1.041	1.278	0.819	39.911	25.584
BxJ	POD1	1.333	0.289	3.750	0.901	1.341	0.418	41.891	13.063
BxJ	POD2	1.167	0.289	4.000	0.866	1.429	0.605	44.646	18.890
BxJ	SPOD	1.500	0.500	4.000	1.000	1.442	0.179	45.058	5.588
BxN	POD1	1.333	0.764	3.000	0.500	1.104	0.243	34.484	7.571
BxN	POD2	1.500	1.000	3.333	1.528	1.198	1.066	37.432	33.319
BxN	SPOD	1.167	0.289	3.000	1.803	0.992	0.530	30.979	16.542
CRUISER	POD1	1.167	0.577	2.250	1.250	0.652	0.537	20.370	16.764
CRUISER	POD2	1.500	0.500	3.500	0.500	0.922	0.280	28.802	8.761
CRUISER	SPOD	1.167	0.577	2.417	1.377	0.558	0.554	17.443	17.298
ExK	POD1	1.917	0.629	2.500	0.866	1.149	0.759	35.891	23.705
ExK	POD2	1.167	0.577	2.833	1.041	0.857	0.402	26.792	12.562
ExK	SPOD	1.333	0.289	2.833	1.607	1.037	0.574	32.406	17.940
ExL	POD1	0.833	0.289	1.833	0.577	0.628	0.177	19.620	5.551
ExL	POD2	1.333	0.764	2.833	0.764	1.027	0.380	32.084	11.883
ExL	SPOD	1.250	0.250	1.833	1.041	0.567	0.166	17.719	5.183
ExN	POD1	1.167	0.289	4.000	0.500	1.157	0.207	36.141	6.483
ExN	POD2	1.333	0.289	3.833	0.764	1.083	0.430	33.823	13.447
ExN	SPOD	1.333	0.577	3.667	0.764	0.985	0.288	30.760	9.009
I	POD1	1.333	0.577	2.167	1.155	0.555	0.536	17.318	16.739
I	POD2	1.333	1.041	1.833	1.041	0.711	0.798	22.219	24.930
I	SPOD	1.167	0.764	2.500	0.866	0.533	0.262	16.640	8.196

UANMEL1	POD1	1.500	0.500	3.833	0.764	1.548	0.470	48.360	14.677
UANMEL1	POD2	1.417	0.382	3.583	0.804	1.511	0.173	47.203	5.416
UANMEL1	SPOD	1.000	0.000	4.000	0.500	1.032	0.122	32.240	3.797
UANMEL2	POD1	1.333	0.764	3.000	2.291	1.307	0.889	40.833	27.787
UANMEL2	POD2	1.500	0.500	3.333	0.289	1.164	0.576	36.375	17.998
UANMEL2	SPOD	1.333	0.764	2.500	1.732	1.174	0.774	36.688	24.202
UANMEL4	POD1	1.012	0.021	3.083	0.722	0.922	0.065	28.814	2.034
UANMEL4	POD2	1.139	0.315	4.361	1.107	1.276	0.418	39.866	13.072
UANMEL4	SPOD	1.000	0.500	2.833	1.756	0.768	0.580	23.984	18.140
UANMEL5	POD1	0.833	0.577	2.833	0.577	0.814	0.234	25.437	7.309
UANMEL5	POD2	0.833	0.577	2.000	0.866	0.655	0.403	20.474	12.591
UANMEL5	SPOD	1.833	0.764	3.333	0.577	1.246	0.318	38.932	9.918
UANMEL7	POD1	1.667	0.289	3.667	0.289	1.489	0.541	46.505	16.894
UANMEL7	POD2	1.167	0.289	3.333	0.289	1.061	0.324	33.136	10.129
UANMEL7	SPOD	1.000	0.000	3.500	0.500	0.863	0.232	26.948	7.238

Cuadro. A5. Medias de la interacción (Intpoda)(Genotipo), en melón en el ambiente Parras, en las variables agronómicas.

GENOTIPO	INTPOD	FRUTAM	Dev std	DESFRUT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
(ExL)(JxK)	POD1	1.000	0.000	3.000	1.000	1.768	0.250	73.680	10.396
(ExL)(JxK)	POD2	1.000	0.000	3.333	0.577	1.447	0.556	60.277	23.162
(ExL)(JxK)	SPOD	1.667	0.577	3.000	1.000	1.300	0.174	54.166	7.265
(I)(ExL)	POD1	1.333	0.577	4.000	0.000	1.552	0.522	64.652	21.752
(I)(ExL)	POD2	2.000	1.000	4.000	1.000	2.225	1.092	92.707	45.506
(I)(ExL)	SPOD	1.667	0.577	3.000	1.000	2.010	0.395	83.749	16.458
(LxM)(B)	POD1	1.667	0.577	2.333	0.577	1.368	0.336	57.013	13.983
(LxM)(B)	POD2	1.000	0.000	3.667	1.155	1.560	0.806	64.999	33.584
(LxM)(B)	SPOD	1.667	0.577	3.000	0.000	1.213	0.038	50.555	1.591
(N)(ExL)	POD1	1.333	0.577	4.000	1.000	1.647	0.560	68.610	23.338
(N)(ExL)	POD2	1.000	0.000	3.667	0.577	1.585	0.213	66.040	8.868
(N)(ExL)	SPOD	1.000	0.000	3.333	0.577	1.533	0.650	63.888	27.101
B	POD1	1.000	0.000	3.333	0.577	1.967	0.202	81.943	8.422
B	POD2	1.000	0.000	3.667	1.155	1.892	0.093	78.818	3.877
B	SPOD	1.000	0.000	3.500	0.500	1.860	0.155	77.499	6.458
BxI	POD1	1.333	0.577	2.667	0.577	1.077	0.695	44.860	28.977
BxI	POD2	1.000	0.000	3.000	1.000	1.405	0.384	58.541	15.980
BxI	SPOD	1.333	0.577	3.667	1.155	1.303	0.769	54.305	32.048
BxJ	POD1	1.333	0.577	3.333	0.577	2.022	0.452	84.235	18.838
BxJ	POD2	1.500	0.500	3.500	0.500	1.800	0.360	74.999	15.000
BxJ	SPOD	1.000	0.000	4.000	0.000	1.825	0.543	76.040	22.607
BxN	POD1	1.667	0.577	3.000	0.000	2.403	1.114	100.137	46.409
BxN	POD2	1.333	0.577	3.667	1.155	1.977	0.210	82.360	8.753
BxN	SPOD	1.000	0.000	4.000	0.000	1.543	0.543	64.305	22.633

CRUISER	POD1	1.333	0.577	4.333	0.577	1.352	0.268	56.319	11.181
CRUISER	POD2	1.333	0.577	3.667	0.577	1.360	0.263	56.666	10.951
CRUISER	SPOD	1.667	1.155	3.667	1.155	1.490	0.540	62.082	22.489
ExK	POD1	1.333	0.577	2.000	0.000	1.357	0.558	56.527	23.259
ExK	POD2	1.667	0.577	2.333	0.577	1.678	0.586	69.929	24.397
ExK	SPOD	1.000	0.000	3.000	0.000	1.448	0.376	60.346	15.680
ExL	POD1	1.000	0.000	4.333	1.155	1.795	0.385	74.790	16.025
ExL	POD2	1.000	0.000	4.000	1.000	1.735	0.354	72.290	14.737
ExL	SPOD	1.000	0.000	3.333	1.155	1.327	0.213	55.277	8.859
ExN	POD1	1.333	0.577	3.333	0.577	2.330	0.370	97.082	15.398
ExN	POD2	1.333	0.577	3.000	1.000	1.907	0.519	79.443	21.615
ExN	SPOD	1.333	0.577	3.667	0.577	1.813	0.696	75.554	28.995
I	POD1	2.000	0.000	3.667	0.577	1.995	1.133	83.124	47.192
I	POD2	2.000	0.000	4.667	0.577	2.400	0.264	99.998	10.982
I	SPOD	2.000	0.000	4.000	0.000	1.582	0.106	65.902	4.421
UANMEL1	POD1	1.333	0.577	4.333	0.577	2.823	0.859	117.637	35.798
UANMEL1	POD2	2.000	0.000	3.667	1.155	4.030	0.985	167.914	41.025
UANMEL1	SPOD	2.000	1.732	4.333	1.155	2.515	0.285	104.790	11.866
UANMEL2	POD1	1.333	0.577	4.000	1.000	2.475	0.684	103.123	28.486
UANMEL2	POD2	1.333	0.577	3.333	0.577	2.263	0.631	94.304	26.277
UANMEL2	SPOD	1.000	0.000	3.333	0.577	2.102	0.634	87.568	26.427
UANMEL4	POD1	1.667	0.577	3.667	0.577	2.215	0.499	92.290	20.807
UANMEL4	POD2	1.333	0.577	3.667	1.155	2.433	0.680	101.387	28.353
UANMEL4	SPOD	1.333	0.577	2.000	1.000	1.627	0.571	67.777	23.786
UANMEL5	POD1	1.000	0.000	3.000	0.000	1.532	0.300	63.818	12.483
UANMEL5	POD2	1.333	0.577	3.667	0.577	2.125	0.844	88.540	35.159
UANMEL5	SPOD	1.000	0.000	4.667	0.577	2.073	0.598	86.388	24.930
UANMEL7	POD1	1.000	0.000	3.667	0.577	1.713	0.103	71.387	4.281
UANMEL7	POD2	1.667	1.155	3.333	0.577	2.080	0.681	86.665	28.355
UANMEL7	SPOD	1.000	0.000	3.000	0.000	1.297	0.298	54.055	12.396

Cuadro A6. Medias de los 18 genotipos de melón en tres ambientes, en las variables agronómicas.

GENOTIPO	FRUTAM	Dev std	DESFRUT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
(ExL)(JxK)	1.639	0.701	3.583	1.002	1.914	1.087	71.878	42.588
(I)(ExL)	1.713	0.599	3.528	1.144	1.517	0.757	58.332	32.368
(LxM)(B)	1.343	0.505	3.444	1.052	1.594	0.902	60.528	36.110
(N)(ExL)	1.500	0.650	3.667	0.981	1.589	0.747	60.492	30.317
B	1.130	0.430	3.370	1.229	2.065	1.201	79.147	47.367
BxI	1.491	0.622	3.620	0.923	1.481	0.870	55.790	34.384
BxJ	1.352	0.434	3.917	0.690	1.867	0.720	70.435	30.525
BxN	1.370	0.548	3.778	1.068	2.004	1.018	76.526	41.707
CRUISER	1.463	0.649	3.574	1.074	1.377	0.841	52.752	33.680

ExK	1.486	0.517	2.972	0.986	1.632	0.826	61.913	33.347
ExL	1.194	0.440	3.426	1.306	1.414	0.681	54.336	28.729
ExN	1.500	0.620	3.685	0.667	1.797	0.747	68.700	32.506
I	1.759	0.656	3.352	1.125	1.391	0.799	54.167	33.983
UANMEL1	1.435	0.678	3.972	0.889	2.296	1.212	88.362	52.535
UANMEL2	1.370	0.511	3.417	1.049	1.941	0.928	74.160	38.897
UANMEL4	1.457	0.585	3.387	1.103	1.793	0.934	68.825	39.154
UANMEL5	1.426	0.781	3.389	0.944	1.512	0.688	58.027	30.088
UANMEL7	1.352	0.602	3.796	0.763	1.816	0.891	68.936	36.473

Cuadro A7. Medias agronómicas en los tres ambientes de estudio en melón.

AMBIENTE	FRUTAM	Dev std	DEFRUT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
BAJIO	1.319	0.521	3.078	1.134	1.024	0.538	31.978	16.805
PARRAS	1.343	0.547	3.488	0.856	1.836	0.672	76.507	27.981
TUNEL	1.668	0.666	4.081	0.785	2.307	0.965	88.734	37.132

Cuadro A8. Las medias agronómicas, de la intensidad de poda en melón en los tres ambientes.

INTPOD	FRUTAM	Dev std	DEFRUT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
POD1	1.469	0.554	3.404	0.990	1.757	0.956	67.098	39.122
POD2	1.508	0.620	3.585	0.958	1.792	0.947	68.476	39.231
SPOD	1.353	0.622	3.657	1.103	1.617	0.832	61.644	33.820

Cuadro. A9. Medias de la interacción genotipo por intensidad de poda en melón.

GENOTIPO	INTPOD	FRUTAM	Dev std	DEFRUT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
(ExL)(JxK)	POD1	1.472	0.475	3.472	1.121	2.033	1.134	76.732	45.050
(ExL)(JxK)	POD2	1.444	0.768	3.278	0.667	1.457	0.658	54.670	26.508
(ExL)(JxK)	SPOD	2.000	0.750	4.000	1.118	2.253	1.319	84.232	51.296
(I)(ExL)	POD1	1.528	0.592	3.639	1.206	1.492	0.874	57.355	35.399
(I)(ExL)	POD2	2.000	0.559	3.556	1.236	1.576	0.884	60.812	38.270
(I)(ExL)	SPOD	1.611	0.601	3.389	1.112	1.483	0.560	56.830	26.016
(LxM)(B)	POD1	1.306	0.464	2.972	0.972	1.390	0.531	52.862	22.896
(LxM)(B)	POD2	1.333	0.500	4.000	0.866	1.806	1.085	68.171	43.781
(LxM)(B)	SPOD	1.389	0.601	3.361	1.140	1.586	1.042	60.552	40.805
(N)(ExL)	POD1	1.611	0.417	3.556	0.982	1.758	0.921	67.226	37.567
(N)(ExL)	POD2	1.667	0.968	3.778	0.972	1.619	0.686	61.066	26.931
(N)(ExL)	SPOD	1.222	0.363	3.667	1.090	1.391	0.645	53.185	27.187
B	POD1	1.222	0.507	3.222	1.176	2.069	1.112	78.952	44.912
B	POD2	1.167	0.500	3.444	1.310	2.232	1.484	85.779	58.234
B	SPOD	1.000	0.250	3.444	1.333	1.895	1.090	72.711	42.278
Bxl	POD1	1.333	0.433	3.389	0.858	1.043	0.419	39.277	18.557
Bxl	POD2	1.472	0.507	3.417	0.901	1.503	0.684	56.837	27.548

BxI	SPOD	1.667	0.866	4.056	0.950	1.896	1.186	71.255	46.497
BxJ	POD1	1.444	0.464	3.694	0.788	2.139	0.915	81.187	38.476
BxJ	POD2	1.444	0.464	3.944	0.682	1.732	0.750	65.095	30.741
BxJ	SPOD	1.167	0.354	4.111	0.601	1.730	0.402	65.024	20.194
BxN	POD1	1.444	0.583	3.556	0.917	2.124	0.982	81.604	42.897
BxN	POD2	1.611	0.651	3.889	1.167	2.255	1.230	85.956	48.508
BxN	SPOD	1.056	0.167	3.889	1.193	1.632	0.807	62.017	33.081
CRUISER	POD1	1.500	0.750	3.528	1.290	1.476	1.136	56.631	44.591
CRUISER	POD2	1.389	0.486	3.944	0.726	1.422	0.594	53.921	25.052
CRUISER	SPOD	1.500	0.750	3.250	1.132	1.234	0.786	47.705	31.993
ExK	POD1	1.639	0.574	2.611	0.782	1.672	0.856	63.006	33.898
ExK	POD2	1.597	0.537	2.917	0.848	1.753	0.918	67.137	37.715
ExK	SPOD	1.222	0.363	3.389	1.219	1.470	0.771	55.597	31.074
ExL	POD1	1.167	0.500	3.278	1.417	1.478	0.948	57.239	38.954
ExL	POD2	1.333	0.559	3.611	0.993	1.555	0.488	59.193	22.714
ExL	SPOD	1.083	0.177	3.389	1.577	1.210	0.547	46.575	23.352
ExN	POD1	1.611	0.697	3.556	0.583	2.008	0.922	76.950	39.786
ExN	POD2	1.667	0.661	3.611	0.782	1.814	0.687	69.187	30.166
ExN	SPOD	1.222	0.441	3.889	0.651	1.570	0.618	59.963	27.901
I	POD1	1.889	0.601	3.056	0.982	1.250	0.928	48.865	39.472
I	POD2	1.778	0.795	3.389	1.409	1.574	0.846	61.401	36.401
I	SPOD	1.611	0.601	3.611	0.993	1.348	0.660	52.236	27.848
UANMEL1	POD1	1.389	0.486	3.944	0.950	2.354	1.382	89.840	57.483
UANMEL1	POD2	1.583	0.468	3.639	0.911	2.604	1.370	100.808	61.794
UANMEL1	SPOD	1.333	1.000	4.333	0.750	1.930	0.852	74.437	38.109
UANMEL2	POD1	1.500	0.559	3.639	1.431	2.151	0.864	82.246	37.342
UANMEL2	POD2	1.389	0.486	3.333	0.433	1.710	0.874	65.397	37.536
UANMEL2	SPOD	1.222	0.507	3.278	1.121	1.961	1.085	74.837	44.197
UANMEL4	POD1	1.546	0.511	3.319	0.563	1.716	0.667	66.133	31.038
UANMEL4	POD2	1.602	0.707	3.787	0.964	2.314	1.210	88.516	50.283
UANMEL4	SPOD	1.222	0.507	3.056	1.550	1.350	0.629	51.826	26.854
UANMEL5	POD1	1.167	0.559	3.056	0.464	1.232	0.397	47.059	19.153
UANMEL5	POD2	1.278	0.618	3.222	1.176	1.465	0.832	57.043	36.273
UANMEL5	SPOD	1.833	1.000	3.889	0.928	1.840	0.692	69.978	31.025
UANMEL7	POD1	1.667	0.661	3.778	0.618	2.245	1.044	84.596	42.151
UANMEL7	POD2	1.389	0.697	3.778	0.795	1.870	0.897	71.578	38.284
UANMEL7	SPOD	1.000	0.000	3.833	0.935	1.334	0.466	50.633	20.502

Cuadro. A10. Medias de la interacción ambiente, genotipo por intensidad de poda en melón.

AMBIENTE	GENOTIPO	intpod	FRUTAM	Dev std	DESRUT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
BAJIO	(ExL)(JxK)	POD1	1.417	0.382	3.417	1.507	1.400	0.722	43.761	22.547
BAJIO	(ExL)(JxK)	POD2	1.667	0.764	3.167	1.041	1.205	0.657	37.646	20.542
BAJIO	(ExL)(JxK)	SPOD	1.667	0.764	4.000	1.000	1.585	0.885	49.505	27.653
BAJIO	(I)(ExL)	POD1	1.583	0.804	2.250	0.901	0.699	0.537	21.839	16.800
BAJIO	(I)(ExL)	POD2	2.000	0.500	2.667	1.528	0.912	0.708	28.511	22.114
BAJIO	(I)(ExL)	SPOD	1.833	0.764	2.833	1.258	0.973	0.510	30.396	15.961
BAJIO	(LxM)(B)	POD1	1.250	0.433	2.583	1.010	0.857	0.322	26.766	10.068
BAJIO	(LxM)(B)	POD2	1.333	0.577	3.667	0.577	1.230	0.360	38.427	11.262
BAJIO	(LxM)(B)	SPOD	0.833	0.289	2.750	1.639	0.719	0.604	22.448	18.873
BAJIO	(N)(ExL)	POD1	1.500	0.000	3.000	1.323	0.898	0.514	28.068	16.054
BAJIO	(N)(ExL)	POD2	1.667	0.289	3.000	1.000	1.201	0.929	37.542	29.038
BAJIO	(N)(ExL)	SPOD	1.667	0.289	3.000	1.323	0.807	0.586	25.219	18.323
BAJIO	B	POD1	1.000	0.500	3.000	2.179	1.128	0.661	35.235	20.660
BAJIO	B	POD2	0.833	0.289	2.667	2.021	0.872	0.815	27.240	25.472
BAJIO	B	SPOD	1.000	0.500	2.500	2.000	0.901	1.197	28.135	37.400
BAJIO	BxI	POD1	1.333	0.289	3.500	0.500	0.819	0.200	25.599	6.232
BAJIO	BxI	POD2	1.417	0.520	3.250	0.661	1.032	0.679	32.229	21.202
BAJIO	BxI	SPOD	1.333	0.577	3.833	1.041	1.278	0.819	39.911	25.584
BAJIO	BxJ	POD1	1.333	0.289	3.750	0.901	1.341	0.418	41.891	13.063
BAJIO	BxJ	POD2	1.167	0.289	4.000	0.866	1.429	0.605	44.646	18.890
BAJIO	BxJ	SPOD	1.500	0.500	4.000	1.000	1.442	0.179	45.058	5.588
BAJIO	BxN	POD1	1.333	0.764	3.000	0.500	1.104	0.243	34.484	7.571
BAJIO	BxN	POD2	1.500	1.000	3.333	1.528	1.198	1.066	37.432	33.319
BAJIO	BxN	SPOD	1.167	0.289	3.000	1.803	0.992	0.530	30.979	16.542
BAJIO	CRUISER	POD1	1.167	0.577	2.250	1.250	0.652	0.537	20.370	16.764
BAJIO	CRUISER	POD2	1.500	0.500	3.500	0.500	0.922	0.280	28.802	8.761
BAJIO	CRUISER	SPOD	1.167	0.577	2.417	1.377	0.558	0.554	17.443	17.298
BAJIO	ExK	POD1	1.917	0.629	2.500	0.866	1.149	0.759	35.891	23.705
BAJIO	ExK	POD2	1.167	0.577	2.833	1.041	0.857	0.402	26.792	12.562
BAJIO	ExK	SPOD	1.333	0.289	2.833	1.607	1.037	0.574	32.406	17.940
BAJIO	ExL	POD1	0.833	0.289	1.833	0.577	0.628	0.177	19.620	5.551
BAJIO	ExL	POD2	1.333	0.764	2.833	0.764	1.027	0.380	32.084	11.883
BAJIO	ExL	SPOD	1.250	0.250	1.833	1.041	0.567	0.166	17.719	5.183
BAJIO	ExN	POD1	1.167	0.289	4.000	0.500	1.157	0.207	36.141	6.483
BAJIO	ExN	POD2	1.333	0.289	3.833	0.764	1.083	0.430	33.823	13.447
BAJIO	ExN	SPOD	1.333	0.577	3.667	0.764	0.985	0.288	30.760	9.009
BAJIO	I	POD1	1.333	0.577	2.167	1.155	0.555	0.536	17.318	16.739
BAJIO	I	POD2	1.333	1.041	1.833	1.041	0.711	0.798	22.219	24.930
BAJIO	I	SPOD	1.167	0.764	2.500	0.866	0.533	0.262	16.640	8.196
BAJIO	UANMEL1	POD1	1.500	0.500	3.833	0.764	1.548	0.470	48.360	14.677
BAJIO	UANMEL1	POD2	1.417	0.382	3.583	0.804	1.511	0.173	47.203	5.416

AMBIENTE	GENOTIPO	intpod	FRUTAM	Dev std	DESFROT	Dev std	PESO	Dev std	REND	Dev std
BAJIO	UANMEL1	SPOD	1.000	0.000	4.000	0.500	1.032	0.122	32.240	3.797
BAJIO	UANMEL2	POD1	1.333	0.764	3.000	2.291	1.307	0.889	40.833	27.787
BAJIO	UANMEL2	POD2	1.500	0.500	3.333	0.289	1.164	0.576	36.375	17.998
BAJIO	UANMEL2	SPOD	1.333	0.764	2.500	1.732	1.174	0.774	36.688	24.202
BAJIO	UANMEL4	POD1	1.012	0.021	3.083	0.722	0.922	0.065	28.814	2.034
BAJIO	UANMEL4	POD2	1.139	0.315	4.361	1.107	1.276	0.418	39.866	13.072
BAJIO	UANMEL4	SPOD	1.000	0.500	2.833	1.756	0.768	0.580	23.984	18.140
BAJIO	UANMEL5	POD1	0.833	0.577	2.833	0.577	0.814	0.234	25.437	7.309
BAJIO	UANMEL5	POD2	0.833	0.577	2.000	0.866	0.655	0.403	20.474	12.591
BAJIO	UANMEL5	SPOD	1.833	0.764	3.333	0.577	1.246	0.318	38.932	9.918
BAJIO	UANMEL7	POD1	1.667	0.289	3.667	0.289	1.489	0.541	46.505	16.894
BAJIO	UANMEL7	POD2	1.167	0.289	3.333	0.289	1.061	0.324	33.136	10.129
BAJIO	UANMEL7	SPOD	1.000	0.000	3.500	0.500	0.863	0.232	26.948	7.238
PARRAS	(ExL)(JxK)	POD1	1.000	0.000	3.000	1.000	1.768	0.250	73.680	10.396
PARRAS	(ExL)(JxK)	POD2	1.000	0.000	3.333	0.577	1.447	0.556	60.277	23.162
PARRAS	(ExL)(JxK)	SPOD	1.667	0.577	3.000	1.000	1.300	0.174	54.166	7.265
PARRAS	(I)(ExL)	POD1	1.333	0.577	4.000	0.000	1.552	0.522	64.652	21.752
PARRAS	(I)(ExL)	POD2	2.000	1.000	4.000	1.000	2.225	1.092	92.707	45.506
PARRAS	(I)(ExL)	SPOD	1.667	0.577	3.000	1.000	2.010	0.395	83.749	16.458
PARRAS	(LxM)(B)	POD1	1.667	0.577	2.333	0.577	1.368	0.336	57.013	13.983
PARRAS	(LxM)(B)	POD2	1.000	0.000	3.667	1.155	1.560	0.806	64.999	33.584
PARRAS	(LxM)(B)	SPOD	1.667	0.577	3.000	0.000	1.213	0.038	50.555	1.591
PARRAS	(N)(ExL)	POD1	1.333	0.577	4.000	1.000	1.647	0.560	68.610	23.338
PARRAS	(N)(ExL)	POD2	1.000	0.000	3.667	0.577	1.585	0.213	66.040	8.868
PARRAS	(N)(ExL)	SPOD	1.000	0.000	3.333	0.577	1.533	0.650	63.888	27.101
PARRAS	B	POD1	1.000	0.000	3.333	0.577	1.967	0.202	81.943	8.422
PARRAS	B	POD2	1.000	0.000	3.667	1.155	1.892	0.093	78.818	3.877
PARRAS	B	SPOD	1.000	0.000	3.500	0.500	1.860	0.155	77.499	6.458
PARRAS	BxI	POD1	1.333	0.577	2.667	0.577	1.077	0.695	44.860	28.977
PARRAS	BxI	POD2	1.000	0.000	3.000	1.000	1.405	0.384	58.541	15.980
PARRAS	BxI	SPOD	1.333	0.577	3.667	1.155	1.303	0.769	54.305	32.048
PARRAS	BxJ	POD1	1.333	0.577	3.333	0.577	2.022	0.452	84.235	18.838
PARRAS	BxJ	POD2	1.500	0.500	3.500	0.500	1.800	0.360	74.999	15.000
PARRAS	BxJ	SPOD	1.000	0.000	4.000	0.000	1.825	0.543	76.040	22.607
PARRAS	BxN	POD1	1.667	0.577	3.000	0.000	2.403	1.114	100.137	46.409
PARRAS	BxN	POD2	1.333	0.577	3.667	1.155	1.977	0.210	82.360	8.753
PARRAS	BxN	SPOD	1.000	0.000	4.000	0.000	1.543	0.543	64.305	22.633
PARRAS	CRUISER	POD1	1.333	0.577	4.333	0.577	1.352	0.268	56.319	11.181
PARRAS	CRUISER	POD2	1.333	0.577	3.667	0.577	1.360	0.263	56.666	10.951
PARRAS	CRUISER	SPOD	1.667	1.155	3.667	1.155	1.490	0.540	62.082	22.489
PARRAS	ExK	POD1	1.333	0.577	2.000	0.000	1.357	0.558	56.527	23.259
PARRAS	ExK	POD2	1.667	0.577	2.333	0.577	1.678	0.586	69.929	24.397
PARRAS	ExK	SPOD	1.000	0.000	3.000	0.000	1.448	0.376	60.346	15.680

PARRAS	ExL	POD1	1.000	0.000	4.333	1.155	1.795	0.385	74.790	16.025
PARRAS	ExL	POD2	1.000	0.000	4.000	1.000	1.735	0.354	72.290	14.737
PARRAS	ExL	SPOD	1.000	0.000	3.333	1.155	1.327	0.213	55.277	8.859
PARRAS	ExN	POD1	1.333	0.577	3.333	0.577	2.330	0.370	97.082	15.398
PARRAS	ExN	POD2	1.333	0.577	3.000	1.000	1.907	0.519	79.443	21.615
PARRAS	ExN	SPOD	1.333	0.577	3.667	0.577	1.813	0.696	75.554	28.995
PARRAS	I	POD1	2.000	0.000	3.667	0.577	1.995	1.133	83.124	47.192
PARRAS	I	POD2	2.000	0.000	4.667	0.577	2.400	0.264	99.998	10.982
PARRAS	I	SPOD	2.000	0.000	4.000	0.000	1.582	0.106	65.902	4.421
PARRAS	UANMEL1	POD1	1.333	0.577	4.333	0.577	2.823	0.859	117.637	35.798
PARRAS	UANMEL1	POD2	2.000	0.000	3.667	1.155	4.030	0.985	167.914	41.025
PARRAS	UANMEL1	SPOD	2.000	1.732	4.333	1.155	2.515	0.285	104.790	11.866
PARRAS	UANMEL2	POD1	1.333	0.577	4.000	1.000	2.475	0.684	103.123	28.486
PARRAS	UANMEL2	POD2	1.333	0.577	3.333	0.577	2.263	0.631	94.304	26.277
PARRAS	UANMEL2	SPOD	1.000	0.000	3.333	0.577	2.102	0.634	87.568	26.427
PARRAS	UANMEL4	POD1	1.667	0.577	3.667	0.577	2.215	0.499	92.290	20.807
PARRAS	UANMEL4	POD2	1.333	0.577	3.667	1.155	2.433	0.680	101.387	28.353
PARRAS	UANMEL4	SPOD	1.333	0.577	2.000	1.000	1.627	0.571	67.777	23.786
PARRAS	UANMEL5	POD1	1.000	0.000	3.000	0.000	1.532	0.300	63.818	12.483
PARRAS	UANMEL5	POD2	1.333	0.577	3.667	0.577	2.125	0.844	88.540	35.159
PARRAS	UANMEL5	SPOD	1.000	0.000	4.667	0.577	2.073	0.598	86.388	24.930
PARRAS	UANMEL7	POD1	1.000	0.000	3.667	0.577	1.713	0.103	71.387	4.281
PARRAS	UANMEL7	POD2	1.667	1.155	3.333	0.577	2.080	0.681	86.665	28.355
PARRAS	UANMEL7	SPOD	1.000	0.000	3.000	0.000	1.297	0.298	54.055	12.396
TUNEL	(ExL)(JxK)	POD1	2.000	0.000	4.000	1.000	2.932	1.626	112.755	62.535
TUNEL	(ExL)(JxK)	POD2	1.667	1.155	3.333	0.577	1.718	0.891	66.089	34.275
TUNEL	(ExL)(JxK)	SPOD	2.667	0.577	5.000	0.000	3.875	0.408	149.023	15.676
TUNEL	(I)(ExL)	POD1	1.667	0.577	4.667	0.577	2.225	0.859	85.576	33.023
TUNEL	(I)(ExL)	POD2	2.000	0.000	4.000	1.000	1.592	0.374	61.217	14.393
TUNEL	(I)(ExL)	SPOD	1.333	0.577	4.333	0.577	1.465	0.177	56.345	6.796
TUNEL	(LxM)(B)	POD1	1.000	0.000	4.000	0.000	1.945	0.143	74.807	5.504
TUNEL	(LxM)(B)	POD2	1.667	0.577	4.667	0.577	2.628	1.526	101.088	58.693
TUNEL	(LxM)(B)	SPOD	1.667	0.577	4.333	0.577	2.825	0.583	108.652	22.434
TUNEL	(N)(ExL)	POD1	2.000	0.000	3.667	0.577	2.730	0.520	104.999	19.989
TUNEL	(N)(ExL)	POD2	2.333	1.528	4.667	0.577	2.070	0.635	79.614	24.415
TUNEL	(N)(ExL)	SPOD	1.000	0.000	4.667	0.577	1.832	0.253	70.448	9.715
TUNEL	B	POD1	1.667	0.577	3.333	0.577	3.112	1.220	119.678	46.931
TUNEL	B	POD2	1.667	0.577	4.000	0.000	3.933	0.920	151.280	35.386
TUNEL	B	SPOD	1.000	0.000	4.333	0.577	2.925	0.465	112.498	17.884
TUNEL	BxI	POD1	1.333	0.577	4.000	1.000	1.232	0.223	47.371	8.562
TUNEL	BxI	POD2	2.000	0.000	4.000	1.000	2.073	0.653	79.742	25.118
TUNEL	BxI	SPOD	2.333	1.155	4.667	0.577	3.108	1.028	119.550	39.535
TUNEL	BxJ	POD1	1.667	0.577	4.000	1.000	3.053	0.860	117.434	33.094
TUNEL	BxJ	POD2	1.667	0.577	4.333	0.577	1.967	1.235	75.640	47.509

TUNEL	BxJ	SPOD	1.000	0.000	4.333	0.577	1.923	0.357	73.973	13.740
TUNEL	BxN	POD1	1.333	0.577	4.667	0.577	2.865	0.230	110.191	8.832
TUNEL	BxN	POD2	2.000	0.000	4.667	0.577	3.590	0.637	138.075	24.482
TUNEL	BxN	SPOD	1.000	0.000	4.667	0.577	2.360	0.779	90.768	29.979
TUNEL	CRUISER	POD1	2.000	1.000	4.000	1.000	2.423	1.553	93.204	59.736
TUNEL	CRUISER	POD2	1.333	0.577	4.667	0.577	1.984	0.640	76.294	24.600
TUNEL	CRUISER	SPOD	1.667	0.577	3.667	0.577	1.653	0.911	63.589	35.029
TUNEL	ExK	POD1	1.667	0.577	3.333	0.577	2.512	0.655	96.601	25.192
TUNEL	ExK	POD2	1.958	0.072	3.583	0.520	2.722	0.499	104.691	19.180
TUNEL	ExK	SPOD	1.333	0.577	4.333	1.155	1.925	1.146	74.037	44.091
TUNEL	ExL	POD1	1.667	0.577	3.667	1.155	2.010	1.324	77.307	50.924
TUNEL	ExL	POD2	1.667	0.577	4.000	1.000	1.903	0.186	73.204	7.147
TUNEL	ExL	SPOD	1.000	0.000	5.000	0.000	1.735	0.265	66.730	10.192
TUNEL	ExN	POD1	2.333	0.577	3.333	0.577	2.538	1.248	97.627	48.013
TUNEL	ExN	POD2	2.333	0.577	4.000	0.000	2.452	0.093	94.294	3.558
TUNEL	ExN	SPOD	1.000	0.000	4.333	0.577	1.913	0.427	73.576	16.440
TUNEL	I	POD1	2.333	0.577	3.333	0.577	1.200	0.558	46.153	21.465
TUNEL	I	POD2	2.000	1.000	3.667	0.577	1.612	0.116	61.986	4.458
TUNEL	I	SPOD	1.667	0.577	4.333	0.577	1.928	0.277	74.166	10.639
TUNEL	UANMEL1	POD1	1.333	0.577	3.667	1.528	2.692	2.281	103.524	87.746
TUNEL	UANMEL1	POD2	1.333	0.577	3.667	1.155	2.270	1.226	87.307	47.148
TUNEL	UANMEL1	SPOD	1.000	0.000	4.667	0.577	2.243	0.970	86.281	37.291
TUNEL	UANMEL2	POD1	1.833	0.289	3.917	1.010	2.672	0.302	102.781	11.632
TUNEL	UANMEL2	POD2	1.333	0.577	3.333	0.577	1.703	1.193	65.512	45.874
TUNEL	UANMEL2	SPOD	1.333	0.577	4.000	0.000	2.607	1.456	100.255	55.982
TUNEL	UANMEL4	POD1	1.958	0.072	3.208	0.361	2.010	0.278	77.294	10.686
TUNEL	UANMEL4	POD2	2.333	0.577	3.333	0.577	3.232	1.521	124.293	58.483
TUNEL	UANMEL4	SPOD	1.333	0.577	4.333	1.155	1.657	0.397	63.717	15.275
TUNEL	UANMEL5	POD1	1.667	0.577	3.333	0.577	1.350	0.260	51.922	10.000
TUNEL	UANMEL5	POD2	1.667	0.577	4.000	1.000	1.615	0.476	62.115	18.316
TUNEL	UANMEL5	SPOD	2.667	1.155	3.667	1.155	2.200	0.805	84.614	30.972
TUNEL	UANMEL7	POD1	2.333	0.577	4.000	1.000	3.533	0.531	135.895	20.437
TUNEL	UANMEL7	POD2	1.333	0.577	4.667	0.577	2.468	1.033	94.934	39.744
TUNEL	UANMEL7	SPOD	1.000	0.000	5.000	0.000	1.843	0.016	70.896	0.618

Cuadro. A11. Valores del Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) de frutos amarrados.

NÚMERO	GENEALOGÍA	TIPO	FRUTAM	CP1	CP2
1	(ExL)(JxK)	GEN	1.639	-0.396	0.069
2	(I)(ExL)	GEN	1.713	0.211	0.314
3	(LxM)(B)	GEN	1.343	0.231	-0.095
4	(N)(ExL)	GEN	1.500	-0.253	0.309

5	B	GEN	1.130	-0.078	-0.090
6	BxI	GEN	1.491	-0.236	-0.023
7	BxJ	GEN	1.352	0.103	0.153
8	BxN	GEN	1.370	0.143	0.130
9	CRUISER	GEN	1.463	0.076	-0.079
10	ExK	GEN	1.486	-0.003	0.152
11	ExL	GEN	1.194	-0.087	0.089
12	ExN	GEN	1.500	-0.153	-0.146
13	I	GEN	1.759	0.251	-0.477
14	UANMEL1	GEN	1.435	0.612	0.033
15	UANMEL2	GEN	1.370	0.023	0.199
16	UANMEL4	GEN	1.457	-0.053	-0.393
17	UANMEL5	GEN	1.426	-0.382	-0.212
18	UANMEL7	GEN	1.352	-0.009	0.069
<hr/>					
BAJIO		ENV	1.319	-0.048	0.723
PARRAS		ENV	1.343	0.742	-0.326
TUNEL		ENV	1.668	-0.694	-0.398

GEN: Genotipo, ENV: Ambiente

Cuadro. A12. Valores del Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) del desarrollo del fruto.

NÚMERO	GENEALOGÍA	TIPO	DESFROT	CP1	CP2
1	(ExL)(JxK)	GEN	3.583	-0.388	0.053
2	(I)(ExL)	GEN	3.528	0.341	0.245
3	(LxM)(B)	GEN	3.444	-0.159	0.410
4	(N)(ExL)	GEN	3.667	0.133	0.126
5	B	GEN	3.370	0.171	-0.041
6	BxI	GEN	3.620	-0.381	0.133
7	BxJ	GEN	3.917	-0.357	-0.192
8	BxN	GEN	3.778	0.049	0.379
9	CRUISER	GEN	3.574	0.355	-0.048
10	ExK	GEN	2.972	-0.300	0.311
11	ExL	GEN	3.426	0.640	0.190
12	ExN	GEN	3.685	-0.457	-0.287
13	I	GEN	3.352	0.710	-0.222
14	UANMEL1	GEN	3.972	-0.096	-0.532
15	UANMEL2	GEN	3.417	0.076	-0.227
16	UANMEL4	GEN	3.387	-0.367	-0.264
17	UANMEL5	GEN	3.389	0.279	-0.317
18	UANMEL7	GEN	3.796	-0.249	0.283

BAJIO	ENV	3.078	-1.122	-0.371
PARRAS	ENV	3.488	0.983	-0.553
TUNEL	ENV	4.081	0.139	0.924

GEN: Genotipo, ENV: Ambiente

Cuadro. A13. Valores del Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) del peso del fruto.

NÚMERO	GENEALOGÍA	TIPO	PESO	CP1	CP2
1	(ExL)(JxK)	GEN	1.914	-0.470	0.203
2	(I)(ExL)	GEN	1.517	0.337	0.088
3	(LxM)(B)	GEN	1.594	-0.329	0.025
4	(N)(ExL)	GEN	1.589	-0.085	0.098
5	B	GEN	2.065	-0.481	-0.582
6	BxI	GEN	1.481	-0.230	0.332
7	BxJ	GEN	1.867	0.008	0.319
8	BxN	GEN	2.004	-0.250	-0.301
9	CRUISER	GEN	1.377	-0.081	0.037
10	ExK	GEN	1.632	-0.228	0.090
11	ExL	GEN	1.414	0.109	0.044
12	ExN	GEN	1.797	0.100	-0.024
13	I	GEN	1.391	0.474	-0.083
14	UANMEL1	GEN	2.296	0.646	-0.259
15	UANMEL2	GEN	1.941	0.226	-0.017
16	UANMEL4	GEN	1.793	0.146	-0.130
17	UANMEL5	GEN	1.512	0.345	0.154
18	UANMEL7	GEN	1.816	-0.239	0.006
BAJIO	ENV	1.024	-0.065	0.741	
PARRAS	ENV	1.836	0.971	-0.332	
TUNEL	ENV	2.307	-0.906	-0.409	

GEN: Genotipo, ENV: Ambiente

Cuadro. A14. Valores del Análisis de los Efectos Aditivos Principales e Interacción Multiplicativa (AMMI) del rendimiento.

NÚMERO	GENEALOGÍA	TIPO	REND	CP1	CP2
1	(ExL)(JxK)	GEN	71.878	-2.946	0.795
2	(I)(ExL)	GEN	58.332	2.051	0.776
3	(LxM)(B)	GEN	60.528	-2.132	0.243
4	(N)(ExL)	GEN	60.492	-0.600	0.682
5	B	GEN	79.147	-2.828	-3.637
6	BxI	GEN	55.790	-1.596	2.055
7	BxJ	GEN	70.435	0.043	1.550
8	BxN	GEN	76.526	-1.438	-2.009
9	CRUISER	GEN	52.752	-0.637	0.606
10	ExK	GEN	61.913	-1.492	0.563
11	ExL	GEN	54.336	0.574	0.628
12	ExN	GEN	68.700	0.667	-0.204
13	I	GEN	54.167	2.906	0.025
14	UANMEL1	GEN	88.362	4.338	-2.001
15	UANMEL2	GEN	74.160	1.513	-0.322
16	UANMEL4	GEN	68.825	0.970	-0.768
17	UANMEL5	GEN	58.027	2.089	1.140
18	UANMEL7	GEN	68.936	-1.481	-0.120
BAJIO		ENV	31.978	-0.618	4.656
PARRAS		ENV	76.507	6.237	-1.964
TUNEL		ENV	88.734	-5.619	-2.692

GEN: Genotipo, ENV: Ambiente