

74392



ROJAS, ELIZABETH

Información general en la web y disponibilidad de temas en contacto en: www.unrc.edu.ar

2015 74392



**UNIVERSIDAD NACIONAL DE RIO CUARTO
FACULTAD DE AGRONOMIA Y
VETERINARIA**

**MAESTRIA EN CIENCIAS AGROPECUARIAS
MENCION PRODUCCION VEGETAL**

**“INTERACCIÓN GENOTIPO AMBIENTE Y
ESTABILIDAD
DE LÍNEAS AVANZADAS DE SOJA”**

TESISTA: ELIZABETH ROJAS

DIRECTOR: SUSANA B. BOLOGNA

CO-DIRECTOR: MIGUEL DI RENZO


Ing. Elizabeth Rojas


Mg. Mercedes Ibañez


Mg. Ezequiel Grassi


Dra. Monica Balzarini

Fecha de defensa: 29 de Octubre de 2015

74212

MFF
Class.
T. 923

AGRADECIMIENTOS

- ✓ A mi familia: a Rodolfo mi pilar. A mis hijos Yair, Juan y Bruno mi motivo, la razón de todo.
- ✓ Al grupo de Mejoramiento genético del INTA Marcos Juárez Diego Soldini y Luis Salines.
- ✓ A mi directora Susana Bologna mi maestra, mi compañera y amiga.
- ✓ A Miguel Di Renzo mi Co Director siempre presente y dispuesto.
- ✓ A Mónica Balzarini y Cecilia Bruno por su permanente buena disposición.
- ✓ A Weikai Yan.

Índice General

ABSTRACT.....	9
RESUMEN	10
INTRODUCCIÓN.....	12
HIPÓTESIS	18
OBJETIVO GENERAL.....	18
OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	18
MATERIALES Y MÉTODOS.....	18
Material vegetal.....	18
Ambientes de prueba.....	21
Análisis estadísticos	22
Modelo SREG y Biplot GGE.....	24
Descripción.....	24
Modelo AMMI: Gráfico AMMI1 y biplot AMMI2.....	25
Descripción.....	25
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	27
1. Análisis de la Varianza.....	27
2. Análisis de Componentes de Varianza.....	27
3. Modelo SREG y Biplot GGE.....	29
3.1. Interpretación de los gráficos biplot GGE para los genotipos del grupo de madurez IV corto	29
3.1.1. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez	29
3.1.2. Identificación de la capacidad discriminante y la representatividad de los ambientes	32
3.1.3. Identificación del desempeño de un genotipo a través de los ambientes...	36
3.1.4. Comparación de dos genotipos en diferentes ambientes	39
3.1.5. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente.....	42
3.1.6. Ordenamiento de genotipos basado en comportamiento medio y estabilidad	44
3.2. Interpretación de los gráficos biplot GGE para los genotipos del grupo de madurez IV largo	47
3.2.1. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez	47

3.2.2. Identificación de la capacidad discriminante y la representatividad de los ambientes	48
3.2.3. Identificación del desempeño de un genotipo y comparación de dos de ellos a través de los ambientes	50
3.2.4. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente	54
3.2.5. Ranking de genotipos basado en performance media y estabilidad	56
3.3. Interpretación de los gráficos GGE biplot para los genotipos del grupo de madurez V	57
3.3.1. Desempeño de los genotipos en Marcos Juárez.....	57
3.3.2. Identificación de la capacidad discriminante y la representatividad de los ambientes	59
3.3.3. Comparación de dos genotipos en diferentes ambientes	61
3.3.4. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente.....	61
3.3.5. Orden de genotipos basado en comportamiento medio y estabilidad.....	63
3.4. Interpretación de los gráficos biplot GGE para los genotipos del grupo de madurez VI.....	65
3.4.1. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez	65
3.4.2. Identificación de la capacidad discriminante y la representatividad de los ambientes	66
3.4.3. Identificación de los mejores genotipos en diferentes ambientes.....	67
3.4.4. Orden de genotipos basado en comportamiento medio y estabilidad.....	69
4. Modelo AMMI: Biplot AMMI2 y gráfico AMMI1	70
4.1. Grupo de madurez IV corto.....	71
4.2. Grupo de madurez IV largo.....	77
4.3. Grupo de madurez V	80
4.4. Grupo de madurez VI	83
CONCLUSIONES	88
BIBLIOGRAFÍA	89
Anexo 1	92

Índice de tablas

Tabla 1. Genotipos de soja por conjunto, según su grupo de madurez.....	20
Tabla 2. Localidades, campañas y conjuntos de genotipos evaluados.	21
Tabla 3. Análisis de la Varianza para todos los grupos y campañas.....	27
Tabla 4. Componentes de Varianza.	28

Índice de figuras

Figura 1. Producción de Soja en Argentina.	13
Figura. 2. Biplot GGE para la identificación del desempeño de genotipos en la localidad Marcos Juárez. Campaña 2006-07.....	30
Figura 3. Biplot GGE para la identificación del desempeño de genotipos en la localidad Marcos Juárez. Campaña 2007-08.....	31
Figura 4. Biplot GGE para la identificación del desempeño de genotipos en la localidad Marcos Juárez. Campaña 2008-09.....	32
Figura 5. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes de prueba	34
Figura 6. Capacidad de discriminación y representatividad de los Ambientes de Prueba. Campaña 2007-08.....	35
Figura 7. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes de prueba. Campaña 2008-09.	36
Figura 8. a) y b) Comportamiento relativo de J021591 y J040100, campaña 2006-07 c) Comportamiento relativo de J021591, campaña 2007-08.	37
Figura 9. Comportamiento relativo de J040095. a) Campaña 2006-2007, b) Campaña 2007-2008.	39
Figura 10: Biplot GGE para la comparación del desempeño de los genotipos J040095 y J021591.....	41
Figura 11. Biplot GGE para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2006-07.....	42
Figura 12. Biplot GGE para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2007-08.....	43
Figura 13. Biplot GGE para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2008-09.....	44
Figura 14. Ordenamiento de los genotipos en función del comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2006-07.....	45

Figura 15. Orden de los genotipos en función de su comportamiento medio y su estabilidad. Campaña 2007-08.....	46
Figura 16. Orden de los genotipos en función de su comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2008-09.....	47
Figura 17. Orden relativo de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2006-07.	48
Figura 18. Orden relativo de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2007-08.	48
Figura 19. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes. Campaña 2007-08.	49
Figura 20. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes. Campaña 2007-08.	50
Figura 21. Desempeño de J031562. Campaña 2006-07.	51
Figura 22. Comparación del desempeño de J031513 y J031562. Campaña 2006-07. ...	51
Figura 23. Comportamiento relativo de J061163. Campaña 2007-08.....	52
Figura 24. Comportamiento relativo de J061152. Campaña 2007-08.....	53
Figura 25. Comparación del comportamiento relativo de J061152 y J061163. Campaña 2007-08.....	53
Figura 26. GGE biplot para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2006-07.....	54
Figura 27. GGE biplot para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2007-08.....	55
Figura 28. Orden de los genotipos en función de su comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2006-07.....	56
Figura 29. Orden de los genotipos basado en su comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2007-08.....	57
Figura 30. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2006-07.....	58
Figura 31. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2007-08.....	59
Figura 32. Capacidad de discriminación y representatividad. Campaña 2006-07.....	60
Figura 33. Capacidad discriminación y representatividad. Campaña 2007-08.....	60
Figura 34. Comparación del desempeño de los genotipos J031891 y L9968202 en todos los ambientes. Campaña 2006-07.....	61
Figura 35. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2006-07.....	62

Figura 36. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2007-08.	63
Figura 37. Orden de genotipos en función de comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2006-07.	64
Figura 38. Orden de genotipos en función de comportamiento media y estabilidad. Campaña 2007-08.	64
Figura 39. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2007-08.	65
Figura 40. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2008-09.	66
Figura 41. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes. Campaña 2007-08.	67
Figura 42. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes. Campaña 2008-09.	67
Figura 43. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2007-08.	68
Figura 44. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2008-09.	69
Figura 45. Orden de genotipos basado en comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2007-08.	70
Figura 46. Orden de genotipos basado en comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2008-09.	70
Figura 47. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2006-07.	72
Figura 48. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2006-07.	73
Figura 49. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2007-08.	74
Figura 50. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2007-08.	75
Figura 51. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2008-09.	76
Figura 52. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2008-09.	76
Figura 53. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2006-07.	77
Figura 54. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2006-07.	78
Figura 55. Biplot AMMI2 basado en GE. Campaña 2007-08.	79
Figura 56. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2007-08.	79
Figura 57. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2006-07.	80
Figura 58. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2006-07.	81
Figura 59. Biplot AMMI2 basado en la GE Campaña 2007-08.	82

Figura 60. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2007-08.....	83
Figura 61. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2007-08.....	84
Figura 62. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2007-08.....	85
Figura 63. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2008-09.....	86
Figura 64. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2008-09.....	87

ABSTRACT

Soybean (*Glycine max* L. Merrill.) is the higher growing agricultural product in recent years, due to increased demand for meal and oil products, with Argentina in second place in the ranking of the major producing countries. Productivity levels of the oil have been on the rise due to the joint action of suitable breeding and crop management practices. Programs for the development of new cultivars include improving desirable traits such as yield, quality and tolerance or resistance to biotic and abiotic factors, with all of these aspects and their stability across environments, which increase the value of product. Superior cultivars are evaluated through multi-environment trials (EMA) which is one of the main strategies to identify the best genotypes and environments where they can express differentially. Both yield and quality are quantitative traits whose phenotypic expression is the result of the effects of genotype (G), environment (E) and genotype environment interaction (GE). Interaction was defined as the failure of genotypes to achieve the same relative performance in different environments, and their study is essential to predict these behaviors and evaluate stability. It is known that GE interferes with the process of materials evaluation and selection task at all stages of breeding, but also their presence is one of the circumstances of greater importance for use as a criterion in the selection, therefore its determination and analysis are of fundamental importance. The overall objective of this study was to identify combinations of genotypes and environments that maximize grain yield and agronomic performance of advanced soybean lines and analyze test environments, and the specific objectives were: 1. To estimate the influence of genotype, environment and GE, 2. To estimate the presence and nature of GE. 3. To identify potential mega-environments and determine winning genotypes in each mega-environment, 4. To evaluate test environments and 5. To estimate the stability grain yield. Performance data for 80 advanced soybean lines developed by the National Program of Genetic Improvement Soybean of INTA and 32 control varieties were used in three seasons 2006-07, 2007-08 and 2008-09. Both lines and control varieties were classified by maturity group (GM) in four sets: short IV, long IV, V and VI. While genotypes ranged between campaigns within each campaign were the same in all locations, and the data of each set were completely balanced for each test year. To investigate the relative contribution of G, E and GE to total variability, analysis of variance was performed and its components were estimated by the restricted maximum likelihood estimator (REML) using linear mixed models. The GE was analyzed by linear and bilinear Environment Regression Models (SREG) and AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction). The GE was statistically significant in all maturity groups and all evaluated campaigns except 2008-09 in Groups long IV and V and 2006-07 in group VI. In all cases, the primary cause of performance variation was the location (L), providing between 56.9% and 100% of G + E + GE except the tests corresponding to the group V during the 2008-09 campaign where only 3 locations participated. Also, in all cases in which the effect of the interaction was significant, this greatly exceeded the effect of G, except in the group VI 2007-08 season. According to the SREG model for the short IV group, evaluated in three seasons, the J040095, J021591 and J040284 lines were higher yielding, also presenting good stability. J031562 was the best line, beating the witnesses, in the long IV group. In groups V and VI, the J032998, J023746 and J036074 lines outperformed witnesses and showed good level of stability. The environment analysis determined that the localities Salto, Berrotarán and La Carlota had the lowest discrimination power and were redundant in terms of the information provided about the genotypes, whereas Paraná, Marcos Juárez, Belloq, Rafaela and Manfredi highlighted by

its high discrimination ability. All results coincided almost entirely with those obtained with the AMMI analysis. Determining the presence and level of contribution of genotype by environment (GE) and subsequent analysis enabled to select superior genotypes within each set of lines and characterize the environments in GE.

RESUMEN

La soja *Glycine max L. Merrill*, es el producto agrícola de mayor crecimiento en los últimos años, debido al aumento de la demanda de los subproductos harina y aceite, encontrándose Argentina en el segundo puesto del ranking de los principales países productores. Los niveles de productividad de la oleaginosa fueron en franco ascenso, debido a la acción conjunta del mejoramiento genético y las adecuadas prácticas de manejo del cultivo. Los programas para el desarrollo de nuevos cultivares incluyen el mejoramiento de características deseables como el rendimiento, la calidad y la tolerancia o resistencia a factores bióticos y abióticos, siendo todos estos aspectos y su estabilidad a través de los ambientes, los que aumentan el valor del producto. Los cultivares superiores son evaluados a través de ensayos multiambientales (EMA) que constituyen una de las principales estrategias para identificar los mejores genotipos y ambientes donde estos puedan expresarse de manera diferencial. Tanto el rendimiento como la calidad son caracteres cuantitativos cuya expresión fenotípica es el resultado de los efectos del genotipo (G), el ambiente (E) y la interacción genotipo ambiente (GE). La GE ha sido definida como el fracaso de los genotipos en lograr el mismo desempeño relativo en diferentes ambientes y su estudio es fundamental para poder predecir estos comportamientos y evaluar la estabilidad. Es sabido que la GE interfiere con el proceso de evaluación de materiales y con la tarea de selección en todas las etapas de la mejora genética, pero a la vez su presencia constituye una de las circunstancias de mayor importancia para ser utilizada como criterio en la selección, por lo tanto cobra fundamental importancia su determinación y análisis. El objetivo general de este trabajo fue identificar combinaciones de genotipos y ambientes que maximicen el rendimiento de granos y el comportamiento agronómico de líneas avanzadas de soja y analizar ambientes de prueba, y los objetivos específicos fueron: 1. Estimar la influencia del genotipo, del ambiente y de la GE, 2. Estimar la presencia y naturaleza de la GE, 3. Identificar posibles mega-ambientes y determinar genotipos ganadores en cada mega-ambiente, 4. Evaluar ambientes de prueba y 5. Estimar la estabilidad del rendimiento de granos. Se utilizaron datos de rendimiento de 80 líneas avanzadas de soja desarrolladas por el Programa Nacional de Mejoramiento Genético de Soja del INTA y 32 variedades testigo, en tres campañas: 2006-07, 2007-08 y 2008-09. Tanto las líneas como los testigos se clasificaron según su grupo de madurez (GM) en cuatro conjuntos: IV corto, IV largo, V y VI. Si bien los genotipos variaron entre las campañas, dentro de cada campaña fueron los mismos en todas las localidades, así las bases de datos de cada conjunto resultaron totalmente balanceados para cada año de ensayo. Para investigar la contribución relativa de G, E y GE al total de la variabilidad se realizaron análisis de la varianza y se estimaron sus componentes por medio del estimador de máxima verosimilitud restringida (REML), utilizando modelos lineales mixtos. La GE se analizó por medio de modelos lineales y bilineales de regresión por sitio (SREG) y AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction). La GE fue estadísticamente significativa en todos los grupos de madurez y en todas las campañas evaluadas, exceptuando 2008-09 en los grupos IV largo y V y 2006-07 en el grupo VI. En todos los casos la principal causa de variación del

rendimiento fue la localidad (L), aportando entre el 56,9 y el 100% de G+E+GE, excepto en los ensayos correspondientes al grupo V durante la campaña 2008-09, donde solo intervinieron 3 localidades. Asimismo, en todos los casos en los cuales el efecto de la interacción fue significativo, éste superó ampliamente al del G, excepto en el grupo VI campaña 2007-08. Según el modelo SREG, para el conjunto IV corto, en las tres campañas evaluadas, las líneas J040095, J021591 y J040284 fueron las de mayor rendimiento, presentando también buena estabilidad. La línea J031562 fue la mejor, superando a los testigos, en el grupo IV largo. En los grupos V y VI las líneas J032998, J023746 y J036074 superaron en rendimiento a los testigos y mostraron buen nivel de estabilidad. El análisis de los ambientes determinó que las localidades de Salto, Berrotarán y La Carlota fueron las de menor poder de discriminación y redundantes en cuanto a la información que brindaron sobre los genotipos, en tanto que Paraná, Marcos Juárez, Belloq, Rafaela y Manfredi se destacaron por su alta capacidad de discriminación. Los resultados fueron coincidentes casi en su totalidad con los obtenidos con el análisis AMMI. La determinación de la presencia y nivel de contribución de la interacción genotipo por ambiente (GE) y su análisis posterior permitió seleccionar genotipos superiores dentro de cada conjunto de líneas así como caracterizar a los ambientes en GE.

INTRODUCCIÓN

La soja *Glycine max* L. Merrill. es el producto agrícola de mayor crecimiento en los últimos años, debido al aumento de la demanda generado por el incremento del consumo de los subproductos de la oleaginosa, especialmente harina y aceite. Según informó el Departamento de Agricultura de Estados Unidos (USDA) la producción mundial 2013/14 fue de 283,79 millones de toneladas, unos 14 millones de toneladas superior a lo producido globalmente en la campaña anterior (fyo.com, 2014).

En el mercado mundial de la soja, dada la concentración de la oferta, los principales países exportadores son también los principales productores y en aquellos años en los que la cosecha disminuye, cambia la participación del mercado. Por ejemplo, Brasil cosechaba en la campaña 2003/04 51 millones de toneladas mientras que en la campaña 2013-14 su producción alcanzó las 87 millones de toneladas, evidenciando un salto del 70 % en la producción. Además en el mismo período, sus exportaciones se duplicaron pasando de 20 millones de toneladas a 45 millones. En la campaña 2013-14 el país sudamericano se convirtió en el principal exportador, con el 44 % del total de las exportaciones y superando a EEUU que exportó el 42 % del total. Del lado de la demanda, la mayor concentración de las importaciones de soja le corresponde a China con compras por 69 millones de toneladas en la campaña 2013-14, el 66% de las importaciones totales (fyo.com, 2014).

Argentina se encuentra en el tercer puesto en el orden de los principales países productores, con 45 millones de toneladas, luego de Brasil y Estados Unidos con 74 y 86 millones de toneladas respectivamente, concentrándose la siembra en un 75 % en la zona sur de Santa Fe, Norte de Buenos Aires y Sudeste de Córdoba (Figura 1) (fyo.com, 2014).

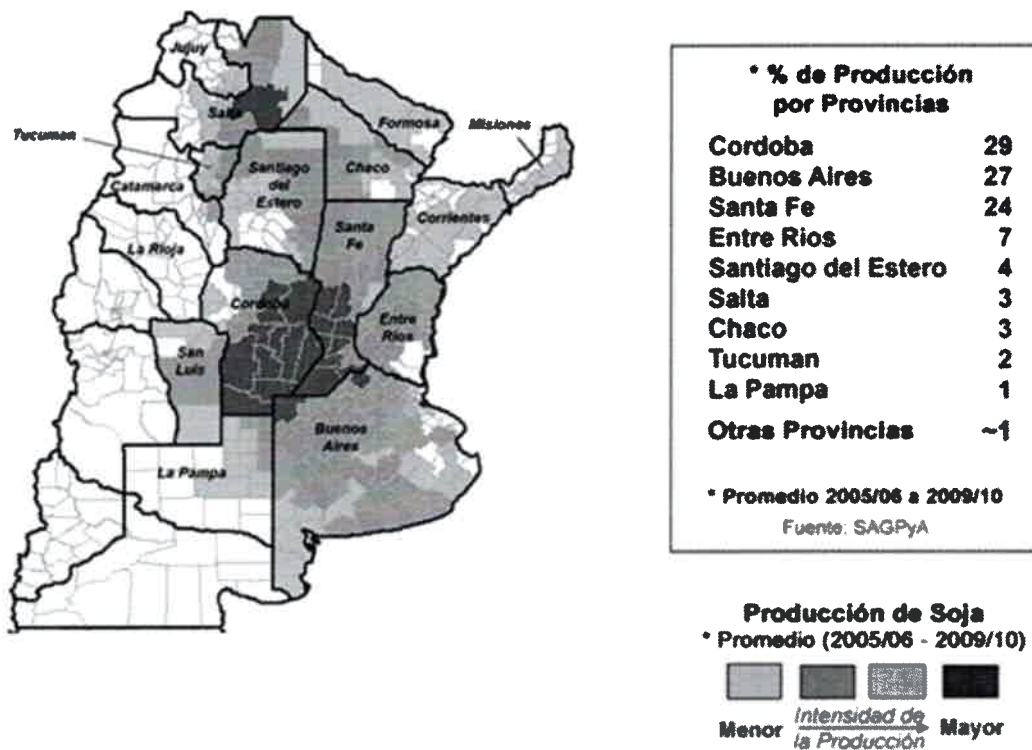


Figura 1. Producción de Soja en Argentina. Fuente SAGPyA, 2014.

Los niveles de productividad de la oleaginosa ascendieron, debido a la acción conjunta del mejoramiento genético y las adecuadas prácticas de manejo del cultivo.

Los programas para el desarrollo de nuevos cultivares incluyen el mejoramiento de características deseables como el rendimiento, la calidad y la tolerancia o resistencia a factores bióticos y abióticos, siendo todos estos aspectos y su estabilidad a través de los ambientes, los que aumentan el valor del producto (Rao *et al.*, 2002).

Los cultivares superiores son evaluados a través de ensayos multiambientales (EMA) que constituyen una de las principales estrategias para identificar los mejores genotipos y los ambientes donde estos puedan expresarse de manera diferencial (Balzarini *et al.*, 2005). Debido a esto alrededor del mundo se conducen múltiples ensayos de este tipo para la mayoría de los cultivos. Sin embargo su correcta interpretación para tomar las decisiones adecuadas de selección es un desafío para los investigadores, por lo que dicha interpretación cobra fundamental importancia (Yan y Rajcan, 2002).

Tanto el rendimiento como la calidad son caracteres cuantitativos cuya expresión fenotípica es el resultado de los efectos del genotipo (G), el ambiente (E) y la interacción genotipo ambiente (GE), según el siguiente modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + E_j + GE_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

donde Y_{ij} es la respuesta del genotipo i en el ambiente j , μ es la media poblacional, G_i es el efecto del Genotipo i , E_j el efecto del ambiente j , GE_{ij} representa el efecto de la interacción del genotipo i con el ambiente j y ε_{ij} es el término del error aleatorio.

Dado que la GE prácticamente siempre está presente y que evaluando las mismas localidades (L) y genotipos, la principal fuente de variación es la interanual, mientras más número de años se testeen los genotipos, más confiables serán los resultados de esa evaluación. Por lo tanto, una base de más años de ensayos de rendimiento puede predecir mejor el desempeño de los cultivares en los años subsiguientes, por eso se recomienda en los ensayos regionales que la selección se realice en base a ensayos en múltiples localidades y campañas (Yan y Rajcan, 2003).

Las diferencias ambientales entre localidades o años, relacionadas con factores como temperatura, precipitaciones, radiación, tipo de suelo, nivel de fertilidad, dan como resultado variaciones inconsistentes en el comportamiento de los genotipos, debidas a la interacción genotipo ambiente.

Baker (1988) definió a la GE como el fracaso de los genotipos en lograr la misma performance relativa en diferentes ambientes, mencionando que su estudio es fundamental para poder predecir estos comportamientos y evaluar la estabilidad.

Cuando se evalúa germoplasma vegetal es necesario realizar EMA, ya que permiten aumentar la inferencia y la potencia para explorar la interacción de los genotipos con los ambientes. Estos ensayos se conducen en distintas localidades durante varios años con el objetivo de comparar rendimientos promedios y estabilidad de los rendimientos de los genotipos sobre varios ambientes y promedios de rendimientos en ambientes específicos (Balzarini *et al.*, 2005). Cuando en estos EMA hay presencia de GE, combinaciones de ciertos genotipos en ciertos ambientes podrían resultar en respuestas fenotípicas superiores a lo esperado respecto de los efectos de genotipo + ambiente, y si bien esto representa una complicación debido a que se ha de practicar mejoramiento para condiciones específicas, se puede llegar a capitalizar su existencia, seleccionando o

recomendando genotipos en función de su grado de adaptación a los ambientes (Vencovsky y Barriga., 1992). Es sabido que la GE interfiere con el proceso de evaluación de materiales y con la tarea de selección en todas las etapas de la mejora genética, pero a la vez su presencia constituye una de las circunstancias de mayor importancia para ser utilizada como criterio en la selección, por lo tanto cobra fundamental importancia su determinación y análisis.

Un aspecto muy relevante del análisis de la GE es la posibilidad de detectar mega-ambientes, cuya determinación es muy importante en la evaluación de los genotipos y su posterior recomendación (Baker, 1988). Esto permitirá determinar si la región de estudio es homogénea o no, para luego seleccionar los cultivares superiores para uno o cada mega-ambiente, lo que requiere conocer el patrón de interacción de los EMA y su relación con los objetivos del mejoramiento (Yan, 1999).

Los mega-ambientes se definen de diferentes modos, por ejemplo el centro internacional de mejoramiento de maíz y trigo (CYMMYT) en el contexto global del mejoramiento genético del trigo, se refirió a ellos como áreas extensas, no necesariamente continuas, que pueden trascender países e inclusive continentes y que están determinadas por condiciones similares de estrés biótico y abiótico, de técnicas de manejo del cultivo y niveles de producción (Braun *et al.*, 1996), estableciendo con este criterio 12 mega-ambientes para trigo en el mundo.

Por otra parte, (Gauch, 1996; Gauch y Zobel, 1997) definen a los mega-ambientes tomando como referencia que los requerimientos de los genotipos en diferentes regiones son debidos a la GE, por lo tanto una región en la cual un grupo de genotipos de una determinada especie se comportan de manera similar debido a la presencia de condiciones ambientales homogéneas, constituyen un mega-ambiente. Asimismo, Yan y Rajcan (2002) definen los mega-ambientes expresando que si al evaluar los datos provenientes de EMA pueden detectarse conjuntos de localidades que separan los mejores grupos de genotipos repetidamente a través de los años, quedan definidas subregiones o mega-ambientes. Aclarando que un mega-ambiente simple estaría determinado por una parte de una región donde no hay interacción repetible con crossover, por lo tanto para un mega-ambiente dado existen cultivares cuya performance es mejor durante varias campañas en todos los sitios que lo forman, y lo diferencian de un mega-ambiente complejo en el cual

hay interacción con crossover pero no es repetible a través de los años. De modo que si el mega-ambiente es simple, con pocos sitios de prueba basta como para evaluar los cultivares, en cambio si el mega-ambiente es complejo se necesitan más sitios para seleccionar a los cultivares superiores en toda la región y todas las campañas.

Otra posibilidad que ofrecen los datos que aportan estos ensayos es la de evaluar los ambientes de prueba en varios aspectos importantes:

- 1- La capacidad del ambiente de discriminar genotipos.
- 2- Su capacidad de representar al mega-ambiente.
- 3- Su singularidad.

Un ambiente "ideal" de prueba sería uno que aporta mucha información sobre los genotipos (capacidad de discriminar), que además represente al mega- ambiente y que no sea redundante con otros ambientes. Cuando detectamos ambientes que no son singulares, es decir que la información que aportan sobre los genotipos es siempre similar a la aportada por otros ambientes, y además son poco informativos, entonces es posible, luego de evaluar datos de varios años, eliminar estas localidades de prueba, con una consecuente disminución de los costos y un aumento de la eficiencia dada por el uso de un mínimo conjunto de ambientes (Yan *et al.*, 2007)

Con respecto a los genotipos, la información que aportan los EMA permite también evaluar su adaptabilidad, es decir su capacidad para tener buen desempeño ante determinadas condiciones del ambiente. Además se puede identificar el tipo y tamaño de la interacción de modo que sus efectos puedan ser maximizados para el desarrollo de germoplasma específicamente adaptado o minimizados para el desarrollo de material ampliamente adaptado (Balzarini *et al.*, 2005).

En resumen, el estudio de los datos provenientes de EMA puede incluir tres aspectos: 1- análisis de mega-ambientes 2- evaluación de ambientes de prueba y 3- evaluación de genotipos.

Dado que la presencia de GE complica la interpretación de los resultados de los ensayos en la investigación agrícola, se dedican muchos esfuerzos en el estudio y la interpretación de la interacción (Vargas *et al.*, 2001).

Los primeros trabajos sobre GE fueron hechos por Byth y Mungomery (1981) sin embargo su análisis ha recibido mayor atención por parte de fitomejoradores y genetistas a partir de 1990 (Kang, 1990; Gauch, 1992; Rao *et al.*, 1993; Kang y Gauch, 1996). Generalmente la presencia de interacción es detectada mediante el análisis de la varianza (ANAVA), sin embargo el ANAVA para datos multiambientales no explora la estructura dentro de la GE observada y falla en la determinación de patrones de respuesta para genotipos y ambientes (Vargas *et al.*, 2001). Ya en el pasado se hizo mucho énfasis en determinar las diferencias estadísticas entre los genotipos en diferentes ambientes y por medio de diferentes metodologías, caracterizar a los genotipos como estables o inestables a través de los ambientes, lo que se asemeja más a la detección de un síntoma y no a la causa del problema (Kang, 1990).

Se han desarrollado muchos métodos para analizar la GE incluyendo los análisis AMMI (Additive main effects and multiplicative interaction) (Gauch, 1988; Gauch, 1992) y SREG (Modelo de Regresión por Sitio) (Cornelius *et al.*, 1996; Crossa y Cornelius, 1997; Crossa *et al.*, 2002) llamado también GGE (G+GE) (Yan y Kang, 2003; Yan y Tinker, 2006), ambos utilizaron como herramienta de visualización de datos el gráfico biplot (Gabriel, 1971) que ya fuera empleado tempranamente por (Bradu y Gabriel, 1978; Kempton, 1984; Cooper y DeLacy, 1994) en el análisis de datos de GE.

Con estos modelos es posible interpretar las correlaciones entre genotipos y ambientes responsables de la interacción y que, cuando se combinan con las medias de los genotipos, permiten evaluar al mismo tiempo rendimientos y estabilidad de rendimientos.

Los tres aspectos incluidos en el estudio de los datos provenientes de ensayos multiambientales pueden ser analizados mediante el uso del modelo de Regresión por sitio que removiendo el efecto del ambiente, expresa la respuesta en función del G y la GE y pueden ser visualizados mediante biplot GGE. Estos son recomendados cuando los ambientes son comparativamente la fuente de variación más importante, lo que es muy común en la práctica (Balzarini *et al.*, 2005), tal como se evidencia en estudios previos realizados con cultivares de soja y otras especies en Argentina, Canadá, Mexico y EEUU entre otros (Yan *et al.*, 2000; Yan y Rajcan, 2002; Bacigaluppo *et al.*, 2006; Blanche y Myers, 2006; Dardanelli *et al.*, 2006).

Para explorar los patrones puramente atribuibles a los efectos de interacción pueden utilizarse gráficos Biplot contruidos a partir del modelo AMMI, que remueve tanto los efectos de genotipo como de ambiente.

HIPÓTESIS

Cuando las diferencias entre los genotipos en la expresión de un carácter cuantitativo cambian en función del ambiente, el estudio del tipo y magnitud de interacción genotipo ambiente permite seleccionar genotipos y ambientes que potencian dicha expresión.

OBJETIVO GENERAL

Identificar combinaciones de genotipos y ambientes que maximicen el rendimiento de granos y el comportamiento agronómico de líneas avanzadas de soja y analizar ambientes de prueba.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Estimar la influencia del genotipo, del ambiente y de la interacción genotipo ambiente en el rendimiento de granos en líneas avanzadas de soja.

Estimar la presencia y naturaleza de la interacción genotipo ambiente para rendimiento de granos.

Evaluar ambientes de prueba.

Evaluar genotipos en relación a los ambientes.

Estimar la estabilidad de los genotipos para la variable rendimiento de granos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal

Se utilizaron datos de rendimiento de 80 líneas avanzadas de soja desarrolladas por el Programa Nacional de Mejoramiento Genético de Soja del INTA y 32 variedades testigo. Tanto las líneas como los testigos se clasificaron según su grupo de madurez (GM) en cuatro conjuntos. Al primer conjunto se lo denominó IV corto y fue integrado por líneas pertenecientes tanto al GM III como al IV corto ya que muy pocas líneas de las

evaluadas pertenecían al primer GM; el segundo conjunto denominado IV largo se formó por líneas del GM IV, el tercer conjunto con líneas del GM V y el cuarto por líneas del GM VI.

El detalle de los genotipos evaluados se presenta en la Tabla I.

Tabla 1. Genotipos de soja por conjunto, según su grupo de madurez.

IV CORTO	IV LARGO	V	VI
A3550RG	A4613RG	A5520RG	A6126RG
A3901RG	A4910RG	A5634RG	A6411RG
A4303RG	BIO4.8	A5777RG	J023746
BIO4.2	DM4600	A5901RG	J035914
DM3700	DM4670	J023746	J036074
DM4200	DM4800	J024074	J035352
J021526	DM4870	J031303	DM6200
J021591	J031444	J031891	L9649001
J040049	J031513	J032036	L9756701
J040057	J031542	J032998	L9757504
J040095	J031562	J051109	L9960301
J040100	J061139	J051117	LAE96490
J040103	J061152	J051134	LAE97575
J040284	J061163	J051143	RAR605
J040551	J071283	J051205	RA625
J040577	J071342	J051212	
J071017	J071390	J051236	
J071029	J071398	J051260	
J071055	J071412	J051303	
J071239	J071561	J061935	
J071353	LB344-04	J061956	
J071392	LB357-04	J062305	
J071424	LB376-04	L9960301	
J071486	LB431-04	L9968202	
LB343-04	LEB3-07-4L	L9972402	
LB372-04	LEB37-07-4L	LAE9968	
LB434-04	LEB38-07-4L	LAE9972	
LB437-04	LEB403-04-4L	MARIA50	
LEB216-04-4C	TJS2049	NA5009RG	
LEB384-04-4C		NA5485RG	
LEB51-07-3L		NMARIA55	
LEB65-07-3L		MARIA55	
NA3933RG			
NA4209RG			
NK43-00			
SPS3900			

Los nombres resaltados en negrita corresponden a las variedades testigo.

Los genotipos variaron entre las campañas, pero dentro de cada campaña fueron los mismos en todas las localidades, así las bases de datos de cada conjunto resultaron totalmente balanceadas para cada año de ensayo.

Ambientes de prueba

Las evaluaciones se realizaron durante tres campañas: 2006-07, 2007-08 y 2008-09, en 16 localidades que constituyeron los ambientes y variaron entre los conjuntos de genotipos y entre los años. El mapa del anexo 1 incluye la ubicación de las localidades. El detalle de las campañas y de los conjuntos de genotipos evaluados en ellas se visualiza en la Tabla 2. Marcos Juárez fue tomada como localidad de referencia debido a que en la misma, se ensayaron los genotipos de todos los grupos en todas las campañas. Del mismo modo también se hicieron evaluaciones extra en algunas líneas de mejor desempeño.

Tabla 2. Localidades, campañas y conjuntos de genotipos evaluados.

Localidad	Provincia	Geo-referenciación	Campaña	Conjunto
Balcarce	Buenos Aires	37° 48'LS 58° 12' LW	07-08	IV Corto
			07-08	IV Largo
Bellocq	Buenos Aires	35° 54'LS 61°30' LW	06-07, 07-08	IV Corto
			06-07, 07-08	IV Largo
Berrotarán	Córdoba	32° 30'LS 64° 24' LW	06-07, 07-08	IV Corto
			06-07, 07-08	IV Largo
			06-07	V
Bordenave	Buenos Aires	37° 48'LS 63° 03' LW	07-08	IV Corto
			07-08	IV Largo
Corral de Bustos	Córdoba	33° 18'LS 62° 12' LW	07-08, 08-09	IV Corto
			07-08, 08-09	IV Largo
Coronel Suárez	Buenos Aires	37° 30'LS 61° 54' LW	06-07	IV Corto
			06-07, 07-08	IV Largo
Inriville	Córdoba	32° 54'LS 62° 12' LW	07-08, 08-09	IV Corto
			07-08	IV Largo
La Carlota	Córdoba	33° 24'LS 63° 18' LW	07-08	IV Corto
			06-07, 07-08	IV Largo
			07-08	V
			07-08	VI
Marcos Juárez	Córdoba	32° 42'LS 62° 06' LW	06-07, 07-08, 08-09	IV Corto
			06-07, 07-08	IV Largo
			06-07, 07-08	V
			07-08, 08-09	VI
Paraná	Entre Ríos	31° 44'LS 60° 32' LW	06-07, 07-08	IV Corto
			06-07, 07-08	IV Largo
			06-07, 07-08	V
			07-08, 08-09	VI
Salto	Buenos Aires	34° 18'LS 60° 12' LW	06-07	IV Corto
			06-07, 07-08	IV Largo

Tres arroyos	Buenos Aires	38° 21' LS 60° 15' LW	07-08	IV Largo
Manfredi	Córdoba	31° 48' LS 63° 42' LW	07-08 07-08, 08-09	V VI
Rafaela	Santa Fe	31° 18' LS 61° 30' LW	06-07, 07-08 07-08	V VI
San Justo	Buenos Aires	34° 40' LS 58° 33' LW	06-07, 07-08	V
Villa Fontana	Córdoba	30° 54' LS 63° 06' LW	06-07	V

Todos los ensayos se realizaron de acuerdo a las prácticas culturales recomendadas para el cultivo y se utilizaron diseños en bloques al azar, con tres repeticiones, con unidades experimentales que variaron en superficie entre las localidades y las campañas. Se cosecharon las parcelas completas y luego se calculó el rendimiento en kg/ha.

Análisis estadísticos

Todos los análisis estadísticos se realizaron independientemente para cada conjunto de genotipos en cada una de las campañas agrícolas.

Para investigar la contribución relativa de G, E y GE al total de la variabilidad, se estimaron los componentes de varianza por medio del estimador de máxima verosimilitud restringida (REML) utilizando modelos mixtos.

La interacción genotipo por ambiente (GE) se analizó por medio de modelos lineales y bilineales (Gollob, 1968), que separan la porción de interacción dada por la heterogeneidad de las regresiones de genotipos sobre las medias ambientales de la debida al error. Los modelos lineales-bilineales representan la versión multivariada de los procedimientos con interacción multiplicativa (Cornelius *et al.*, 1992 ; Crossa *et al.*, 1993; Crossa *et al.*, 1995; Crossa y Cornelius, 1997; Crossa *et al.*, 2002). El nombre lineal-bilineal se debe a que el modelo para la respuesta del genotipo *i* en el ambiente *j* comprende una parte que abarca los efectos aditivos principales de genotipo y de ambiente (componentes lineales) y también uno o más términos multiplicativos para explicar patrones en el término de la GE (componentes bilineales). Comúnmente la parte aleatoria del modelo involucra al término del error y a la varianza residual del término de

interacción, por ejemplo la parte de la interacción GE no explicada por el modelo multiplicativo. La ecuación de un modelo lineal-bilineal para la respuesta de un genotipo en un ambiente dado puede expresarse como:

$$y_{ij} = \mu + G_i + E_j + \sum_{n=1}^r \lambda_n \xi_{ni} \eta_{nj} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

donde G_i es el efecto del genotipo i , E_j es el efecto del ambiente $\sum_{n=1}^r \lambda_n \xi_{ni} \eta_{nj}$ es la sumatoria de términos multiplicativos que modela la interacción GE, compuesta por el parámetro de interacción del j -ésimo ambiente, denotado por η_{nj} , del i -ésimo genotipo para la misma componente o eje, denotado por ξ_{ni} y el autovalor (medida de variación) asociado al eje y denotado por λ_n . El parámetro ρ_{ij} representa la porción del ij -ésimo término de interacción GE no explicado por el modelo multiplicativo y ε_{ij} es el término de error aleatorio. El término ξ_{ni} puede ser interpretado como sensibilidad genotípica a los factores ambientales latentes, los cuales son representados por η_{nj} en el j -ésimo ambiente.

La estimación de los parámetros de GE en un modelo lineal bilineal de efectos fijos y para tablas de datos balanceados se hace por medio de la descomposición por valor singular (SVD) de una matriz Z , que contiene los residuos del modelo aditivo luego de ajustar por mínimos cuadrados el modelo de efectos principales que contiene los efectos que se quieren descontar.

El cociente entre la suma de los n primeros valores singulares y la suma de todos los valores singulares representa la proporción de la variabilidad total en Z explicada por las n primeras componentes (CP1 a la CPn). Las componentes obtenidas a partir de los autovectores de la SVD de Z son ordenadas de mayor a menor en función a los autovalores asociados. La SVD de Z , provee los autovectores que contienen los coeficientes de genotipos y ambientes respectivamente. Generalmente los dos primeros términos multiplicativos son suficientes para explicar los patrones de interacción, la variabilidad remanente se interpreta como aquella que no se puede explicar.

Los coeficientes de genotipos y ambientes del término de interacción de un modelo lineal-bilineal son generalmente visualizados por medio de gráficos biplot

(Gabriel, 1971) que facilitan la identificación de los genotipos y ambientes más importantes para explicar los patrones de la GE.

Modelo SREG y Biplot GGE

Descripción

Los modelos de regresión por sitio (SREG) (Cornelius *et al.*, 1996; Crossa y Cornelius, 1997; Crossa *et al.*, 2002), son modelos lineales-bilineales que remueven el efecto del ambiente y sólo expresan la respuesta en función de G y GE. Éstos son recomendados cuando los ambientes constituyen la fuente de variación más importante en relación a la contribución de los genotipos y la GE sobre la variabilidad total, situaciones éstas muy comunes en la práctica.

Para visualizar los patrones de interacción descontando los efectos del ambiente (datos centrados por sitio), (Yan *et al.*, 2000) proponen los gráficos GGE biplots. A partir de estos gráficos se puede investigar por ejemplo, la diferenciación de mega-ambientes entre los ambientes en estudio y seleccionar cultivares superiores en un mega-ambiente dado.

Estos gráficos se construyen a partir de la descomposición de los datos mediante un análisis de componentes principales, centrados previamente por el efecto de ambiente. De modo que la matriz residual queda formada por los efectos del genotipo y la interacción genotipo por ambiente y es a esta matriz a la que se somete a SVD. Por lo tanto los biplot GGE son una excelente herramienta para evaluar el desempeño de los cultivares ya que muestran conjuntamente los efectos de G y GE, los únicos relevantes en este tipo de evaluaciones hecho que permite realizar selección tanto por estabilidad como por rendimientos promedio.

El modelo para construir un biplot GGE con las dos primeras CP, a partir de la SVD de datos centrados por efecto de ambientes (Yan y Hunt, 2002) es:

$$y_{ij} - \bar{y}_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

Donde y_{ij} es el rendimiento medio del genotipo i en el ambiente j , \bar{y}_j es la media de los genotipos en el ambiente j , λ_1 y λ_2 son los autovalores para la CP1 y CP2 respectivamente, ξ_{i1} y ξ_{i2} son los coeficientes del genotipo i en la CP1 y CP2 respectivamente, η_{j1} y η_{j2} son los coeficientes del ambiente j en la CP1 y CP2 respectivamente y ε_{ij} es el término residual asociado a la observación promedio del genotipo i en el ambiente j centrado por el efecto del ambiente j .

El GGE biplot basado en las dos primeras componentes es construido graficando $\lambda_1 \xi_{i1} y \lambda_1 \eta_{j1}$ versus $\lambda_2 \xi_{i2} y \lambda_2 \eta_{j2}$.

Para un genotipo dado en un ambiente en particular, el rendimiento centrado por el ambiente sería igual al producto del coeficiente del genotipo en la CP1 por el coeficiente del ambiente en la misma componente, más el producto del coeficiente del genotipo en la CP2 por el coeficiente del ambiente en la CP2, ambos productos son multiplicados por los autovalores en la CP1 y CP2 respectivamente (Balzarini *et al.*, 2005).

Geoméricamente, el rendimiento centrado por el ambiente dado un genotipo en una determinada localidad, estaría representado por la distancia del vector que nace en el centro del biplot hasta la marca de la localidad (siempre positiva), multiplicado por la longitud del vector del mismo origen hasta la marca del genotipo (ya sea positiva o negativa) y por el coseno del ángulo entre ambos vectores (Kroonenberg, 1995).

Esto permite visualizar similitudes y diferencias entre las localidades en su diferenciación de genotipos, y similitudes y diferencias de los genotipos en su respuesta a las localidades, así como la naturaleza ya sea positiva o negativa y la magnitud de la interacción entre genotipos y localidades.

Modelo AMMI: Gráfico AMMI1 y biplot AMMI2

Descripción

Los modelos AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) llamados por Zobel *et al.*, (1988) y Gauch (1988) modelos de efectos aditivos e interacción

multiplicativa, fueron los primeros modelos lineales bilineales utilizados en ensayos agrícolas multiambientales.

El modelo AMMI es representado mediante el siguiente modelo estadístico:

$$y_{ij} = \mu + G_i + E_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

donde:

y_{ij} : Es el rendimiento medio de un genotipo i en un ambiente j .

μ : Es la media general de las observaciones

G_i : Es el efecto del genotipo i

E_j : Es el efecto del ambiente j .

λ_k : Es el autovalor del eje k de componentes principales.

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

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

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

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

Los gráficos biplot asociados al modelo AMMI se obtienen a partir de la descomposición por valor singular de la matriz de residuos de un modelo que ajusta los datos por los efectos de ambientes y también por los efectos de genotipo. Así el patrón de los residuos es usado para explorar patrones puramente atribuibles a los efectos GE.

Estos biplots suelen denominarse como AMMI2, AMMI3, AMMI_n dependiendo del número de componentes utilizadas. El gráfico del AMMI1 permite visualizar la interacción junto con los niveles promedio de rendimiento ya que muestra a la CPI en la ordenada y el rendimiento o la variable de interés en la abscisa. De este modo, aquellos genotipos y ambientes que queden cercanos al cero de la ordenada, serán los que menos contribuyan a la GE. En el biplot del AMMI2 se utilizan las dos primeras componentes principales de modo que los genotipos más cercanos al cero en la CPI serán los más adaptados a los ambientes de prueba o los que menos contribuyen a la GE.

En los análisis de los datos se utilizaron los paquetes estadísticos Info-gen (Balzarini y DiRienzo, 2014) y GGEbiplot (Yan y Kang, 2003)

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

1. Análisis de la Varianza

La GE fue estadísticamente significativa en todos los grupos de madurez y en todas las campañas evaluadas, excepto en 2008-09 en los grupos IV largo y V y en 2006-07 en el grupo VI. Para la serie de datos de esta última campaña y grupo tampoco resultó significativo el efecto de genotipo (Tabla 3).

Tabla 3. Análisis de la Varianza para todos los grupos y campañas.

Grupo de Madurez	Campaña	Fuente de Variación	Grados de Libertad	Cuadrado Medio
IV CORTO	2006-07	E	5	28151673,79 **
		G	15	563685,26 **
		GE	75	202018,41 **
	2007-08	E	10	50345966,73 **
		G	7	1129468,37 **
		GE	170	180875,40**
	2008-09	E	2	9135755,22 **
		G	18	214502,20 **
		GE	36	113899,26 **
IV LARGO	2006-07	E	6	18702972,08 **
		G	9	420259,24 **
		GE	54	209970,93 **
	2007-08	E	11	50188779,90 **
		G	13	1932446,64 **
		GE	143	266814,63 **
	2008-09	E	2	10133277,18 **
		G	18	372971,36 **
		GE	36	55267,90
V	2006-07	E	5	17687761,08 **
		G	13	552123,76 **
		GE	65	843770,02 **
	2007-08	E	5	14817502,65 **
		G	19	512667,73 **
		GE	95	342747,25 **
	2008-09	E	2	666494,53 **
		G	10	720728,75 **
		GE	20	243881,73
VI	2006-07	E	4	16965820,08 **
		G	5	84884,81
		GE	20	68710,57
	2007-08	E	4	38005746,79 **
		G	10	902018,39 **
		GE	40	163600,48 **
	2008-09	E	2	4068227,74 **
		G	10	463466,83 **
		GE	20	252866,77 **

E: Ambiente, G: Genotipo, GE: Interacción genotipo ambiente

2. Análisis de Componentes de Varianza

Los resultados del Análisis de Componentes de Varianza para los grupos y campañas en los cuales la GE fue significativa estadísticamente se presentan en la Tabla 4, donde se visualizan las contribuciones relativas del G, E y GE.

Tabla 4. Componentes de Varianza.

Grupo de Madurez	Campaña	Fuente de Variación	% de G, E y GE
IV CORTO	2006-07	E	90,8
		G	3,1
		GE	6,1
	2007-08	E	93,9
		G	2,9
		GE	3,2
	2008-09	E	82,9
		G	5,9
		GE	11,2
IV LARGO	2006-07	E	92,7
		G	1,5
		GE	5,8
	2007-08	E	92,1
		G	3,6
		GE	4,3
V	2006-07	E	64,3
		G	2,6
		GE	33,1
	2007-08	E	72,1
		G	2,8
		GE	25,1
VI	2007-08	E	93,7
		G	4,0
		GE	2,3
	2008-09	E	56,9
		G	11,6
		GE	31,5

E: Ambiente, G: Genotipo, GE: Interacción genotipo ambiente

En todos los casos la principal causa de variación del rendimiento fue E aportando entre el 56,9 y el 93,9 % de G+E+GE, excepto en los ensayos correspondientes al grupo V durante la campaña 2008-09, donde solo intervinieron 3 localidades. Asimismo, en todos los grupos evaluados a través de las campañas, en los cuales el efecto de la interacción fue significativo, éste superó ampliamente al del G, excepto en el grupo VI campaña 2007-08. Resultados similares obtuvieron Yan *et al.* (2000) analizando datos de rendimiento de ensayos multiambientales de trigo en Ontario durante las campañas 1989 a 1998, donde los porcentajes que aportó el efecto del ambiente a la variación oscilaron entre 90,7 y 53,1 %, y la contribución de los efectos de la GE fueron superiores a los de G en la mayoría de las campañas. Asimismo Yan y Rajcan (2002) analizando datos de rendimiento de soja durante las campañas 1994-1999 en la región de Ontario, hallaron que la si bien la magnitud de la contribución de la GE varió entre campañas, en todas su efecto fue tan importante como el de G, justificando esto la consideración de la GE en la evaluación de los cultivares.

La gran magnitud de la variación debida a E, la cual no es relevante para la evaluación de cultivares y mega ambientes, justifica la elección del modelo SREG como apropiado para analizar datos multiambientales (Fox y Rosielle, 1982; Gauch y Zobel, 1996).

3. Modelo SREG y Biplot GGE

En un gráfico biplot GGE se observan los datos de rendimiento centrados por el ambiente.

3.1. Interpretación de los gráficos biplot GGE para los genotipos del grupo de madurez IV corto

3.1.1. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez

Para identificar los mejores genotipos en un ambiente usando un GGE biplot, Yan y Hunt (2002) sugieren trazar una línea que pasando por el origen del gráfico también pase por la marca que identifica a la localidad. Las perpendiculares a ésta recta que pasan por los identificadores de los genotipos, proveen un orden de éstos en ese ambiente. Todos aquellos genotipos cuyas perpendiculares a la línea del ambiente, queden entre el identificador del ambiente y otra línea perpendicular a la primer línea trazada que también

pasa por el centro del gráfico, son los genotipos que rinden por arriba del promedio en ese ambiente, en tanto que los que quedan del otro lado rinden por debajo del promedio.

En la localidad Marcos Juárez (Figura 2) durante la campaña 2006-07 en la que se evaluaron dieciséis genotipos en seis localidades, el orden de los de rendimiento superior a la media sería: DM4200 seguido por NA4209RG, J040095, J040103, A3901RG, J040057 y J040284. Alrededor del rendimiento medio de la localidad estarían las líneas J040049, J021526, A4303RG, y J021591, en tanto que DM3700, A3550RG, J040100, J040551 y J040577 estarían por debajo, siendo este último el de peor desempeño.

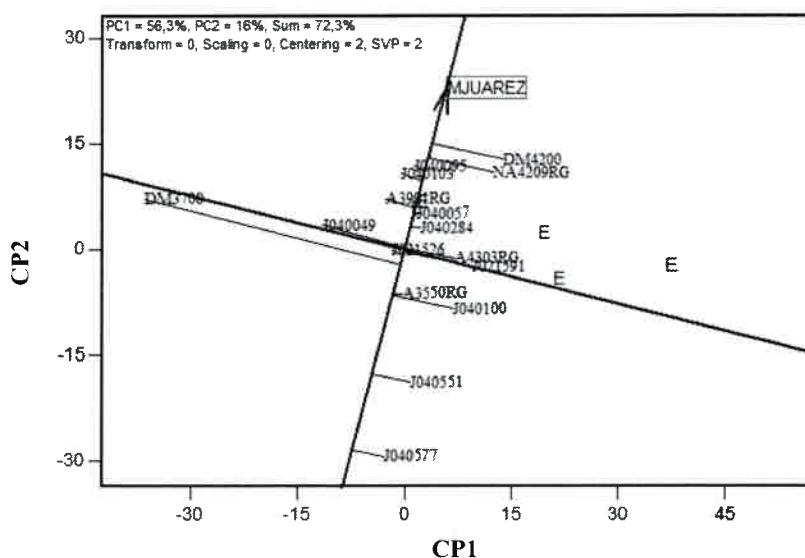


Figura. 2. Biplot GGE para la identificación del desempeño de genotipos en la localidad Marcos Juárez. Campaña 2006-07.

En la campaña agrícola 2007-08 se evaluaron en once localidades un total de dieciocho genotipos, algunos de éstos coincidentes con los de la campaña anterior. Como muestra la Figura 3 varios de los que tuvieron un desempeño superior al promedio de la localidad, en la campaña anterior repitieron ese patrón, es el caso de DM4200, NA4209RG, J040095 y J040103. Lo mismo ocurrió con aquellos genotipos que se ubicaron alrededor de la media, como J021591, J021526 y NA3933RG.

El genotipo DM3700 que en la campaña anterior había tenido un desempeño inferior a la media, durante ésta campaña fue el genotipo de mayor rendimiento para la localidad, este cambio en su respuesta podría llegar a explicarse por las condiciones meteorológicas de 2006-07 que atrasaron la cosecha y tratándose de un genotipo de ciclo muy corto esto podría haber disminuido su rendimiento. Otros genotipos no ensayados en 2006-07 y que tuvieron buen desempeño en la campaña siguiente fueron NK 43-00, SPS3900 y J040284 (Figura 3).

El genotipo J040057, en esta campaña se mostró por debajo de la media, contrariamente a su performance en la campaña anterior y J040049 pasó de rendimientos cercanos a la media en 2006-07 a inferiores en 2007-08.

Todas las líneas LB mostraron rendimientos muy inferiores al promedio de la localidad.

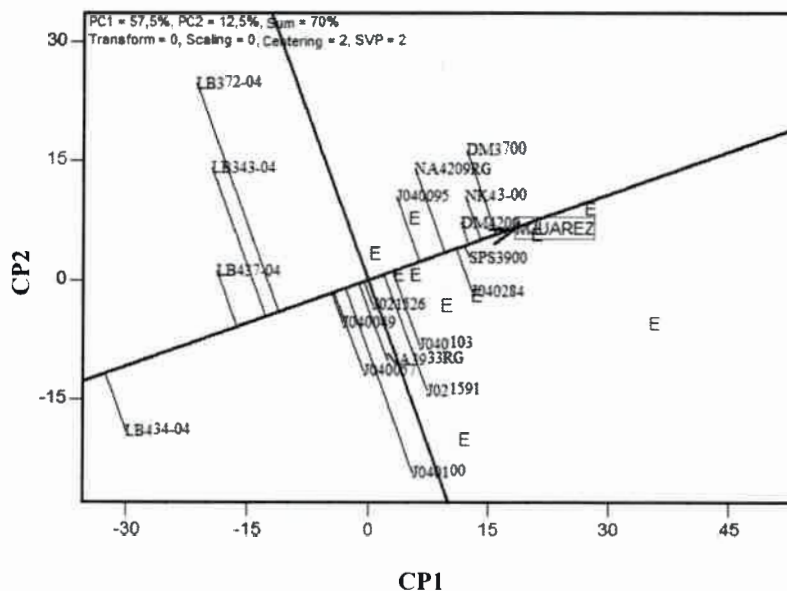


Figura 3. Biplot GGE para la identificación del desempeño de genotipos en la localidad Marcos Juárez. Campaña 2007-08.

Durante la campaña 2008-09 en la que se evaluaron 19 genotipos en tres localidades (Figura 4) DM4200, que en las dos campañas anteriores se encontraba por arriba del promedio, rindió igual que la media. Asimismo, DM3700 mostró un comportamiento similar al de 2006-07 con un rendimiento por debajo de la media. Los

genotipos J040095 y J021591 mostraron en esta campaña un comportamiento similar al de las dos campañas anteriores, con un rendimiento por arriba del promedio en el caso del primero, y alrededor de la media en el segundo. La mayor parte de los genotipos probados durante 2008-09 no formaron parte de los ensayos de las campañas anteriores. De éstos, tuvieron un desempeño por arriba del promedio, J071239, J071055, BIO4.2, J071017, LEB65-07-31 y J071486, alrededor de la media J071353 y LEB51-07-31, y por debajo del promedio J071392, J071424, LEB216-04-4C, SOS3900, J071029 y NA4209RG.

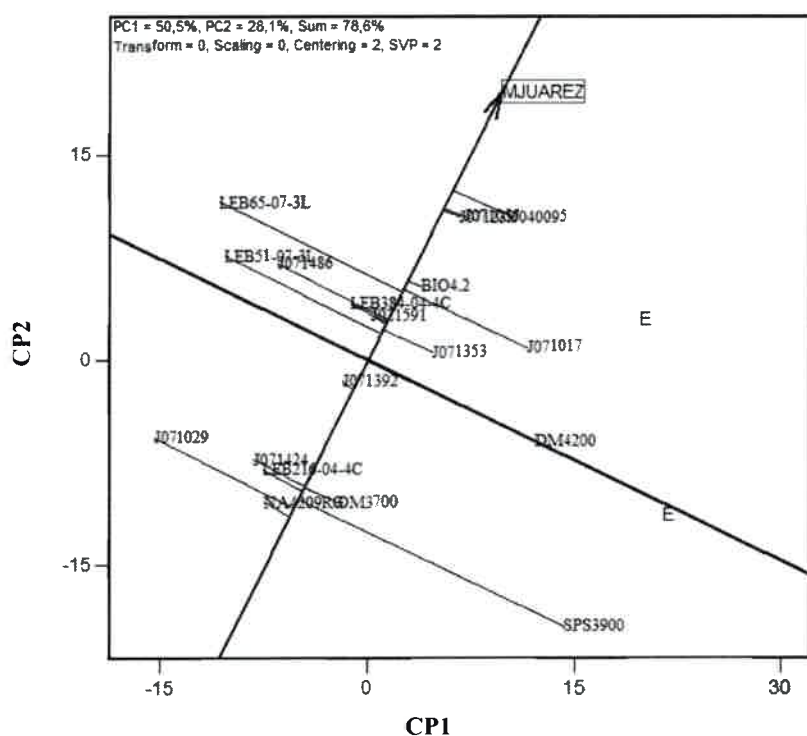


Figura 4. Biplot GGE para la identificación del desempeño de genotipos en la localidad Marcos Juárez. Campaña 2008-09.

3.1.2. Identificación de la capacidad discriminante y la representatividad de los ambientes

Los biplots GGE pueden ser usados también para evaluar ambientes. Los ambientes ideales no sólo deben producir una alta diferenciación de los genotipos sino también ser representativos de la región objeto de estudio.

Para visualizar esto, se traza una línea recta que pasa por el centro del biplot y por el ambiente medio, definido como el promedio de los coeficientes en la CP1 y CP2 de todos los ambientes, indicado en el gráfico por un pequeño círculo y una punta de flecha sobre la recta. Este ambiente medio podría considerarse como un ambiente virtual o imaginario y la línea recta es el eje ambiental promedio (EAP). También se trazan a partir del centro del biplot vectores hacia cada una de las localidades.

Cuando los datos no están escalados (o estandarizados) la longitud del vector de un ambiente es proporcional a la desviación estándar de la media de los cultivares en ese ambiente, lo cual es una medida del poder de discriminación de ese ambiente, asumiendo que los errores experimentales de los ambientes de prueba son comparables, de modo que a mayor longitud del vector, mayor capacidad discriminante del ambiente. En la Figura 5 se observa que los ambientes con mayor poder de discriminación, los más informativos respecto de los genotipos serían Paraná y Marcos Juárez, contrariamente a Salto y Berrotarán que por la longitud de sus vectores evidencian su bajo poder de discriminación.

Los ángulos que forman los vectores de cada ambiente con el EAP dan una idea de la representatividad de esa localidad (esto se debe a que el coseno del ángulo entre el vector del ambiente y el eje ambiental medio es aproximada a la correlación entre el valor de los genotipos en ese ambiente y las medias de los genotipos a través de los ambientes) por lo tanto mientras mayor sea el ángulo, menor será la representatividad (Yan *et al.*, 2007). Como lo muestra la Figura 5, Bellocq sería la localidad de mayor representatividad y Marcos Juárez, Salto y Berrotarán, las menos representativas.

También se puede evaluar a las localidades de prueba en su singularidad, es decir su capacidad de aportar información única. Algunos ambientes dan siempre información muy similar a la que aportan otros, por lo tanto si algunos de estos se eliminaran en las pruebas, se podrían reducir los costos sin perder mucha información acerca de los genotipos, aumentando la eficiencia al usar un grupo mínimo de ambientes. Por ejemplo en la Figura 5 se observa que los vectores correspondientes a las localidades de Salto y Berrotarán forman entre sí un ángulo muy agudo, cercano a 0° y ya que el coseno de este ángulo aproxima al coeficiente de correlación (r), esto indicaría una fuerte correlación entre ellas, es decir que ambas producirían información muy similar, por lo tanto descartar

una de ellas evitaría redundancias y disminuiría los costos. Resultados similares obtuvieron Yan y Rajcan (2002) evaluando cultivares de soja en Ontario, donde localidades como St. Pauls, Woodstock y Exeter, todas del suroeste de Ontario, resultaron siempre asociadas y por lo tanto no aportan información única, de modo que St. Pauls podría ser eliminada como localidad de prueba en futuros ensayos.

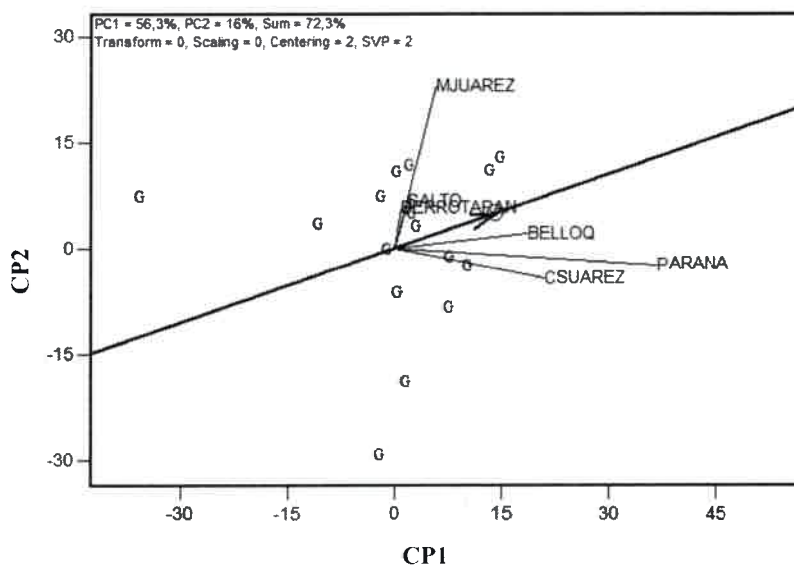


Figura 5. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes de prueba. Campaña 2006-07. G: representan genotipos.

Durante la campaña 2007-08 (Figura 6) además de las localidades de la campaña anterior, se incluyeron en los ensayos Inrriville, La Carlota, Corral de Bustos, Bordenave y Balcarce, resultando esta última, junto con Berrotarán, las más representativas. Bellocq, Bordenave y Corral de Bustos, tendrían la mayor capacidad de discriminación, contrariamente a Berrotarán y Salto, que igual que en la campaña anterior, son las menos discriminantes. Corral de Bustos, Marcos Juárez e Inrriville, en esta campaña estarían aportando la misma información respecto de los genotipos, y lo mismo se observa respecto de Berrotarán y Balcarce

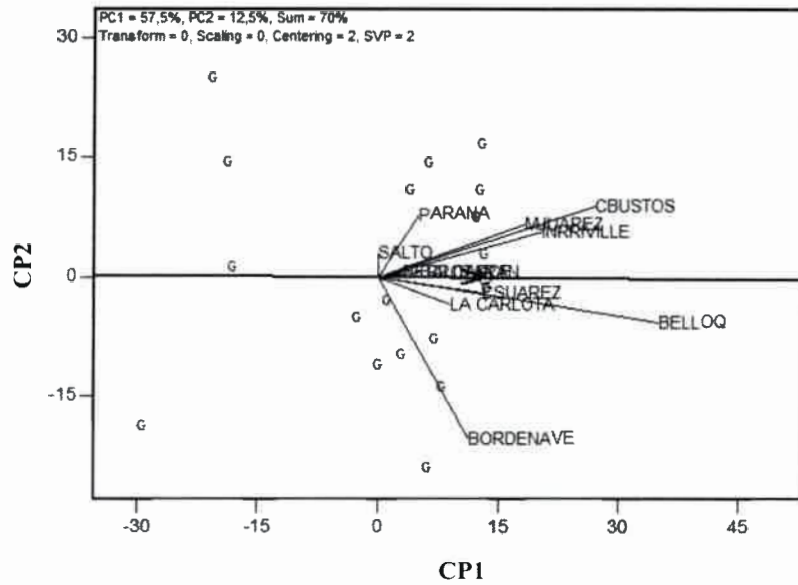


Figura 6. Capacidad de discriminación y representatividad de los Ambientes de Prueba. Campaña 2007-08. G: representan genotipos.

Para la campaña 2008-09, como se observa en la Figura 7, Inrville, Corral de Bustos y Marcos Juárez fueron las únicas localidades en las que se realizaron los ensayos, siendo las tres de alto poder de discriminación de los genotipos, y la primera la más representativa.



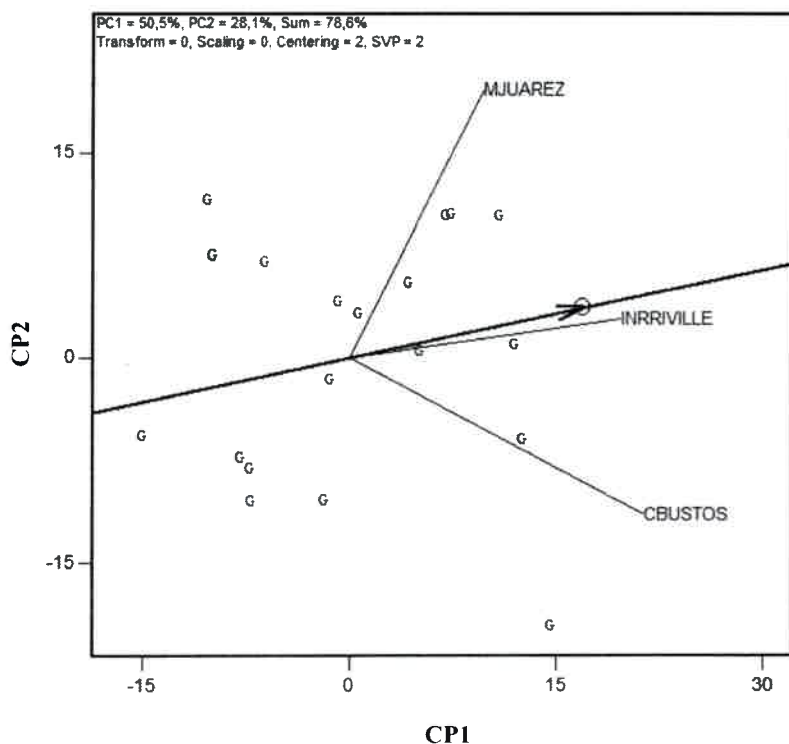
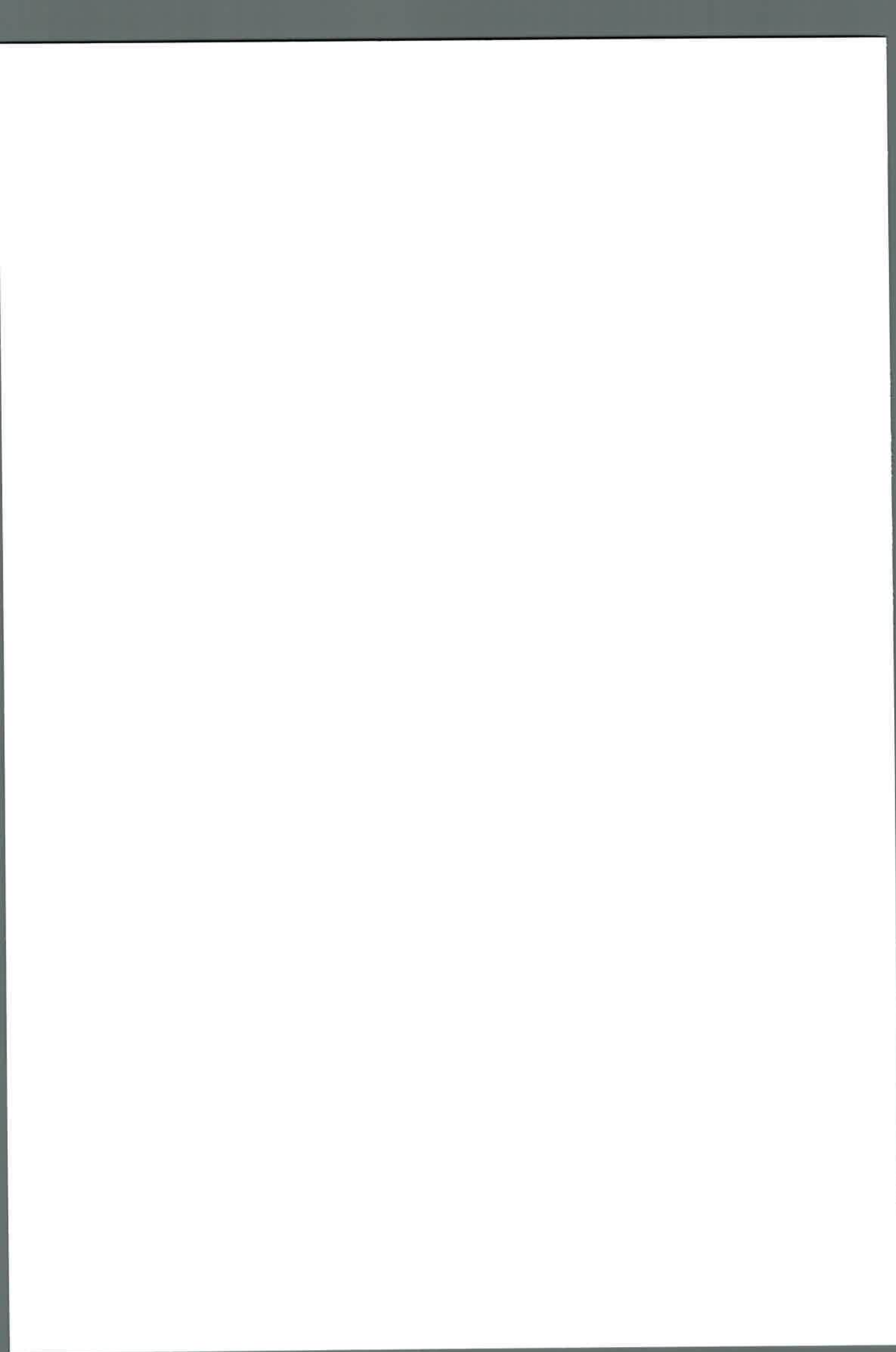


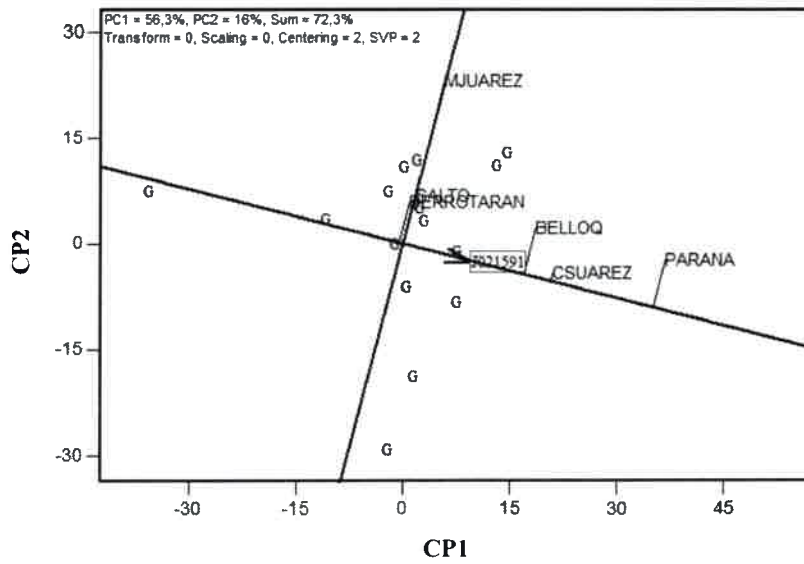
Figura 7. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes de prueba. Campaña 2008-09. G: representan genotipos.

3.1.3. Identificación del desempeño de un genotipo a través de los ambientes

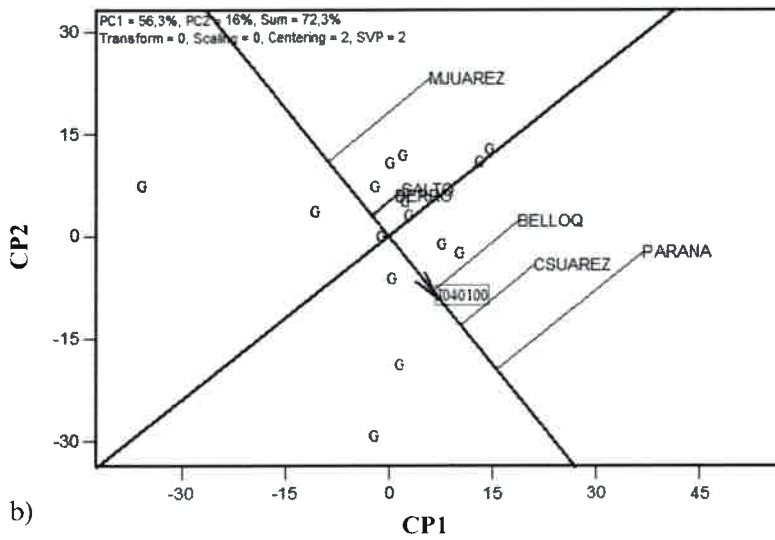
Para visualizar el desempeño de un genotipo en los diferentes ambientes, Yan y Hunt (2002) sugieren primero graficar una línea recta entre el marcador del genotipo y el origen del gráfico y luego una línea perpendicular a ésta, que también pasa por el origen. Esta última línea es la que separa los sitios favorables y desfavorables para el genotipo. Las localidades cuyos identificadores quedan en el mismo lado donde está el genotipo son las mejores para ese genotipo y las restantes son aquellas donde rinde por debajo del promedio cada una de esas localidades (Yan, 5 de Enero de 2013). En la Figura 8, en a) y b) se observa que en la campaña 2006-07, las localidades más favorables tanto para J021591 como para J040100 son Paraná, Coronel Suarez y Bellocq, en tanto que Marcos Juárez, Berrotarán y Salto fueron menos favorables, mostrando en ellas rendimientos apenas superiores al promedio (de la localidad) o inferiores. Durante la campaña siguiente, como muestra la figura 8 c) para la línea J021591 Bellocq siguió siendo una



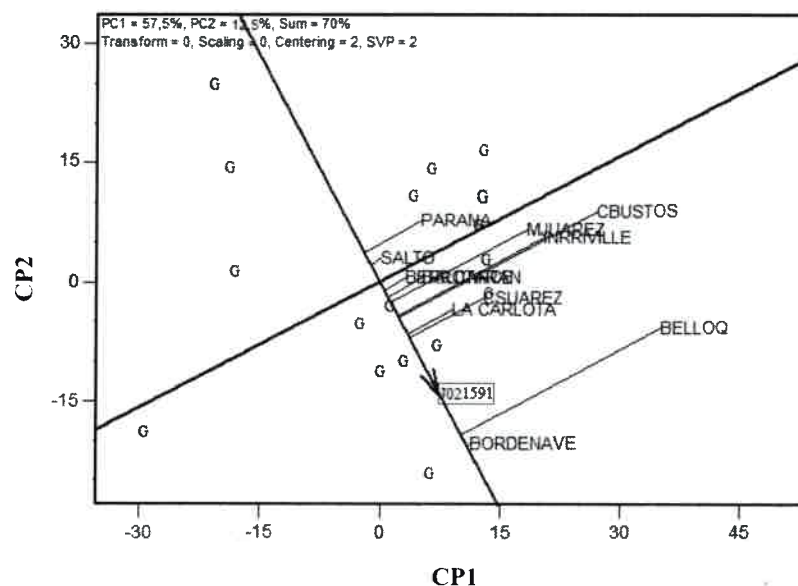
localidad muy favorable, junto con Bordenave, no así Paraná y Salto que fueron las menos favorables.



a)



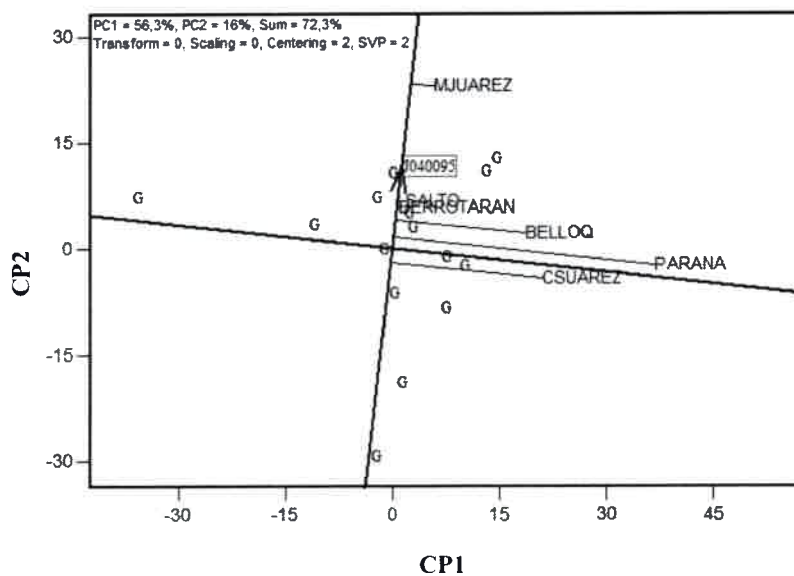
b)



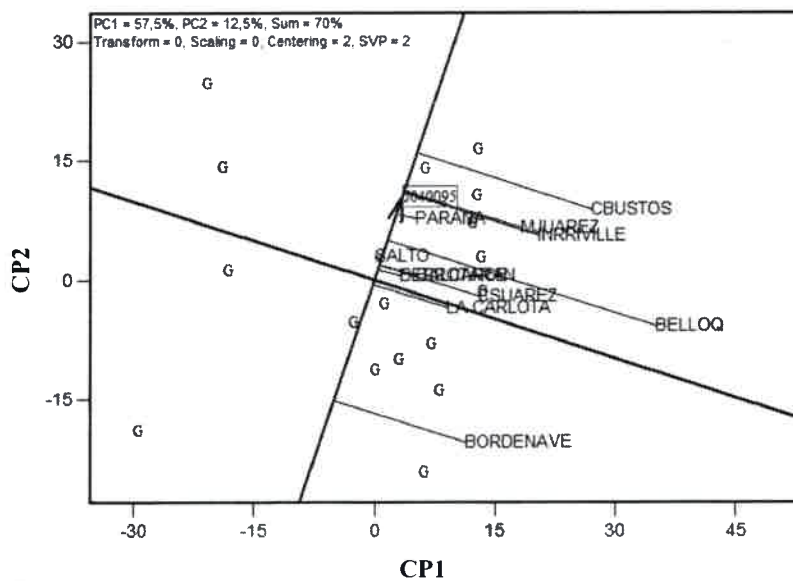
c)

Figura 8. a) y b) Comportamiento relativo de J021591 y J040100, campaña 2006-07 c) Comportamiento relativo de J021591, campaña 2007-08

En el caso del genotipo J040095 su mejor desempeño durante 2006-07 se dio en Marcos Juárez en tanto que Coronel Suarez fue el ambiente menos favorable (Figura 9a). En la campaña siguiente, donde se incluyeron más ambientes de prueba, Marcos Juárez siguió manifestándose como un ambiente favorable junto con Corral de Bustos e Inrville, en tanto que el menos favorable fue Bordenave (Figura 9b).



a)



b)

Figura 9. Comportamiento relativo de J040095. a) Campaña 2006-2007, b) Campaña 2007-2008.

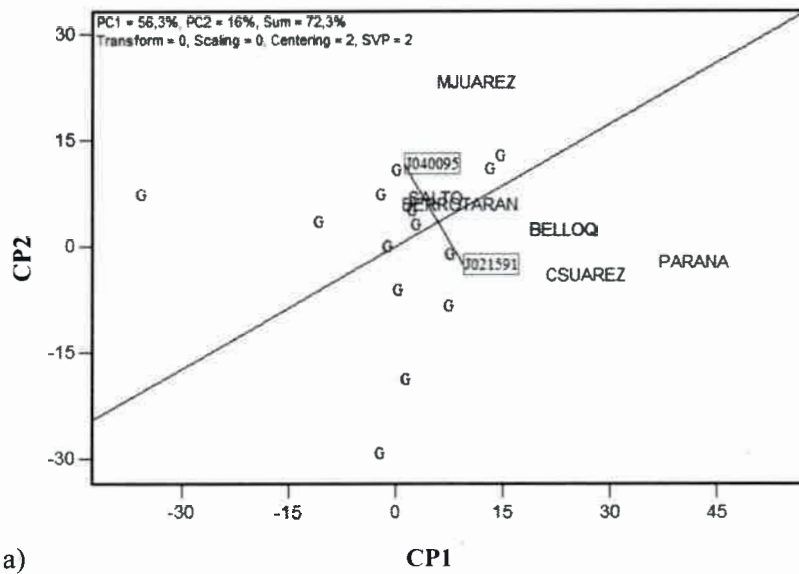
3.1.4. Comparación de dos genotipos en diferentes ambientes

Para comparar dos genotipos en diferentes ambientes, se propone unir mediante una línea recta los genotipos a comparar, luego trazar una línea perpendicular a la línea

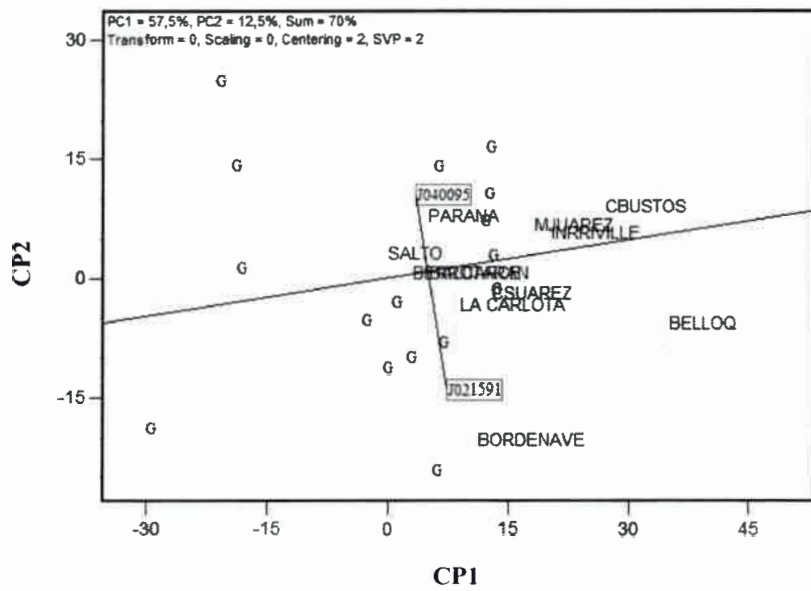
conectora que pase por el origen, esta línea representaría localidades virtuales donde ambos genotipos tendrían el mismo rendimiento y define los ambientes para cada genotipo (Yan *et al.*, 2000). Las localidades cuyos identificadores queden en el mismo lado donde está el identificador de genotipo son las más favorables para ese genotipo. Si un ambiente queda posicionado sobre la línea perpendicular, los dos genotipos tienen similares rindes en ese ambiente. Si dos genotipos están cercanos, sus rendimientos son similares en los ambientes evaluados. Por último, si todos los ambientes quedan a un lado de la línea perpendicular, el genotipo cuyo identificador está de ese lado rinde más que el otro en todos los ambientes.

Con respecto a la CP2, esta componente principal resume las respuestas no proporcionales de los genotipos a través de los ambientes, lo que permite determinar la presencia de interacción con crossover o cambio de rango.

En la Figura 10 a se compara el rendimiento de los genotipos J040095 y J021591 durante la campaña 2006-07. Se observa que el genotipo J040095 queda por encima de la línea perpendicular a la línea conectora, asociado a las localidades de Marcos Juárez, Salto y Berrotarán, siendo éstas las más favorables para esta línea, en tanto que el genotipo J021591 queda por debajo, con Bellocq, Coronel Suarez y Paraná, lo que muestra que existe interacción con crossover. Un comportamiento similar se observa para la campaña 2007-08. (Figura 10b). Yan *et al.* (2000) trabajando con cultivares de trigo en Ontario encontraron resultados similares para los cultivares Revecca y AC Ron.



a)



b)

Figura 10: Biplot GGE para la comparación del desempeño de los genotipos J040095 y J021591: a) Campaña 2006-07, b) campaña 2007-08.

3.1.5. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente

La propuesta de Yan y Hunt (2002) de interpretación de los biplots GGE especifica que para identificar los mejores genotipos en cada ambiente, en primer lugar se debe graficar el polígono envolvente de identificadores de genotipos. En el caso que se observa en la Figura 11 para la campaña 2006-07, los extremos que definen el polígono están dados por los genotipos DM4200, J021591, J040577 y DM3700, éstos son de comportamiento extremo, los de mejor o peor rendimiento en algunos ambientes. A continuación, para cada uno de los lados del polígono (hay tantos lados como genotipos extremos haya) se trazan líneas rectas que pasan por el origen y son perpendiculares a cada uno de los lados del polígono (o a sus proyecciones). Estas líneas representarían hipotéticos ambientes en los cuales los genotipos que determinan ese lado del polígono tendrían igual comportamiento. De esta forma, el biplot queda dividido en cuadrantes, generalmente cada uno conteniendo un genotipo en el vértice. Los genotipos que quedan en el vértice son los que más rinden en los ambientes que quedan encerrados en el cuadrante.

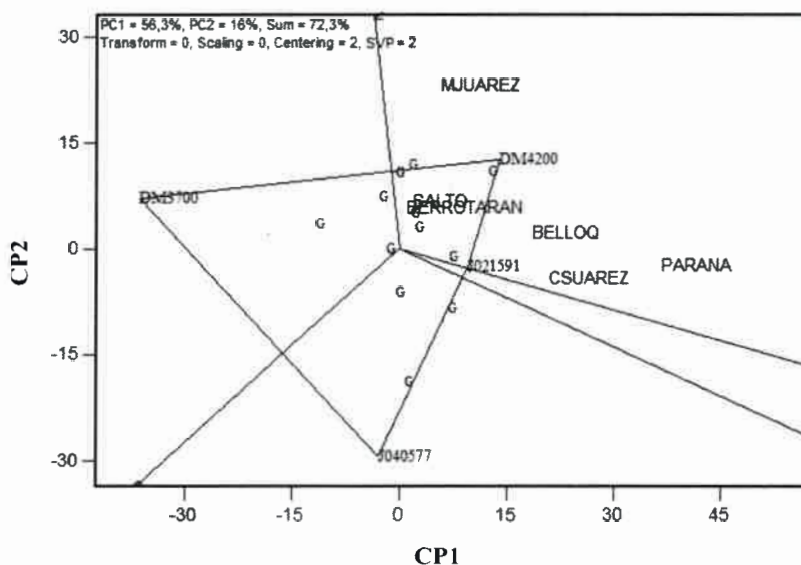


Figura 11. Biplot GGE para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2006-07.

En el biplot de la Figura 11, se observa que en el cuadrante que tiene como vértice al genotipo DM4200 se encuentran los marcadores de todas las localidades, esto indica que este mismo cultivar fue el de mayor rendimiento en todos los ambientes, es decir que

no se observa interacción con cambio de rango. De modo que si se repitiera un comportamiento similar en otras campañas podría decirse que las localidades de prueba estarían agrupadas en un solo mega ambiente y bastaría con ensayos en una sola localidad y un solo año para realizar la selección (Yan *et al.*, 2007). Los cuadrantes que tienen por vértice a los genotipos DM3700 y J040577 no incluyen ninguna localidad, por lo tanto, estos genotipos son los de rendimientos más pobres en todos los sitios evaluados.

Durante la campaña siguiente (Figura 12), en la que se agregaron más localidades al ensayo, se observa interacción con cambio de rango dado que quedan diferenciados tres cuadrantes cuyas localidades tienen valores positivos y negativos en la CP2. Los genotipos vértices son: DM3700, J040284 y J040100, de modo que el primero rindió más en Corral de Bustos, Marcos Juárez, Inrville, Salto, Balcarce Berrotarán y Paraná, en tanto que el segundo tuvo su mejor performance en Coronel Suarez, La Carlota y Belloq y J040100 en Bordenave.

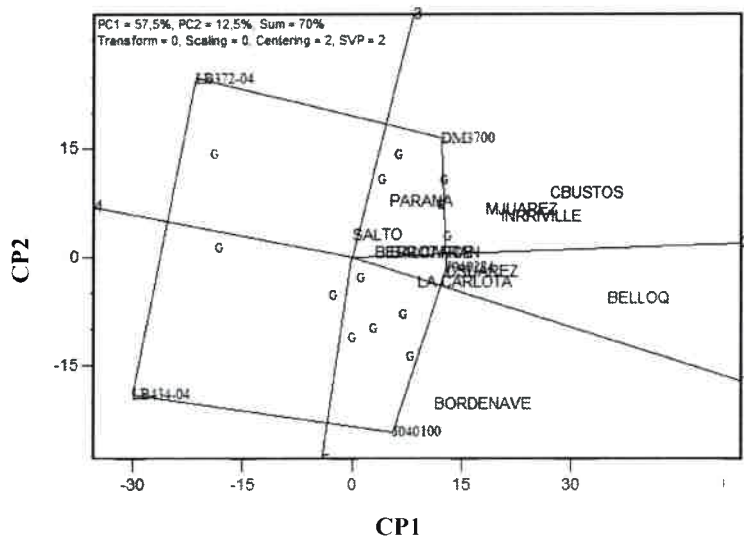


Figura 12. Biplot GGE para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2007-08.

En la campaña agrícola 2008-09 se diferencian dos cuadrantes que separan a la localidad de Corral de Bustos de Marcos Juárez, quedando Inrville en un punto medio. El cuadrante que incluye a Corral de Bustos tiene como genotipo extremo a SPS3900, en tanto que J040095 fue el genotipo que determina el cuadrante correspondiente a Marcos Juárez. Ambos tienen un comportamiento similar en Inrville (Figura 13).

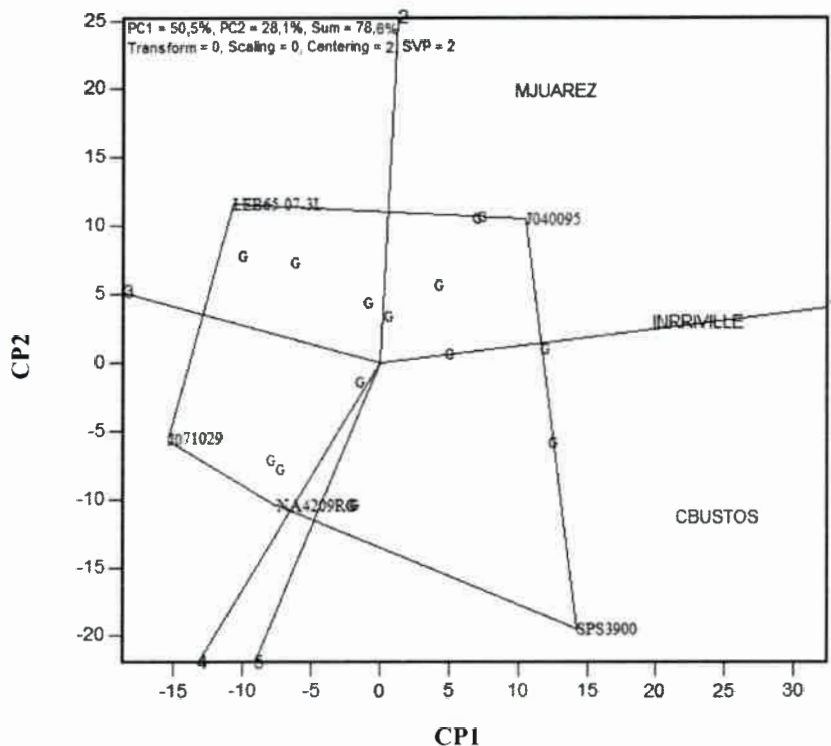


Figura 13. Biplot GGE para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2008-09.

3.1.6. Ordenamiento de genotipos basado en comportamiento medio y estabilidad

A partir del biplot GGE, trazando el EAPa (Eje Ambiental Promedio abscisa) y su perpendicular que pasa por el origen EAPo (Eje ambiental Promedio ordenada), las proyecciones perpendiculares de los marcadores de los genotipos sobre el EAPa representan la contribución del genotipo y revelan el orden con respecto al comportamiento medio. Del mismo modo, las proyecciones al EAPo darían una aproximación a la contribución de la GE, es decir una medida de la estabilidad o inestabilidad de los genotipos a través de los ambientes.

Según muestra la Figura 14, el ranking para la campaña 2006-07 sería: DM4200>NA4209RG>J021591>A4303RG>J040095>J040057=J040100=J040284=J040103>A3901RG>Promedio>J021256>A3550RG>J040551>J040049>J040577>DM3700.

Asimismo se observa en la misma figura que J040057, J040284, DM4200 y NA4209RG fueron los más estables dentro de aquellos que superaron a la media, ya que presentaron las menores proyecciones al EAPo. En contraste, los menos estables fueron J040100, J021591, J040103 y J040095.

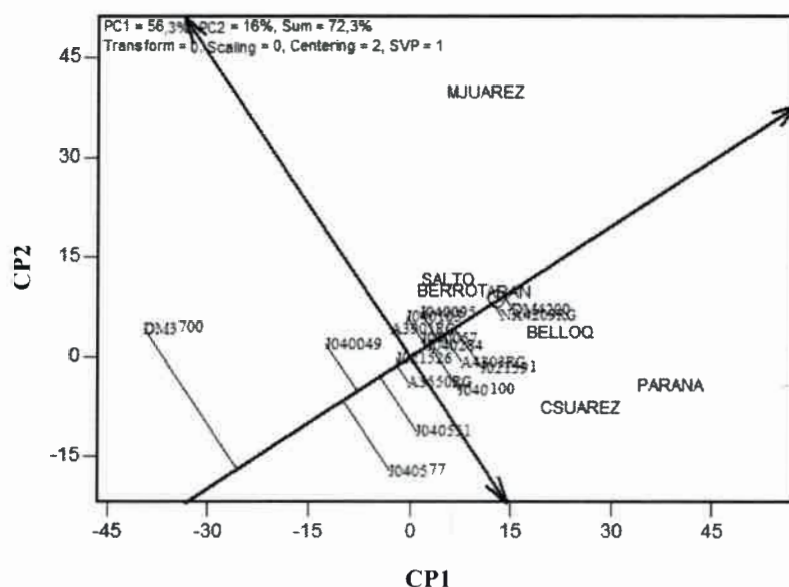


Figura 14. Ordenamiento de los genotipos en función del comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2006-07.

Durante 2007-08 el ranking fue: J040284>DM3700=SPS3900=NK43-00>DM4200>J021591>J040103>NA4209RG>J040100>J040095>NA3933RG>J021526>J040057>Promedio>J040049>LB437-04>LB343-04>LB372-04>LB434-04. Siendo los últimos cuatro genotipos muy inferiores en su desempeño (Figura 15).

El genotipo J040284 además de presentar el mayor rendimiento, fue el genotipo más estable dentro de los de mayor rendimiento y DM4200 evidenció alta estabilidad dentro del mismo grupo de genotipos, al igual que en la campaña anterior. Asimismo, los genotipos que en 2006-07 manifestaron inestabilidad, mantuvieron el mismo patrón durante esta campaña (Figura 15).

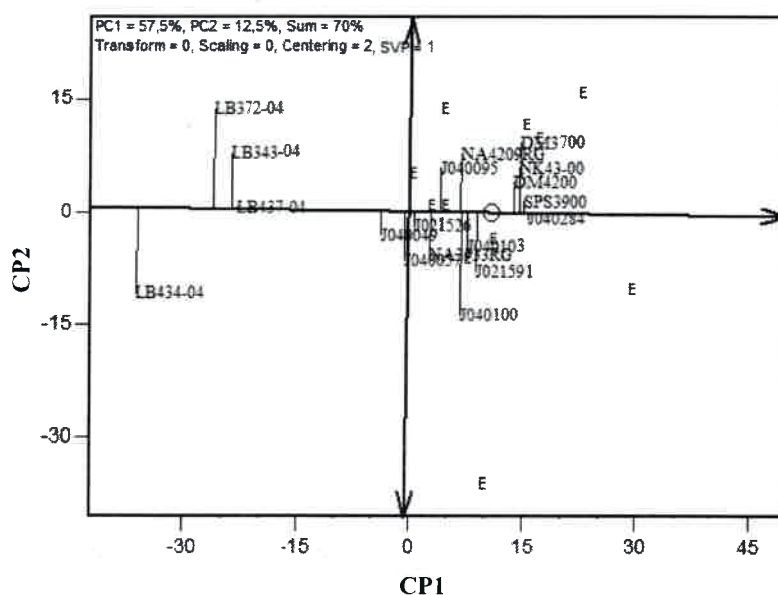


Figura 15. Orden de los genotipos en función de su comportamiento medio y su estabilidad. Campaña 2007-08.

El genotipo J040095 fue de alto rendimiento durante las tres campañas, siendo el primero en el ranking de 2008-09 (Figura 16). En ésta misma campaña, la línea de mayor estabilidad, dentro de las de rendimiento superior a la media, fue J071533, este genotipo no participó de los ensayos de las campañas anteriores (Figura 16).

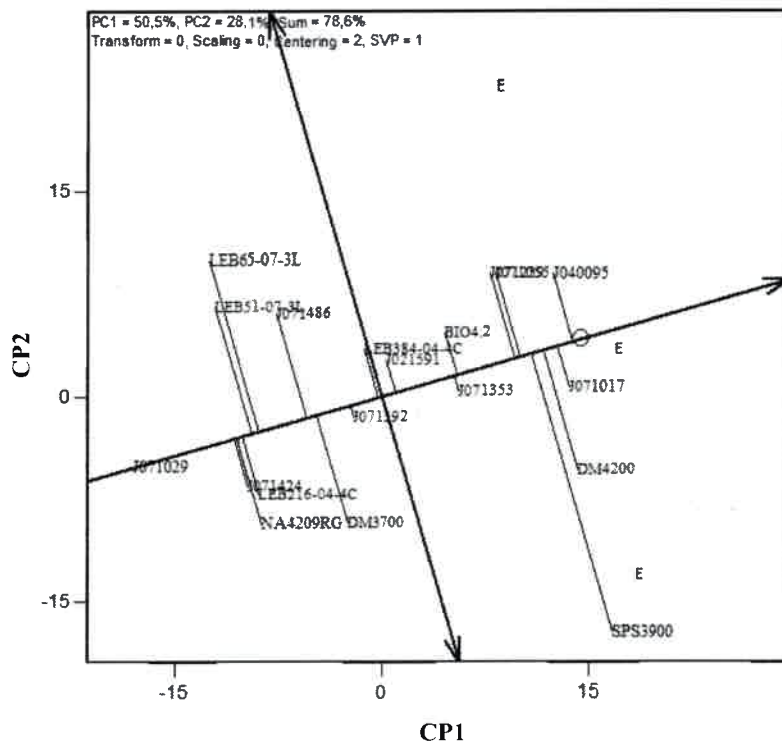


Figura 16. Orden de los genotipos en función de su comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2008-09.

3.2. Interpretación de los gráficos biplot GGE para los genotipos del grupo de madurez IV largo

3.2.1. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez

Durante la campaña 2006-07 se ensayaron 4 líneas experimentales y 6 testigos, en 7 localidades. Al analizar el desempeño de los genotipos en Marcos Juárez se observa que el genotipo de mejor comportamiento fue A4613RG, en tanto que la línea J031562 superó a tres de los testigos, DM4600, DM4800 y DM4870 (Figura 17). Durante la siguiente campaña, (Figura 18) en la que se evaluaron un total de 14 genotipos en 12 localidades, J031562 continuó dentro de aquellos con rendimientos superiores a la media de la localidad, pero fue superado por las líneas J061139, J061163 y J061152. El genotipo de mejor desempeño relativo para esta campaña fue DM4870.

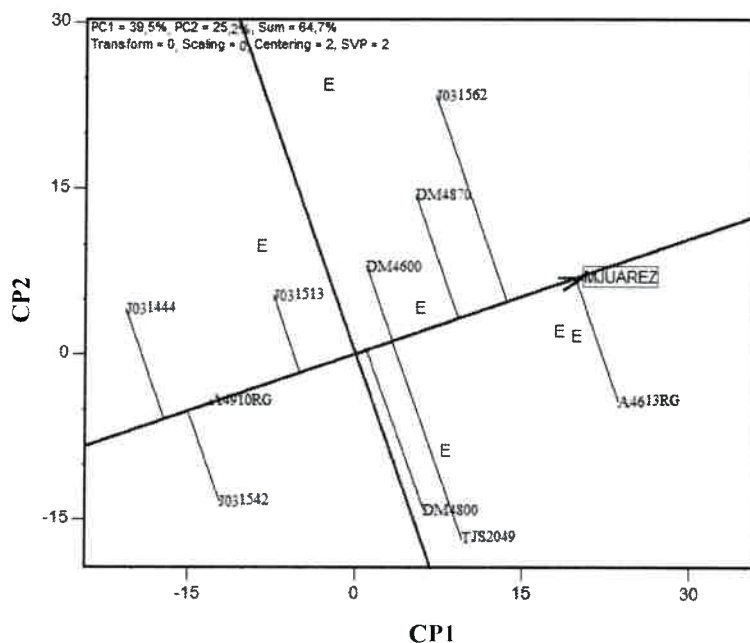


Figura 17. Orden relativo de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2006-07.

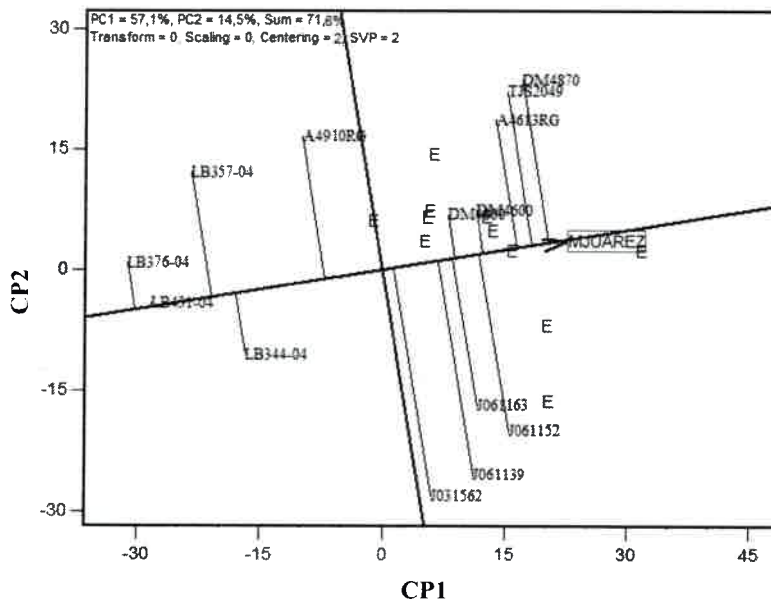


Figura 18. Orden relativo de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2007-08.

3.2.2. Identificación de la capacidad discriminante y la representatividad de los ambientes

Como se observa en la Figura 19, durante la campaña 2006-07 Bellocq fue la localidad con mayor capacidad de discriminación, pero de poca representatividad,

mostrando un patrón muy similar en la siguiente campaña (Figura 20). Marcos Juárez, Salto y La Carlota, también tuvieron buen poder de discriminación pero las dos últimas aportaron información similar respecto de los genotipos. Berrotarán aparece con la menor capacidad de discriminación en ambas campañas pero la mayor representatividad de las localidades ensayadas, en tanto que Paraná y Coronel Suárez fueron las de menor representatividad y evidenciaron también bajo poder de discriminación (Figura 19).

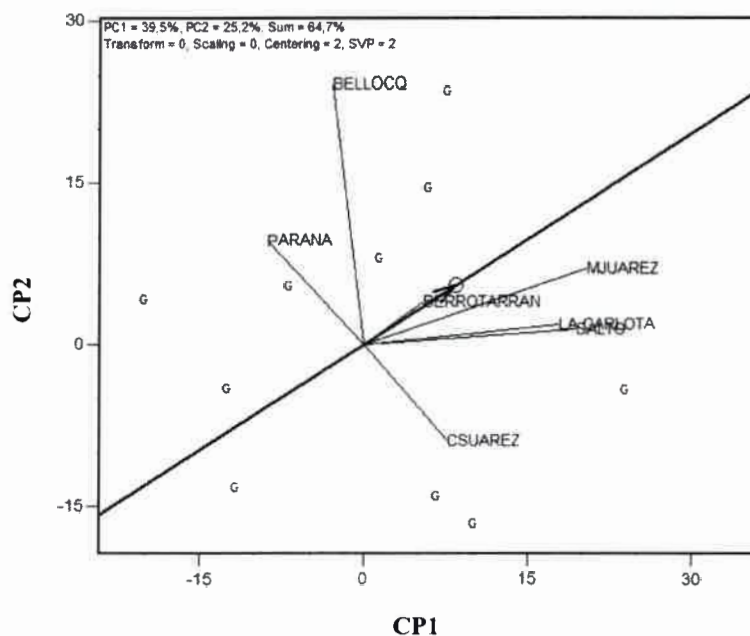


Figura 19. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes. Campaña 2007-08

En Inrville se realizaron ensayos sólo en las campañas 2007-08 y 2008-09 (ésta última no se analiza por que no fue significativa la interacción). En la primera campaña mostró el mayor poder de discriminación y fue muy representativa como también los fueron Marcos Juárez y La Carlota. En tanto que localidades como Tres Arroyos, Balcarce, Coronel Suárez y Salto no fueron muy informativas en cuanto a discriminar genotipos (Figura 20).

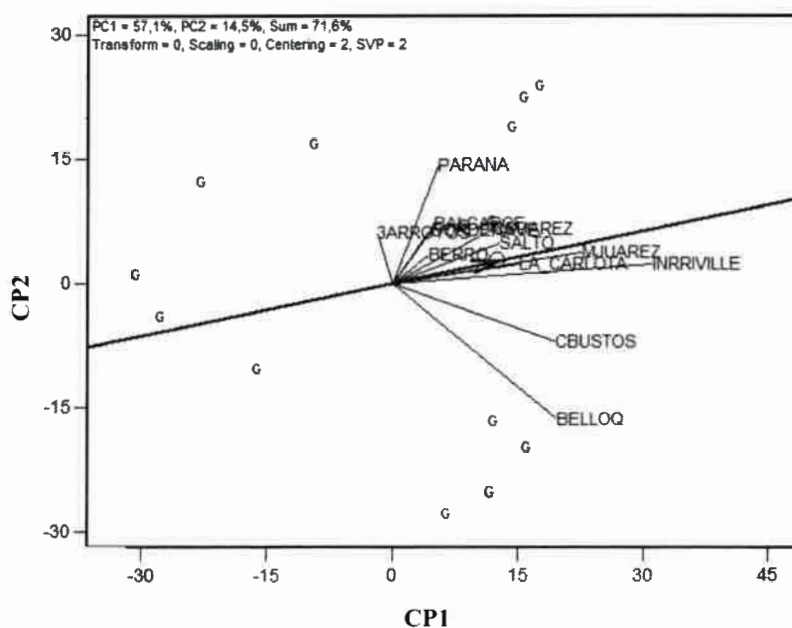


Figura 20. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes. Campaña 2007-08.

3.2.3. Identificación del desempeño de un genotipo y comparación de dos de ellos a través de los ambientes

Durante la campaña 2006-07 se evaluó el comportamiento de las líneas J031562 y J31513. Ambas mostraron buen desempeño en todos los ambientes excepto en Coronel Suárez. Sin embargo al compararlos se observa que están alejados, eso significa que a pesar de coincidir en su mal desempeño en la misma localidad, sus rendimientos fueron diferentes en los ambientes evaluados. El hecho de que ambos genotipos tengan valores positivos en la CP2 indica la ausencia de interacción con crossover (Figura 21 y 22)

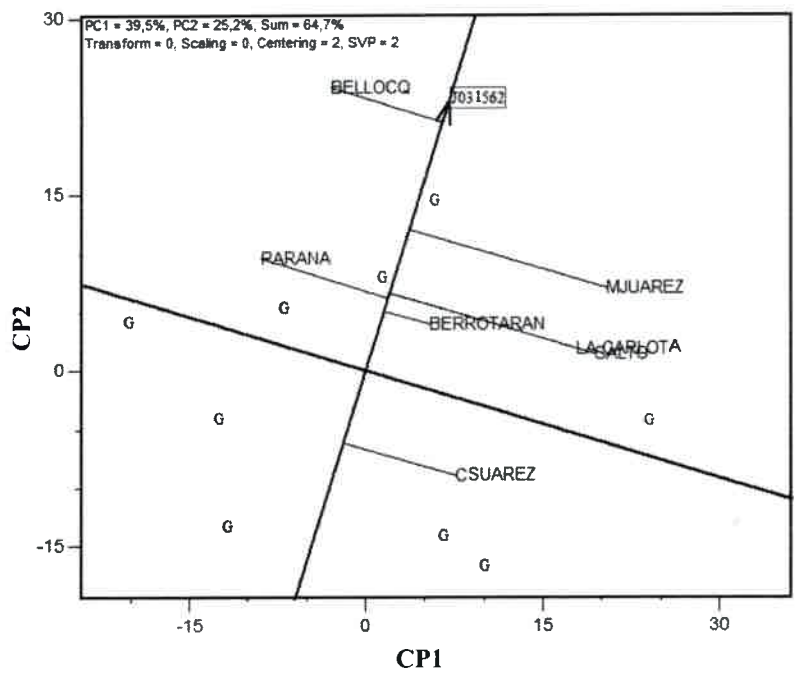


Figura 21. Desempeño de J031562. Campaña 2006-07.

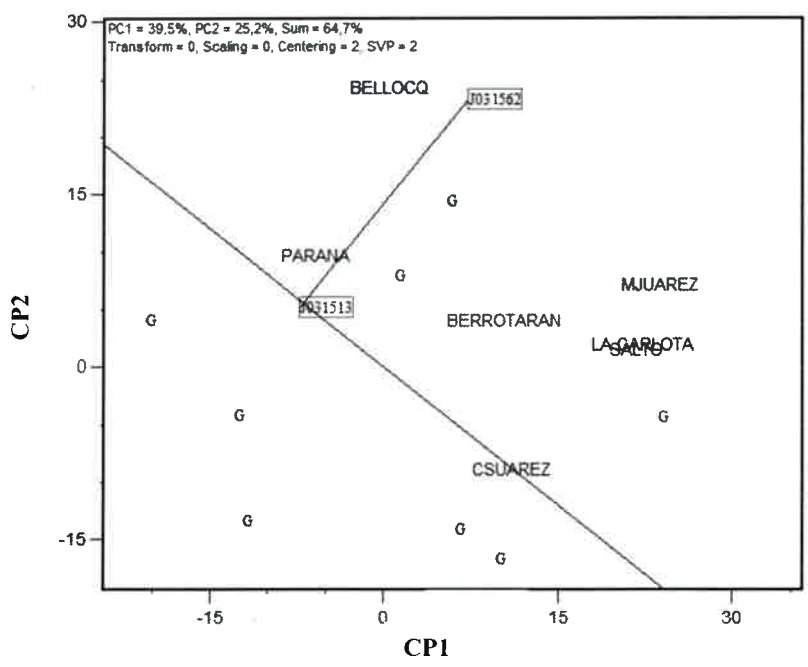


Figura 22. Comparación del desempeño de J031513 y J031562. Campaña 2006-07.

Como muestran las figuras 23 a 25, en la campaña 2007-08 los genotipos J061163 y J61152 mostraron buen desempeño en 7 de los 12 ambientes evaluados y en ambos genotipos el comportamiento no fue bueno en las localidades de Paraná, Tres Arroyos, Balcarce y Bordenave, siendo positiva en el resto de los ambientes donde manifestaron rendimientos iguales o superiores a la media de esas localidades. Comparando el desempeño de ambos genotipos, su cercanía evidencia que tuvieron mejor desempeño y rendimientos similares, sobre todo en las localidades de Belloq y Corral de Bustos lo que se muestra en el biplot donde ambas localidades quedan junto con los genotipos, por debajo de la línea que es perpendicular a la que une los genotipos y pasa por centro del biplot. El hecho de que los dos genotipos tengan valores del mismo signo (negativos) en la CP2 sugiere que no existe interacción con cambio de rango en el ordenamiento de los genotipos.

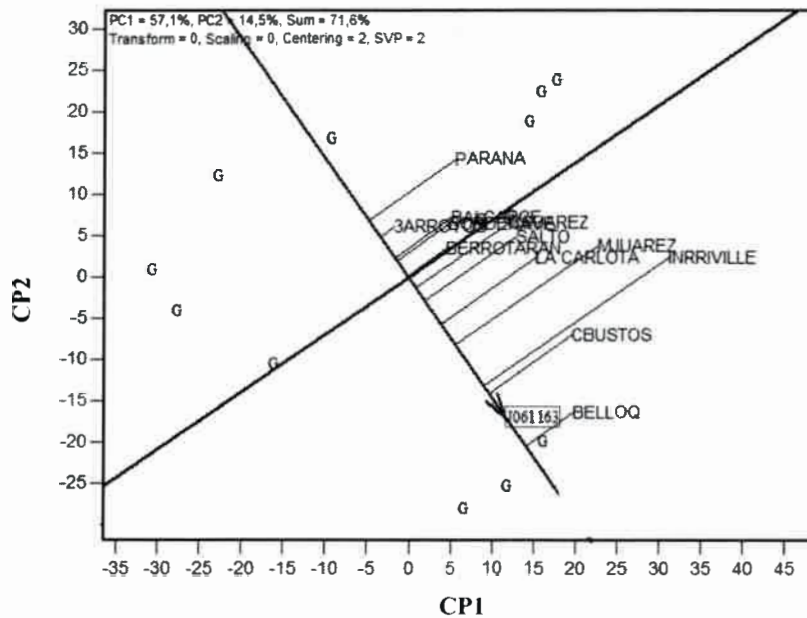


Figura 23. Comportamiento relativo de J061163. Campaña 2007-08.

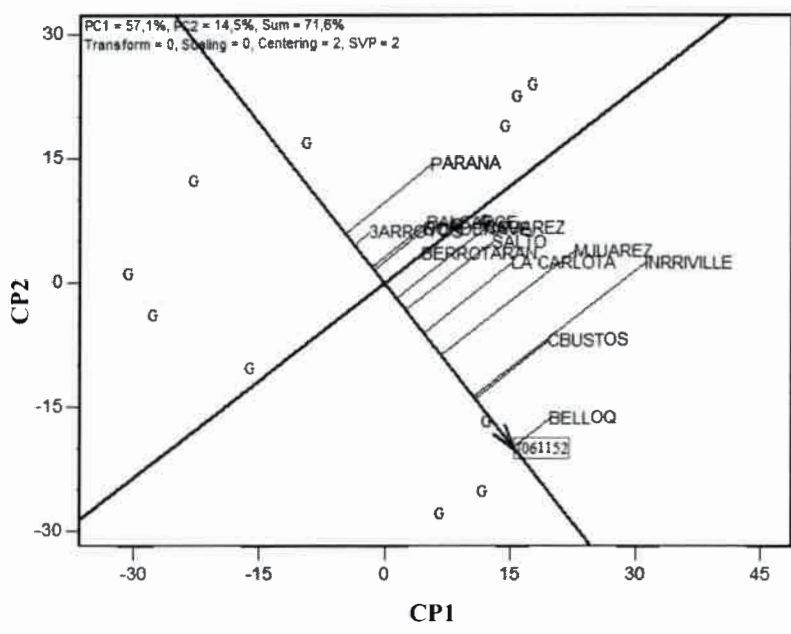


Figura 24. Comportamiento relativo de J061152. Campaña 2007-08.

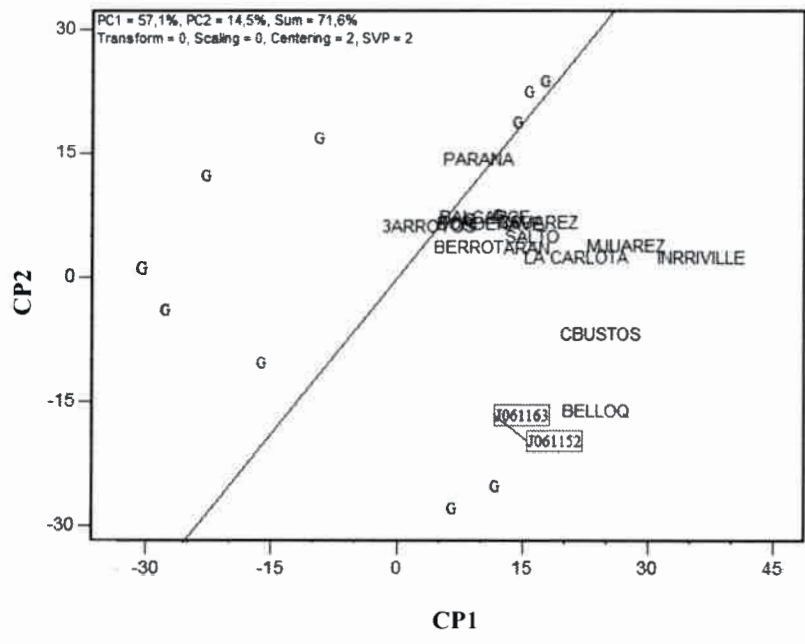


Figura 25. Comparación del comportamiento relativo de J061152 y J061163. Campaña 2007-08.

3.2.4. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente

En el caso que se observa en la figura 26, para la campaña 2006-07, los genotipos de comportamiento extremo que definen el polígono son, J031562, A4613RG, TJS2049, J031542 y J031444.

Las seis localidades evaluadas en esta campaña quedan ubicadas en cuatro de los cinco cuadrantes determinados en el biplot. Dado que el cuadrante cuyo vértice es el genotipo J031542 no incluye a ninguna localidad, éste sería el genotipo de rendimiento más pobre en todas las localidades. En tanto que los demás cuadrantes si incluyen localidades, así por ejemplo J031562 se destacó en Berrotarán y Bellocq, A4613RG en Marcos Juárez, Salto y La Carlota, J031444 en Paraná y TJS2049 en Coronel Suárez. La ubicación de los marcadores de las localidades en la CP2 indica la presencia de interacción con cambio de rango en el ordenamiento de los genotipos.

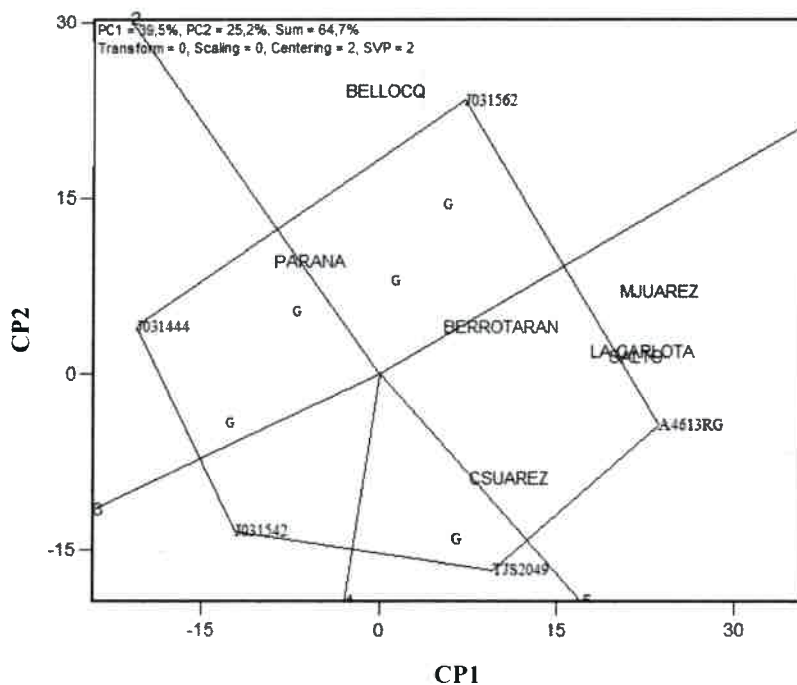


Figura 26. GGE biplot para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2006-07.

En la campaña siguiente 2007-08, son siete los genotipos que forman los vértices del polígono, determinándose por lo tanto el mismo número de cuadrantes, pero solamente 2 de estos incluyen marcadores de localidades, el resto, cuyos genotipos vértices fueron J061139, J031562, LB431-04, LB376-04 y LB357-04 no incluyeron a

ninguna localidad, es decir que fueron de rendimiento pobre en todos los ambientes de prueba. Mientras que DM4870 muestra en el cuadrante del cual es vértice, a los marcadores de Berrotarán, Salto, Balcarce, Bordenave, Tres Arroyos, Coronel Suárez, Paraná, La Carlota, Marcos Juárez e Inrriville, el otro cuadrante que incluye a la localidad de Belloq tiene como vértice al genotipo J061152, el de mejor desempeño en esta localidad (Figura 27). El hecho de que algunos genotipos y ambientes muestren valores positivos elevados en la CP2 y otros muestren valores negativos en la misma componente, pone de manifiesto la existencia de respuestas no proporcionales en las diferencias de rendimiento a través de las localidades, lo que indicaría la presencia de interacción con cambio de rango en el ordenamiento de los genotipos. Yan *et al* (2000) trabajando con datos de rendimiento de trigo en Ontario, identificaron la presencia de interacción con cambio de rango en todas las campañas evaluadas

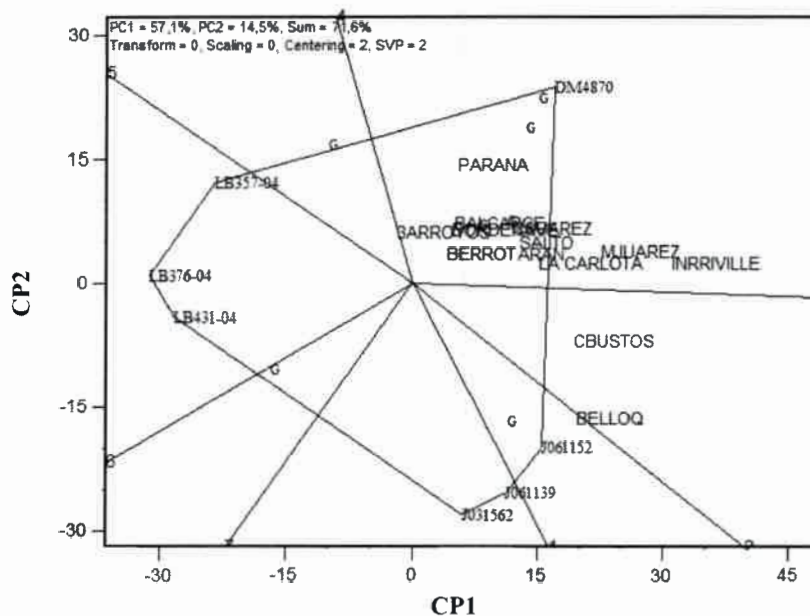


Figura 27. GGE biplot para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2007-08.

3.2.5. Ranking de genotipos basado en performance media y estabilidad

Durante la campaña 2006-07, los genotipos que mostraron mejor comportamiento medio fueron J031562, A4613RG y DM4870, siendo éste último junto con DM4600 los más estables (Figura 28).

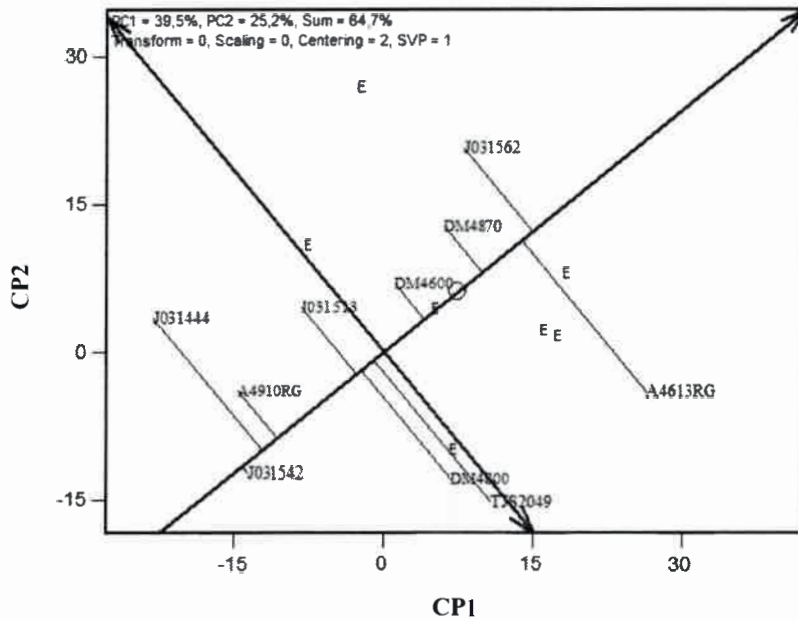


Figura 28. Orden de los genotipos en función de su comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2006-07.

Para la campaña 2007-08, tal como lo muestra la figura 29, los genotipos de mayor rendimiento, DM4870, TJS2049 y A4613RG, también fueron los de mayor estabilidad.

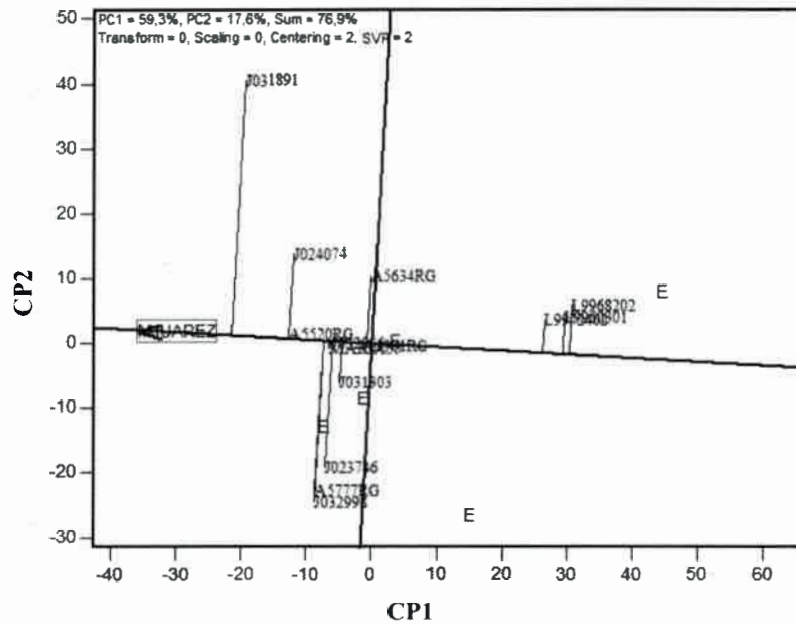


Figura 30. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2006-07.

En la campaña siguiente, de las 15 líneas y 5 testigos que se evaluaron en 6 localidades, la de mejor comportamiento en Marcos Juárez fue NA5009RG, seguida de J031891 (Figura31).

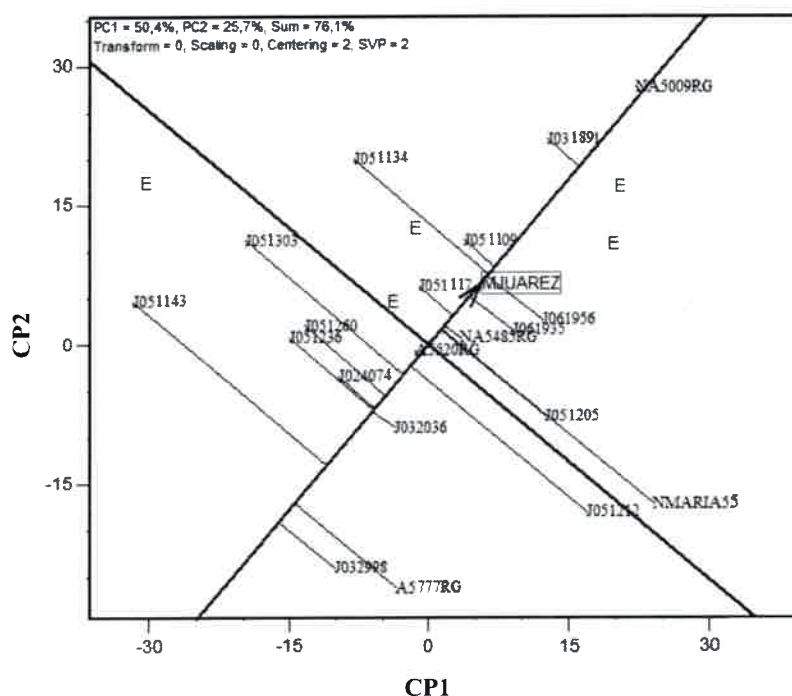


Figura 31. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2007-08.

3.3.2. Identificación de la capacidad discriminante y la representatividad de los ambientes

Durante las campañas 2006-07 y 2007-08 se evaluaron los genotipos en 6 localidades de las cuales 4 se repitieron en ambas campañas (Marcos Juárez, Rafaela, Paraná y San Justo).

Paraná en ambas campañas mostró bajo poder de discriminación pero resultó la más representativa de los ambientes utilizados durante 2007-8 (Figura 32 y 33).

Marcos Juárez tuvo muy alto poder de discriminación durante 2006-07 junto con Berrotarán y Rafaela, siendo esta última la más representativa. En 2007-08 las de mayor poder de discriminación fueron Rafaela y Manfredi. En ambas campañas la representatividad de Marcos Juárez fue baja (Figura 32 y 33).

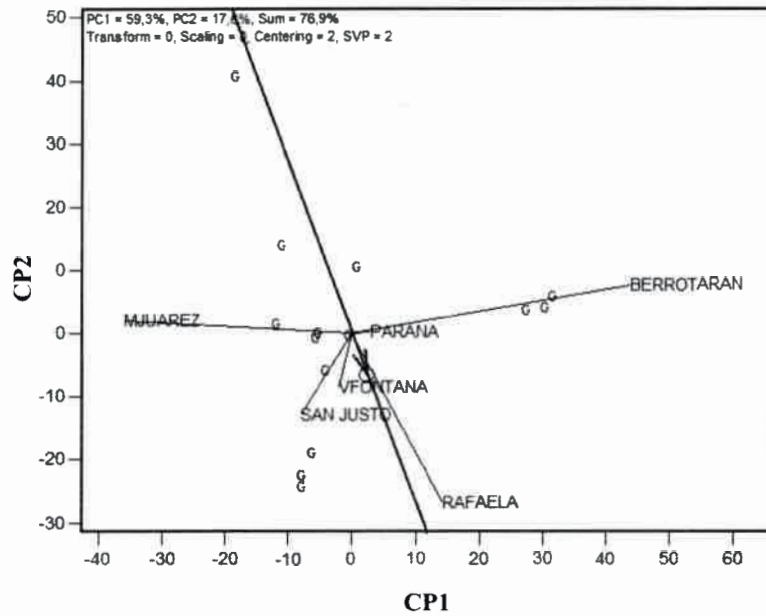


Figura 32. Capacidad de discriminación y representatividad. Campaña 2006-07.

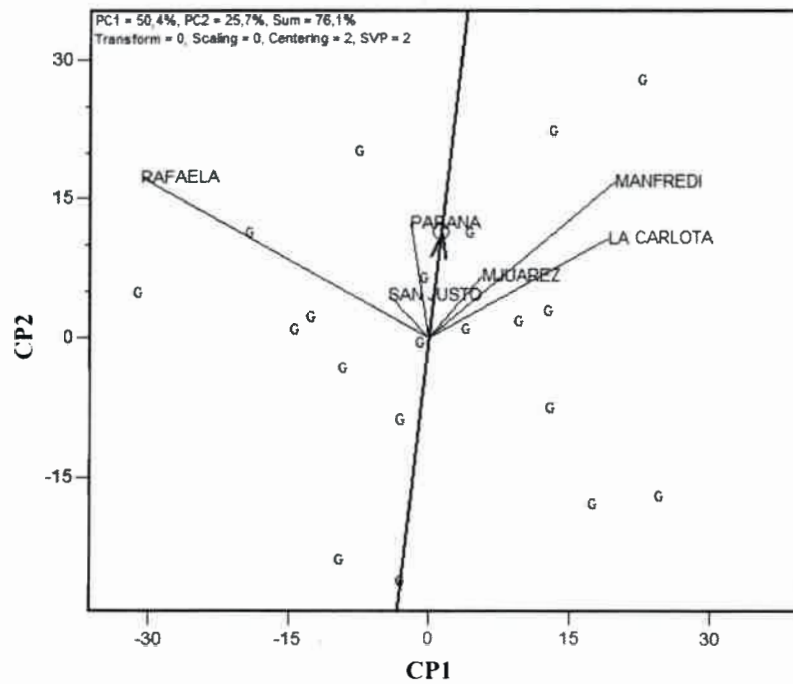


Figura 33. Capacidad discriminación y representatividad. Campaña 2007-08.

durante la campaña 2006-07 y se observa que éste último superó al primero en casi todas

las localidades excepto en Marcos Juárez. El hecho de que ambos genotipos tengan coeficiente positivo en la CP2 indica que la desproporcionalidad no es suficiente como para afirmar que hay interacción con crossover (Yan *et al.*, 2000).

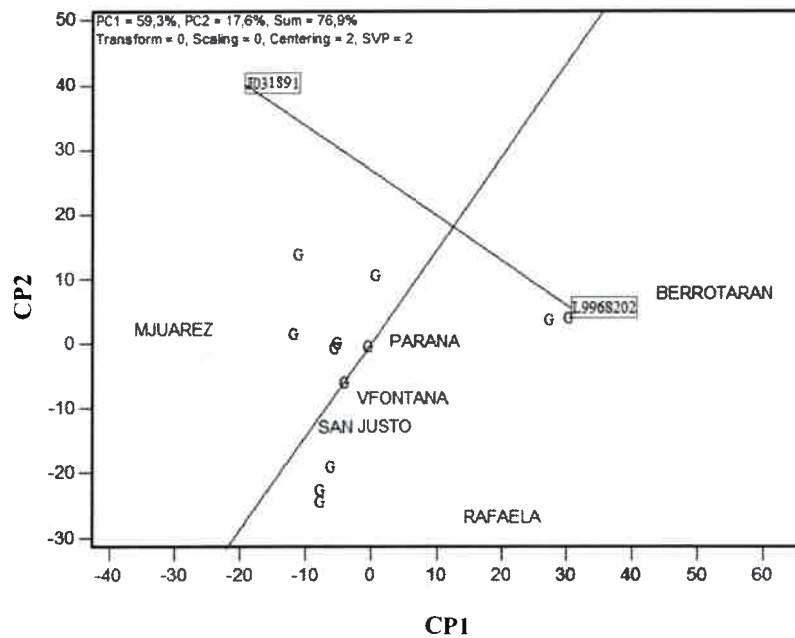


Figura 34. Comparación del desempeño de los genotipos J031891 y L9968202 en todos los ambientes . Campaña 2006-07.

3.3.4. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente

Como muestra la Figura 35, para la campaña 2006-07, de los cuatro genotipos extremos que definen el polígono, L9968202 y L9960301 tuvieron mejor comportamiento en Berrotaran y Paraná en tanto que J031891 fue superior en Marcos Juárez y J032998 en el resto de las localidades. El hecho de que algunos genotipos y localidades tengan valores positivos en la CP2 y otros presenten valores negativos, sugeriría la presencia de interacción con cambio de rango.

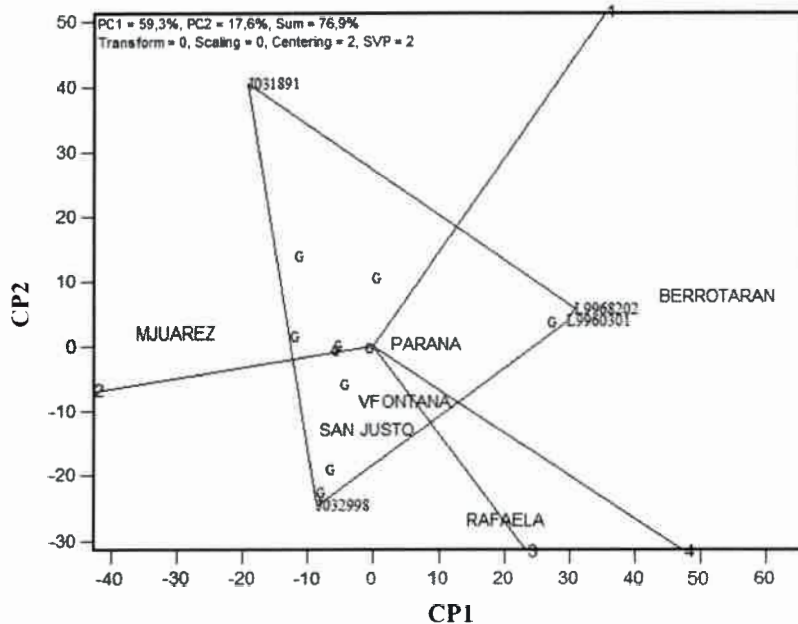


Figura 35. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2006-07.

Durante la campaña 2007-08 los genotipos extremos fueron tres de los testigos y tres líneas experimentales de la cuales J051143 mostró el mejor comportamiento en Rafaela y San Justo. La variedad testigo NA5009RG, vértice en el cuadrante que contiene al resto de los ambientes evaluados, fue el genotipo de mejor comportamiento en éstos. (Figura 36). La ubicación de los marcadores de las localidades en la CP2 indica que no hubo interacción con crossover.

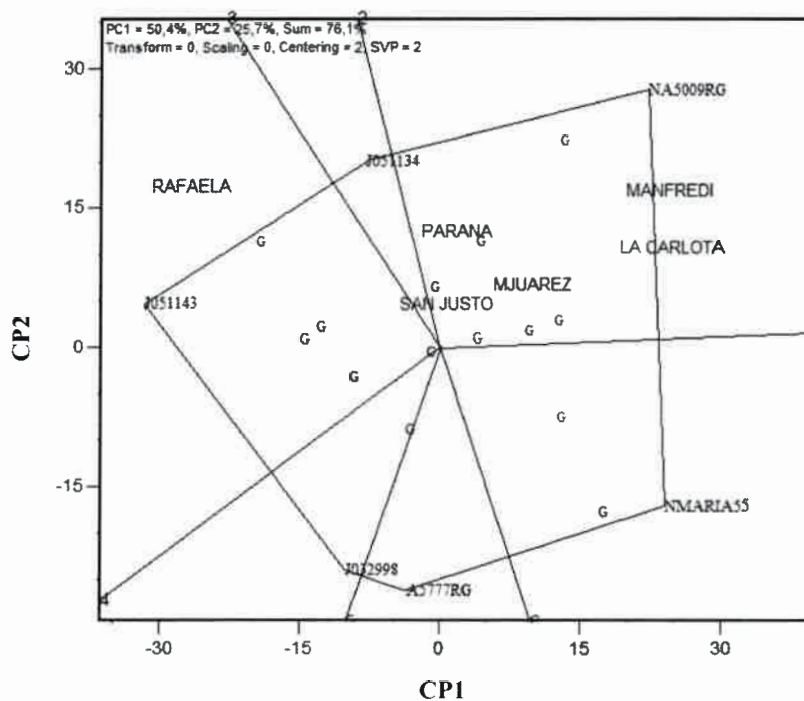


Figura 36. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2007-08.

3.3.5. Orden de genotipos basado en comportamiento medio y estabilidad

Para la campaña 2006-07 los genotipos de mejor performance media fueron las líneas experimentales J032998, J023746 y el testigo A5777RG y el más estable dentro de los que superaron a la media fue J031303. Las líneas llamadas L fueron de muy baja estabilidad, si bien superaron el rendimiento promedio (Figura 37). En la campaña siguiente, coincidentemente con lo evidenciado en el análisis de identificación de los mejores genotipos en cada ambiente, se observa que los de mejor comportamiento medio fueron NA5009RG, J031891 y J051134, en tanto que J051117 fue el genotipo de mayor estabilidad dentro de los de rendimiento superior (Figura 38).

3.4. Interpretación de los gráficos biplot GGE para los genotipos del grupo de madurez VI

3.4.1. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez

Como muestran las Figuras 39 y 40, tanto en la campaña 2007-08 como en la siguiente, las líneas J036074, J035352 y J023746 se mostraron dentro del grupo de mejor comportamiento en Marcos Juárez.

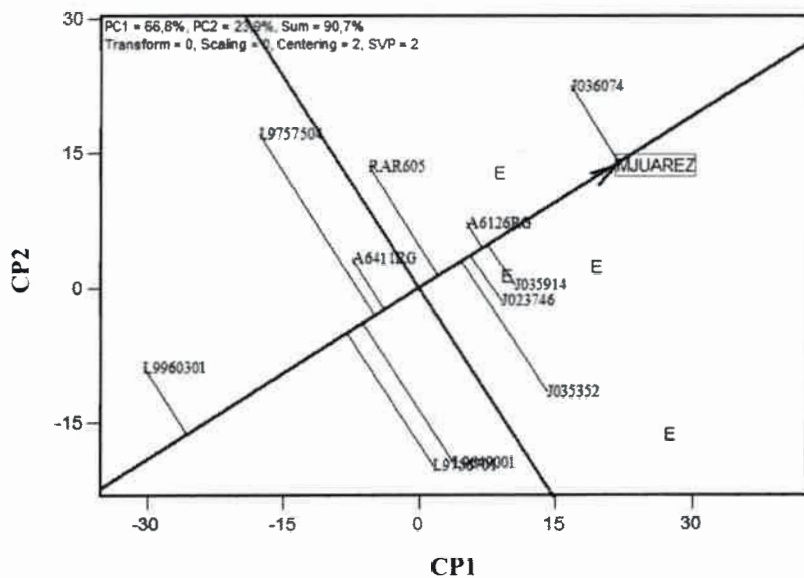


Figura 39. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2007-08.

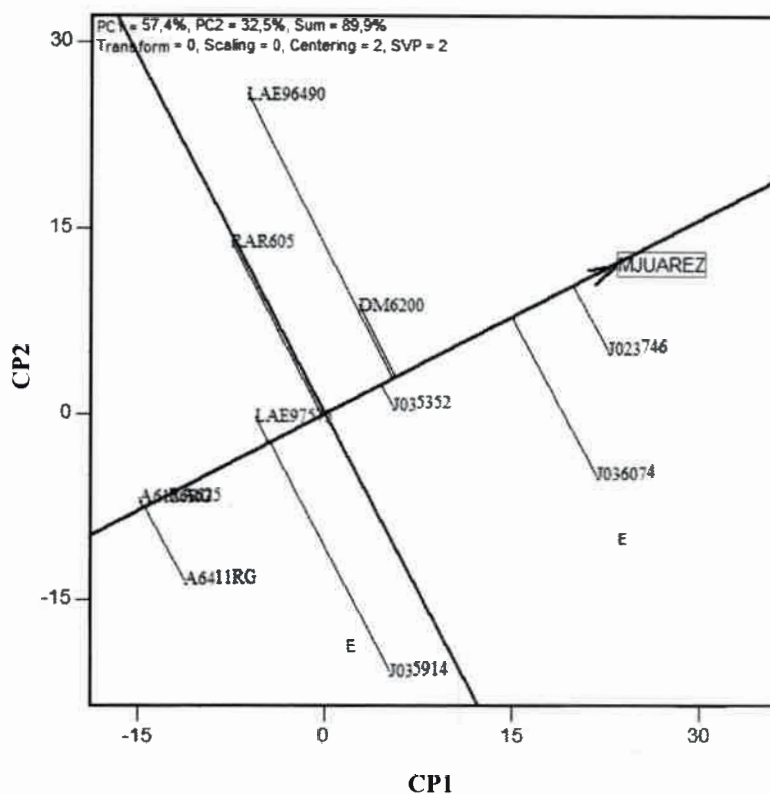


Figura 40. Identificación del desempeño de los genotipos en Marcos Juárez. Campaña 2008-09.

3.4.2. Identificación de la capacidad discriminante y la representatividad de los ambientes

Los genotipos del grupo VI fueron evaluados en 5 ambientes, coincidentes exceptuando uno, con aquellos en los que se evaluaron las líneas del grupo V.

En la campaña 2007-08 Rafaela fue la localidad de mayor poder de discriminación y Paraná la de mayor representatividad, estos resultados son coincidentes con los de la evaluación del grupo V. En la campaña siguiente Manfredi reunió los dos atributos, mayor poder de discriminación y representatividad (Figura 41 y 42).

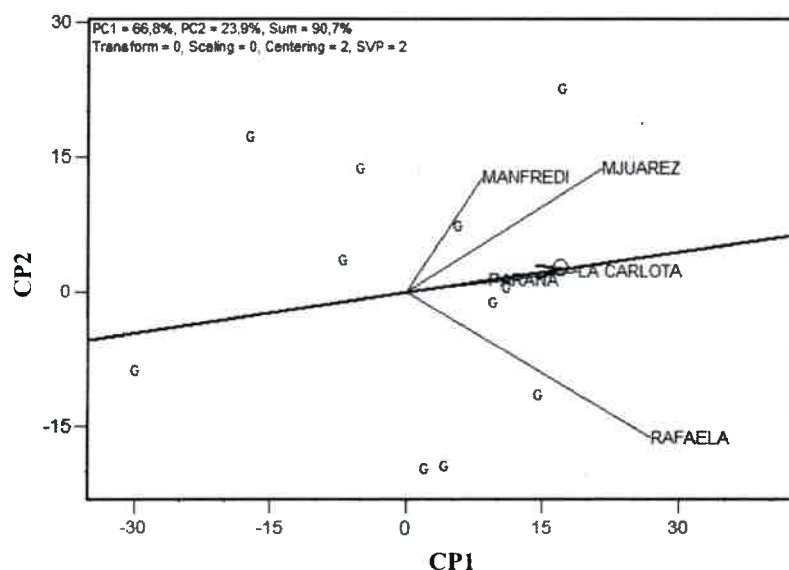


Figura 41. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes. Campaña 2007-08.

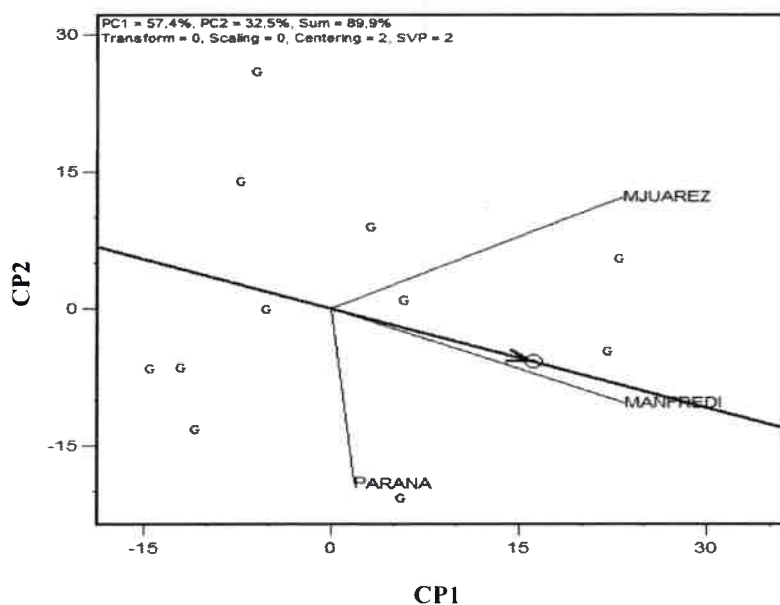


Figura 42. Capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes. Campaña 2008-09.

3.4.3. Identificación de los mejores genotipos en diferentes ambientes

Durante 2007-08 hubo interacción con crossover como muestra la Figura 43 donde cuatro de las localidades evaluadas quedan en el mismo cuadrante, Marcos Juárez, Manfredi, La Carlota, y Paraná (valores positivos en la CP2) en las cuales la mejor performance la tuvo la línea J036074, esto coincide con el análisis del comportamiento

de esta línea a través de las localidades (Figura no presentada). En tanto que J035352 manifestó su mejor comportamiento en Rafaela (valores negativos en la CP2).

En la campaña 2008-09 las tres localidades evaluadas quedan en cuadrantes diferentes que tienen como vértices a las líneas J035914 de mejor desempeño en Paraná, J036074 en Manfredi y J023746 en Marcos Juárez. La ubicación de los identificadores de las localidades y los genotipos en la CP2 indican que la interacción fue con crossover (Figura 44).

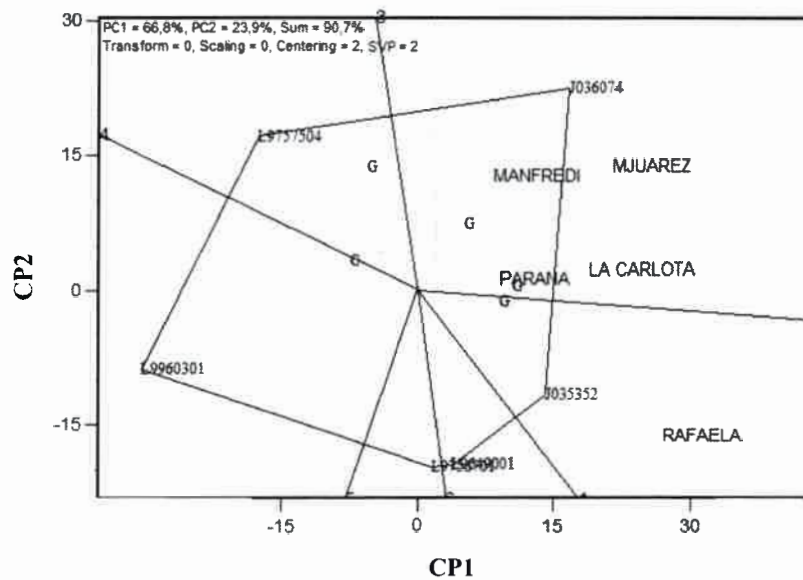


Figura 43. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2007-08.

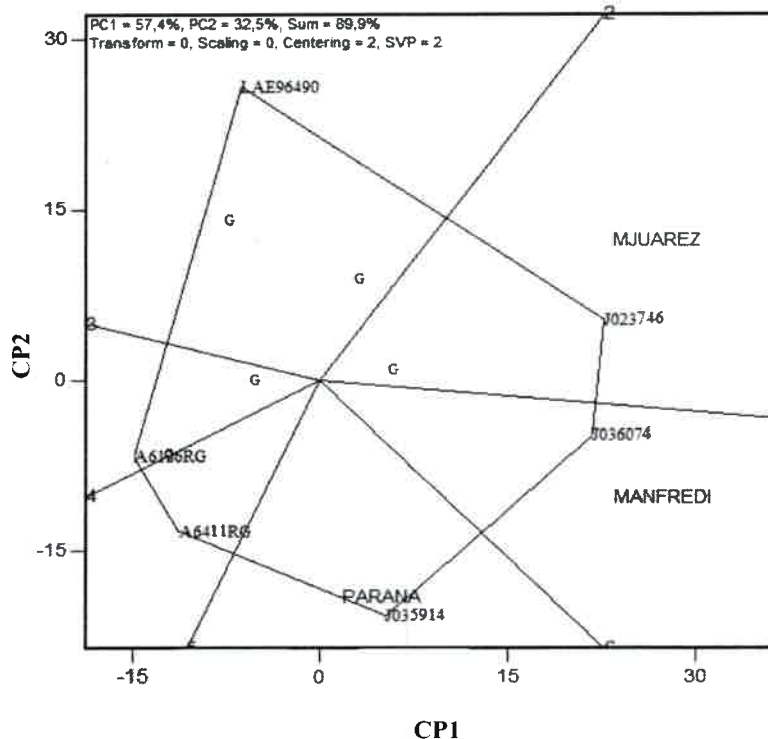


Figura 44. Identificación de los mejores genotipos en cada ambiente. Campaña 2008-09.

3.4.4. Orden de genotipos basado en comportamiento medio y estabilidad

En la campaña 2007-08, coincidentemente con lo que se evidencia en el análisis anterior, las líneas de mejor comportamiento fueron J036074 y J035352, siendo J035914 la más estable dentro de las de mayor rendimiento junto con A6126RG (Figura 45).

Así mismo en la campaña 2008-09 las líneas J036074, J023746 y J035914, que formaban los vértices del polígono son las de mejor comportamiento, destacándose la primera de éstas por un buen nivel de estabilidad, en tanto que la más estable entre las de rendimiento superior fue J035352 (Figura 46).

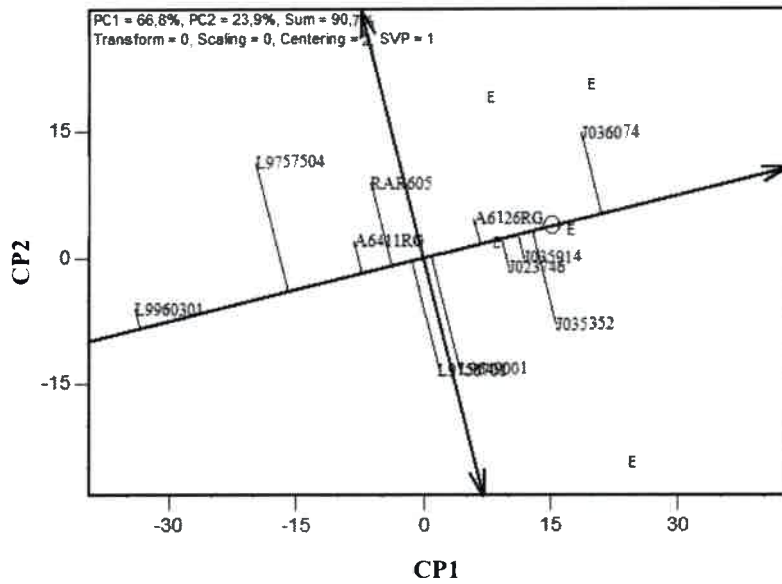


Figura 45. Orden de genotipos basado en comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2007-08.

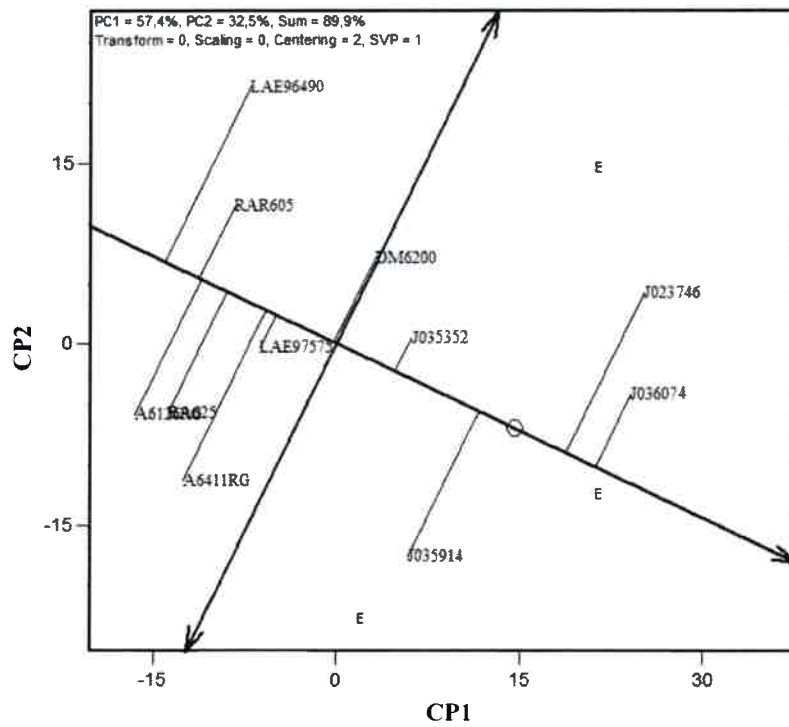


Figura 46. Orden de genotipos basado en comportamiento medio y estabilidad. Campaña 2008-09.

Mediante el modelo AMMI, a partir del gráfico AMMI1 y el biplot AMMI2 se puede estudiar la interacción identificando comportamientos diferenciales de los genotipos a través de los ambientes.

El gráfico AMMI1 muestra los efectos principales de las localidades y los genotipos a través de sus valores en la CPI. Este gráfico no tiene las propiedades del biplot, por lo tanto las interpretaciones de este último no se pueden utilizar en el AMMI1. Por este motivo sus dos ejes deberían ser analizados separadamente.

El eje de las x representa los valores medios de los genotipos y de las localidades expresados como la raíz cuadrada del rendimiento, de modo que se puede establecer un orden de izquierda a derecha tanto para los genotipos como para los ambientes.

El eje y (CPI) representa los valores de interacción por lo tanto se pueden visualizar interacciones de genotipos y localidades

En los gráficos de AMMI1 convencionales los datos del eje x se expresan en las unidades originales, y en el eje de las y se expresan como raíz cuadrada, esto hace que su interpretación sea subjetiva, sin embargo en estos gráficos AMMI1 donde ambos ejes tienen unidades de raíz cuadrada, se logra una interpretación objetiva (Yan, 2011).

4.1. Grupo de madurez IV corto

En el AMMI2 para la campaña 2006-07, las dos primeras componentes explican el 69,2 % de la variabilidad en la tabla de residuos y por lo tanto se puede suponer que ellas son suficientes para explicar los patrones debidos a la interacción.

Cuando se usa este análisis los genotipos con valores cercanos a cero en la CPI son interpretados como los de menor contribución en la GE y los que se ubican hacia los extremos, los que más aportan a dicha GE.

Se observa que algunos de los genotipos que en el biplot GGE formaban los vértices del polígono (Figura 11), están ubicados en posiciones extremas hacia la derecha y hacia la izquierda de la CPI del AMMI2. La mayoría de las líneas muestran correlación positiva con los ambientes de Coronel Suárez, Belloq y Paraná en tanto que DM3700 se asocia con Marcos Juárez, Berrotarán y Salto (Figura 47).

Los ambientes que se observan como extremos en la CP1, en los que se manifiesta en mayor medida la interacción, coinciden con aquellos de mayor poder de discriminación tal como se presentó en la Figura 5.

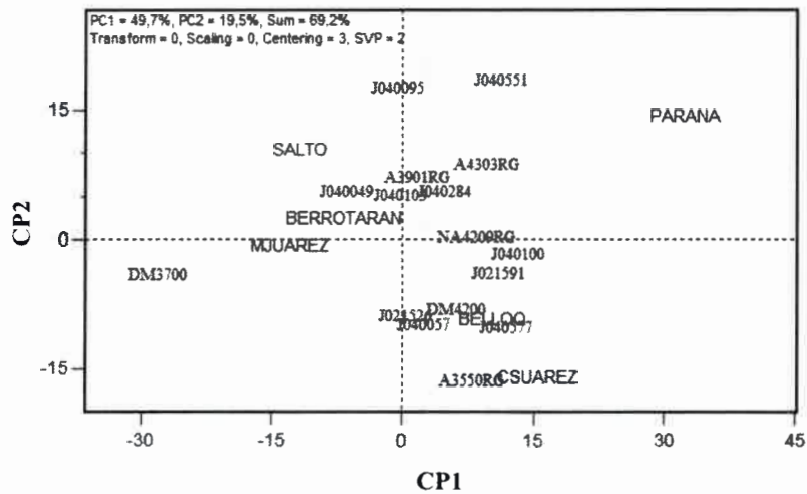


Figura 47. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2006-07.

Como se observa en la Figura 48, en el caso del AMMI1, entre las dos líneas que superaron en mayor medida el promedio de rendimiento, DM4200 mostró mayor estabilidad, esto se evidencia por su cercanía al cero en la CP1. De igual modo cuando se analizó con GGE el orden de genotipos según su comportamiento medio y estabilidad, DM4200 fue uno de los que reunió ambas condiciones (Figura 14).

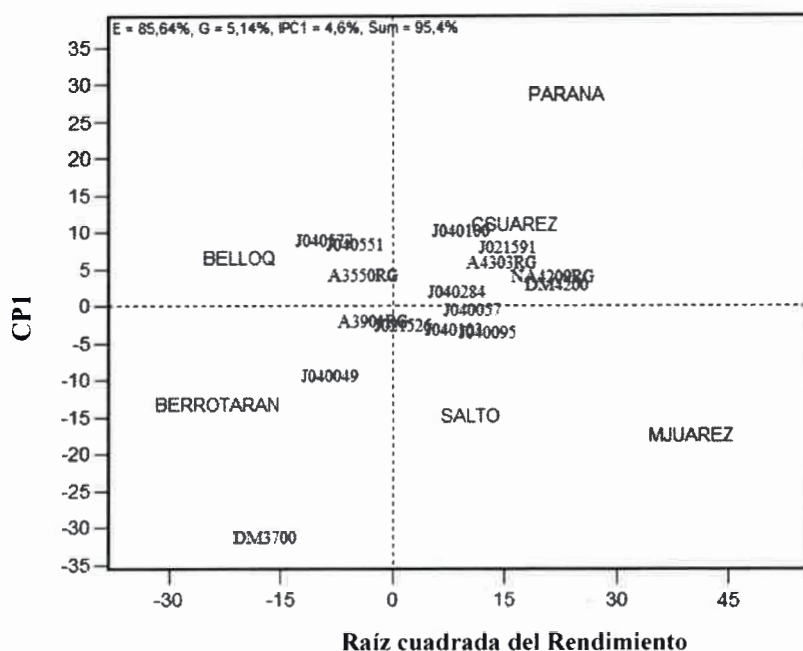


Figura 48. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2006-07.

Para la campaña siguiente 2007-08, el AMMI2 muestra que los genotipos denominados LB, asociados a los ambientes de Paraná, Salto y Berrotarán, se separan de los testigos y de las demás líneas experimentales que se correlacionan positivamente con las otras localidades (Figura 49). El hecho de que Belloq se extrema en la CPI indicaría que sería una de las localidades que más aporta a la interacción. Esto coincide con los resultados del análisis del modelo SREG como lo muestra la Figura 6, sin embargo como se observa en la misma figura, Salto, es la de menor poder de discriminación junto con Paraná a pesar de que ambas se muestran como localidades extremas en la CPI del modelo AMMI.

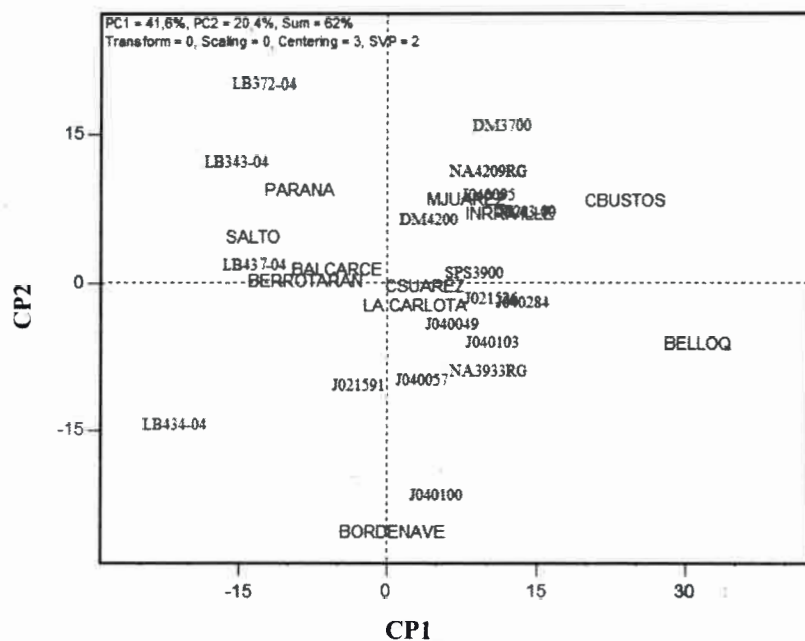


Figura 49. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2007-08.

Como muestra la Figura 50, el análisis del AMMI1 revela a J040100 y a DM4200 como los más estables dentro del grupo de los genotipos con rendimiento superior. Esto coincide con los resultados del biplot GGE donde J040100 fue uno de los genotipos vértices del polígono (Figura 12). Sin embargo la misma línea, como se observa en la Figura 15 se manifestó como uno de las de menor estabilidad en el análisis de comportamiento medio y estabilidad de los genotipos.

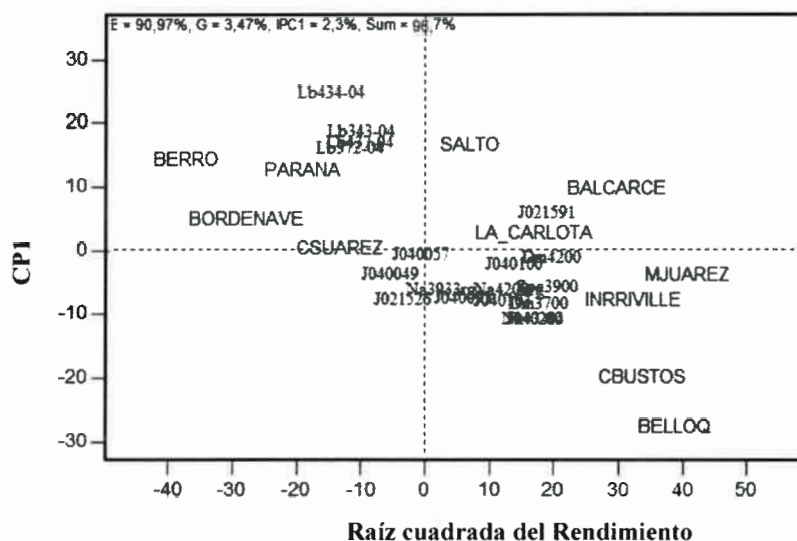


Figura 50. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2007-08.

En la campaña 2008-09 (Figura 51), las localidades de Corral de Bustos y Marcos Juárez son extremas en el eje de la CPI, mostrando que contribuyen en mayor medida a explicar los patrones de la interacción, esto se había manifestado del mismo modo cuando mediante el biplot GGE se analizó la capacidad de discriminación de los ambientes (Figura7). El análisis del AMMI1 muestra que las líneas más estables dentro de las de mayor rendimiento son J071353, BIO4.2 y J021591, mientras que SPS3900 fue una línea de alto rendimiento y a la vez una importante contribuyente a la interacción (Figura 52). Asimismo la línea J040095 fue la de mayor rendimiento. Esto coincide con los resultados acerca del comportamiento medio y estabilidad de los genotipos que se muestran en la Figura 16.

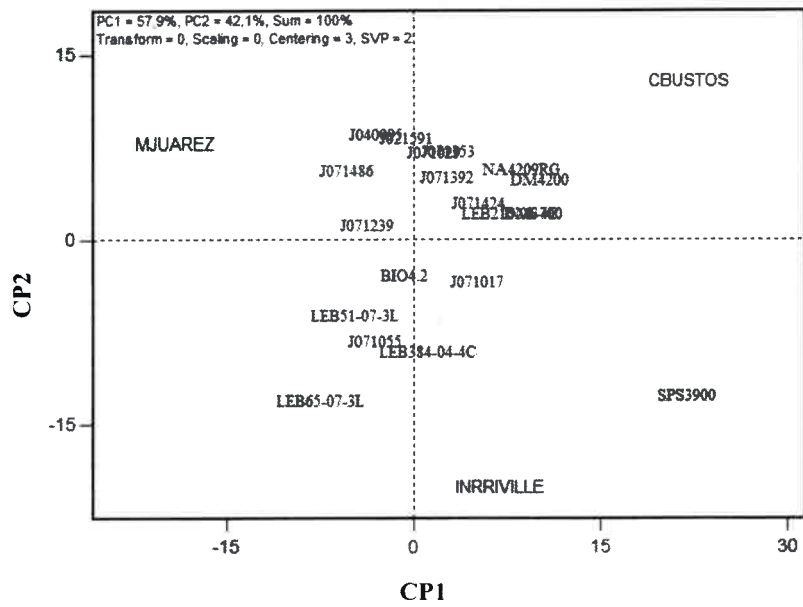


Figura 51. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2008-09.

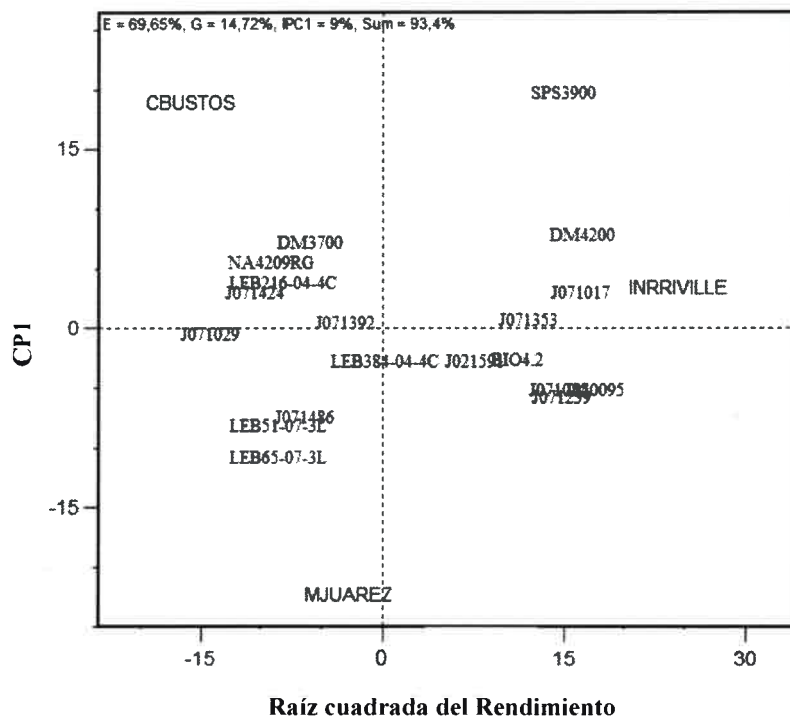


Figura 52. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2008-09.

4.2. Grupo de madurez IV largo

Analizando AMMI2, en la campaña 2006-07 se observa que las localidades más extremas en la CPI fueron La Carlota, Belloq, Marcos Juárez, Paraná y Salto, coincidiendo las tres primeras con las que mostraron mayor poder de discriminación en el análisis GGE (Figura 19). Con respecto a los genotipos, los que fueron extremos en la CPI, A4613RG y J031444, también fueron extremos en el polígono de genotipos del GGE (Figura 53 y 26).

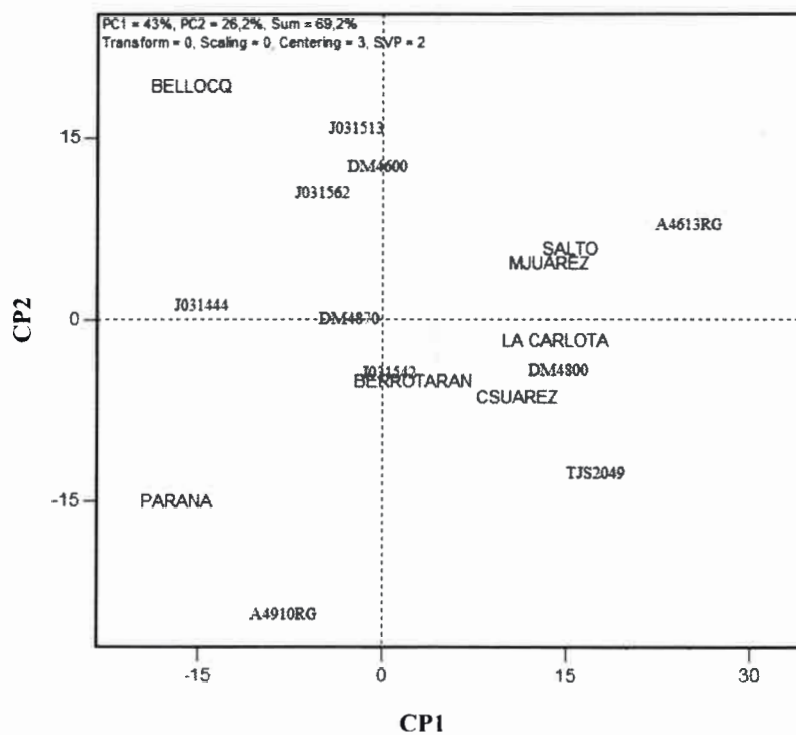


Figura 53. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2006-07.

En cuanto a la estabilidad, el AMMI1 mostró que tanto DM4870 como DM4600 y J031562 fueron los más estables dentro de los de alto rendimiento. El genotipo A4613RG fue de las líneas de mayor rendimiento pero la menos predecible, contribuyendo en gran medida a la interacción. Esto coincide con los resultados del orden según comportamiento medio y estabilidad de los genotipos (Figuras 54 y 28).

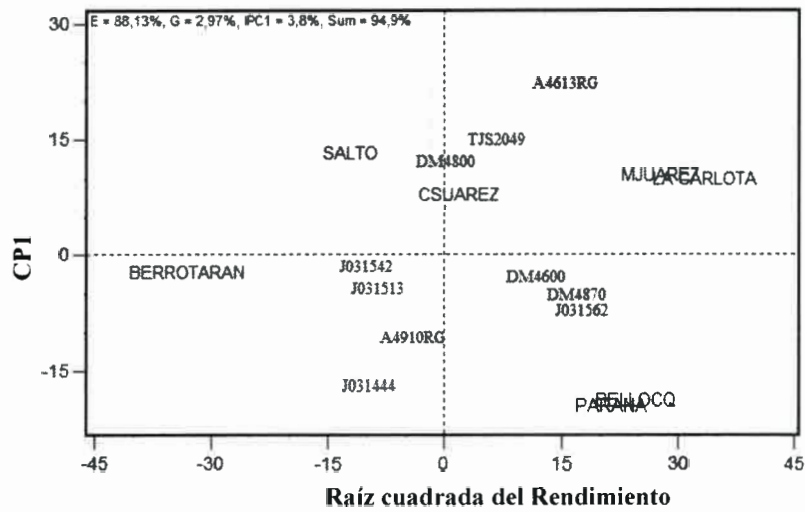


Figura 54. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2006-07.

Para la campaña 2007-08 las localidades de Inrriville, Belloq, Marcos Juárez y Corral de Bustos son extremas en la CPI, siendo esto coincidente con el análisis de capacidad discriminante y representatividad de los ambientes (Figura 20). En cuanto a los genotipos, se separan en los extremos J061139, J061152 y J061163 de las líneas LB (Figura 55).

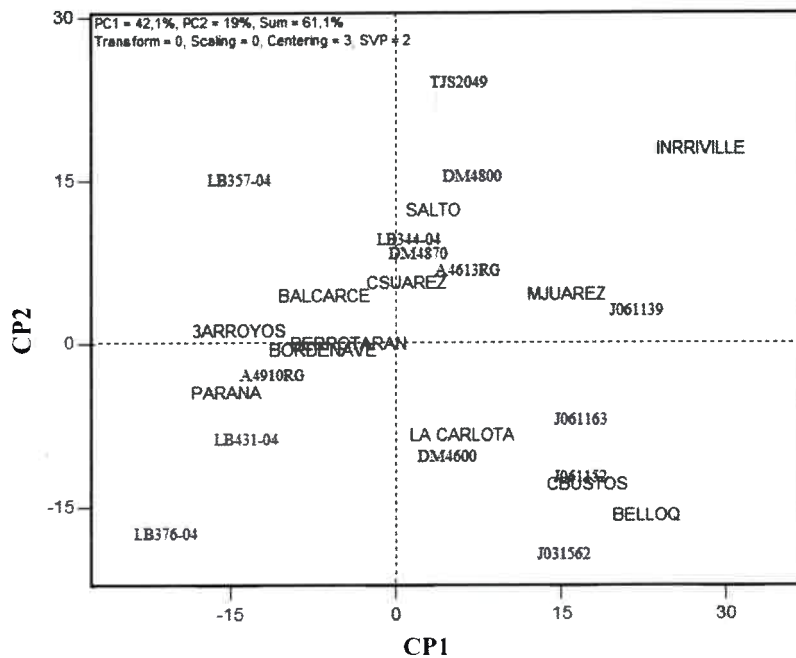


Figura 55. Biplot AMMI2 basado en GE. Campaña 2007-08.

El AMMI1 para la misma campaña revela que los genotipos DM4870, TJS2049, DM4600 y A4613RG fueron los de mayor rendimiento y estabilidad, coincidentemente con los resultados del orden de comportamiento medio y estabilidad de los genotipos (Figuras 56 y 29).

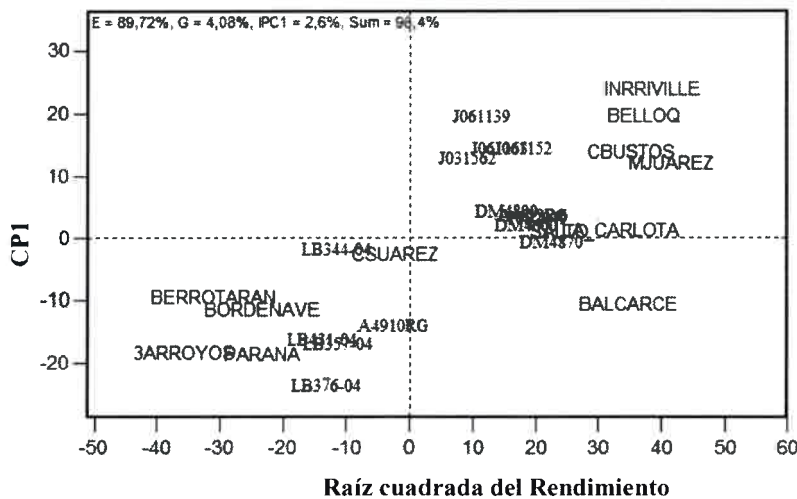


Figura 56. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2007-08.

4.3. Grupo de madurez V

El biplot del AMMI2 para la campaña 2006-07 revela como ambientes extremos a las localidades de Berrotarán y Marcos Juárez, en coincidencia con los resultados del análisis GGE para la capacidad de discriminación de los ambientes de prueba (Figura 57 y 32). Asimismo los genotipos más extremos en la CPI fueron los denominados L, que también fueron los vértices en el polígono del biplot GGE.

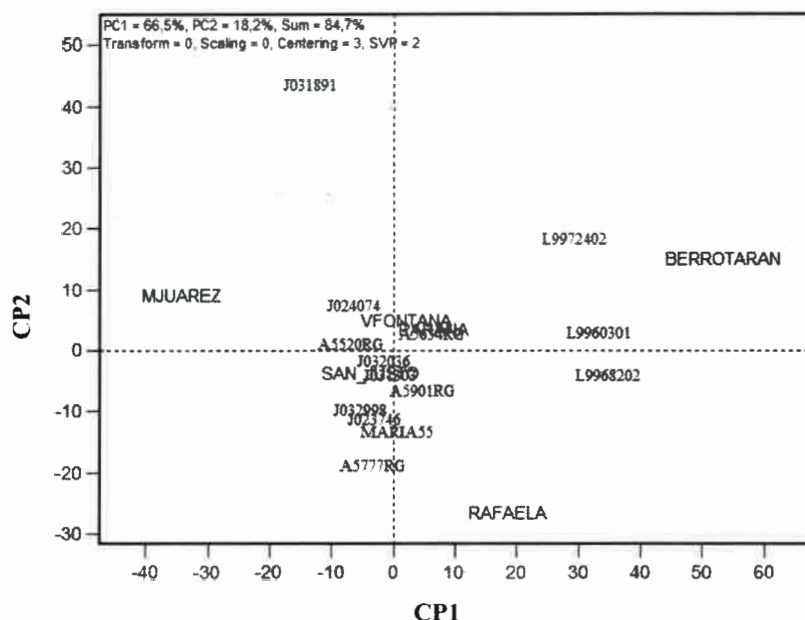


Figura 57. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2006-07.

En el gráfico AMMI1 (Figura 58) puede verse que los genotipos de mayor estabilidad entre los que superaron el rendimiento medio fueron J031303, J032036, J023746 y J032998 en tanto que los que más aportaron a la interacción, fueron L9972402, y L9968202. Lo mismo se observa en el ranking de performance media y estabilidad de los genotipos del GGE biplot (Figura 37).

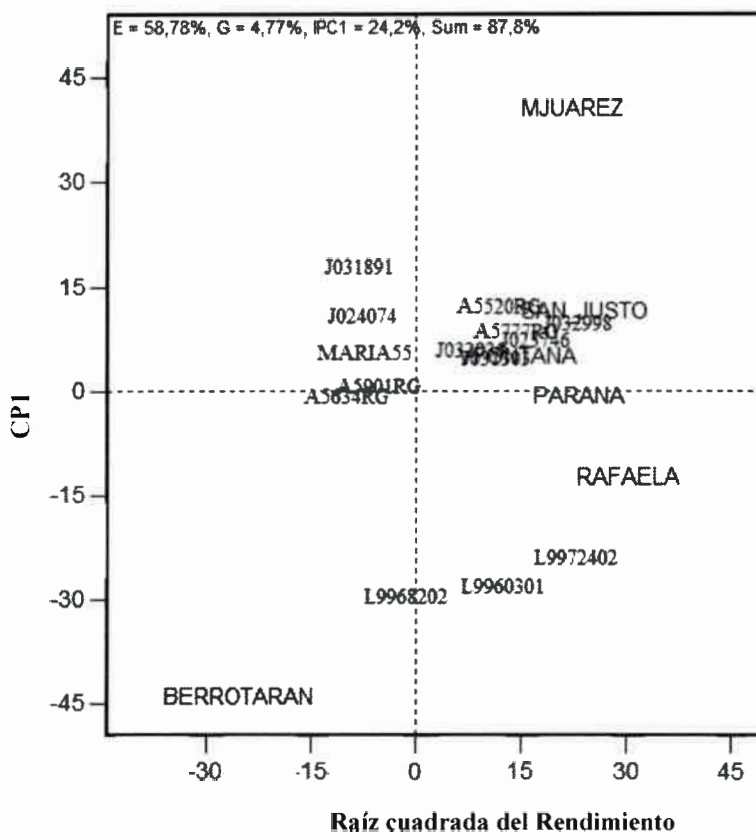


Figura 58. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2006-07.

Para la campaña siguiente, el AMMI2 muestra que Manfredi, La Carlota y Rafaela, fueron las localidades en las que se manifestaron los mayores cambios en las diferencias entre genotipos, asociándose las dos primeras, con las líneas NMARIA55, NA5009RG y J051212. Hacia el otro extremo de la CPI se diferencian J051143 y J051303, correlacionadas positivamente con Rafaela. Las tres localidades mencionadas, fueron las que en el biplot GGE mostraron mayor poder de discriminación (Figuras 59 y 33).

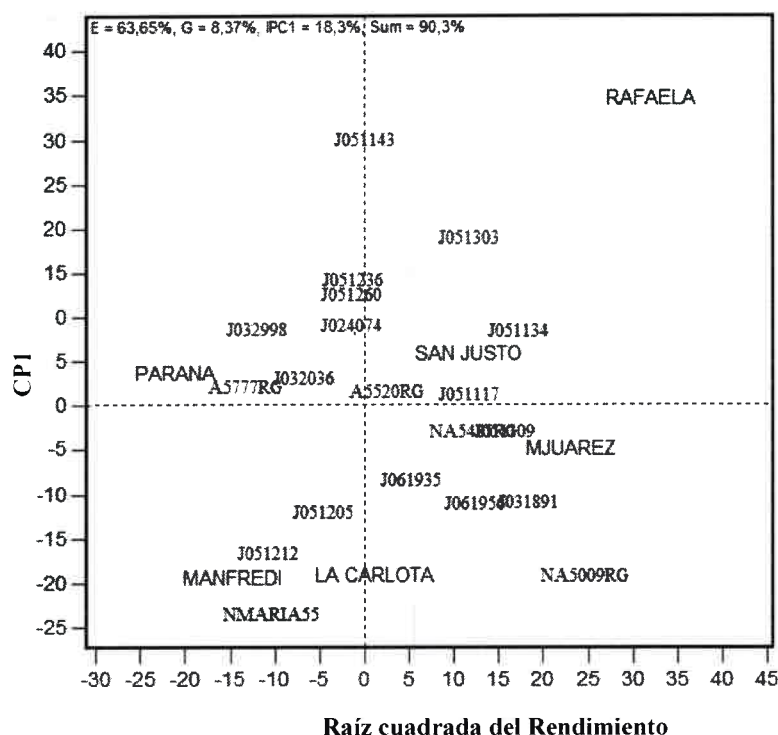


Figura 60. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2007-08.

4.4. Grupo de madurez VI

Como muestra la Figura 61, el análisis del biplot del AMMI2 para la campaña 2007-08 revela que las localidades en las cuales se manifestó mayor interacción fueron Manfredi y Rafaela, éstas también se habían mostrado como de alto poder de discriminación en el GGE (Figura 41).

En cuanto a las líneas que más contribuyeron a la interacción, las más extremas en la CPI, fueron L9757504 hacia un lado y L9649001, L9756701 y J035352 hacia el otro, coincidentemente con líneas que habían aparecido como vértices del polígono de genotipos del biplot GGE para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente (Figura 43).

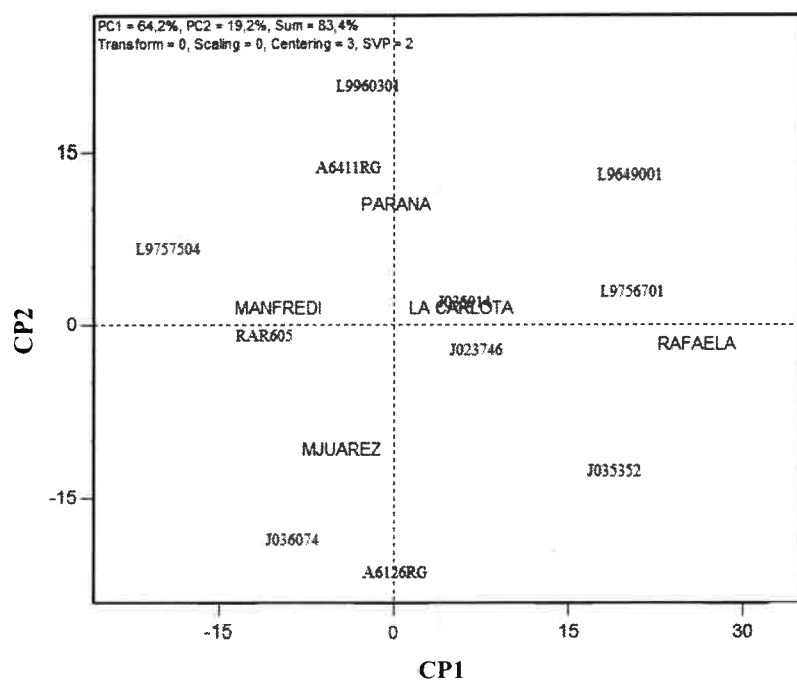


Figura 61. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2007-08.

Dentro de los genotipos de alto rendimiento, el gráfico del AMMI1 mostró que el de mayor estabilidad fue A6126RG seguido de J035914 y J023746. Tanto J036074 como J035352 fueron de altos rendimientos pero baja estabilidad. Iguales resultados se obtuvieron en el análisis de la performance media y estabilidad de los genotipos (Figuras 62 y 45).

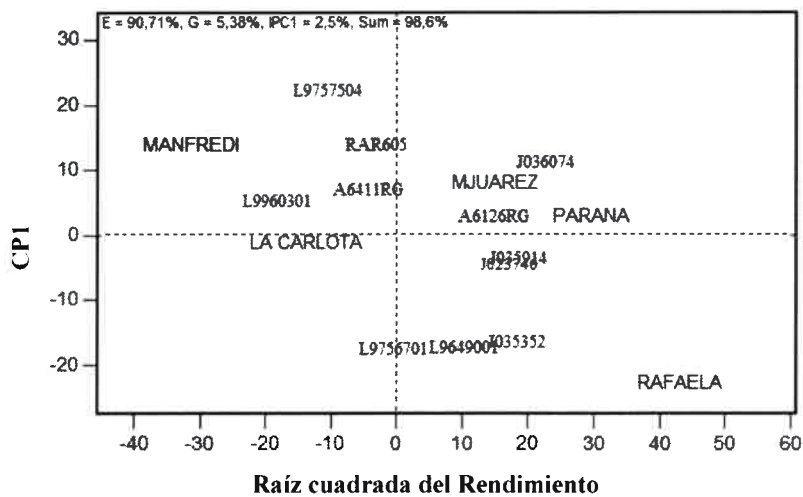


Figura 62. Gráfico AMMI1 basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2007-08.

La Figura 63 muestra el biplot del AMMI2 para la siguiente campaña, en la cual se observa que las localidades que contribuyeron más a explicar los patrones de la interacción, fueron Paraná y Marcos Juárez, extremas en la CPI, en tanto que la CP2 separa a la localidad de Manfredi. En el análisis GGE las 3 localidades mostraron alta capacidad de discriminación (Figura 42).

Los genotipos extremos en la CPI fueron A6411RG, A6126RG y J035914 hacia un lado y J023746 y LAE96490 hacia el otro, todos éstos eran vértices en polígono del biplot GGE para la identificación de los mejores genotipos en cada ambiente (Figura 44).

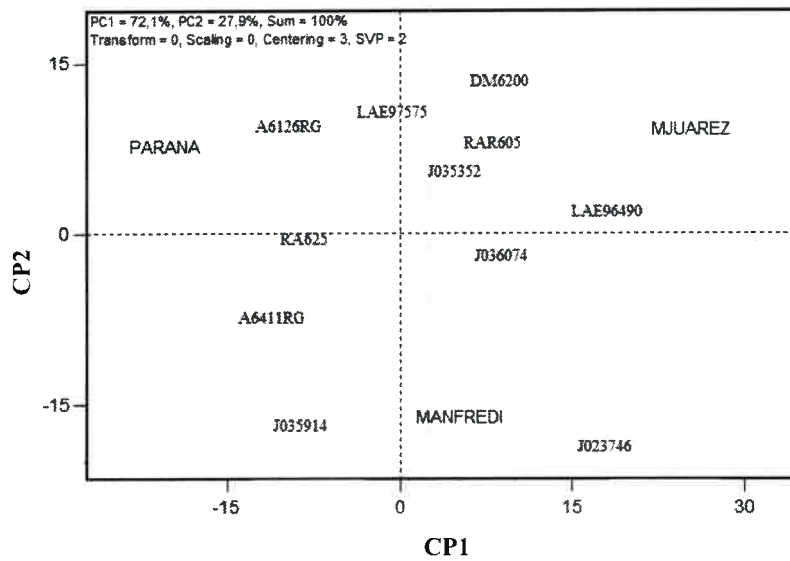


Figura 63. Biplot AMMI2 basado en la GE. Campaña 2008-09

En el Gráfico del AMMI1 se observa que las líneas que superaron el rendimiento promedio fueron J036074, J023746, J035914 y J035352, siendo la última la más estable, en tanto que J023746 y J035914 fueron las de mayor aporte a la interacción. Del mismo modo que en campañas anteriores, hay coincidencia con el análisis GGE para la evaluar la performance media y estabilidad de los genotipos, como puede verse comparando las Figuras 64 y 46.

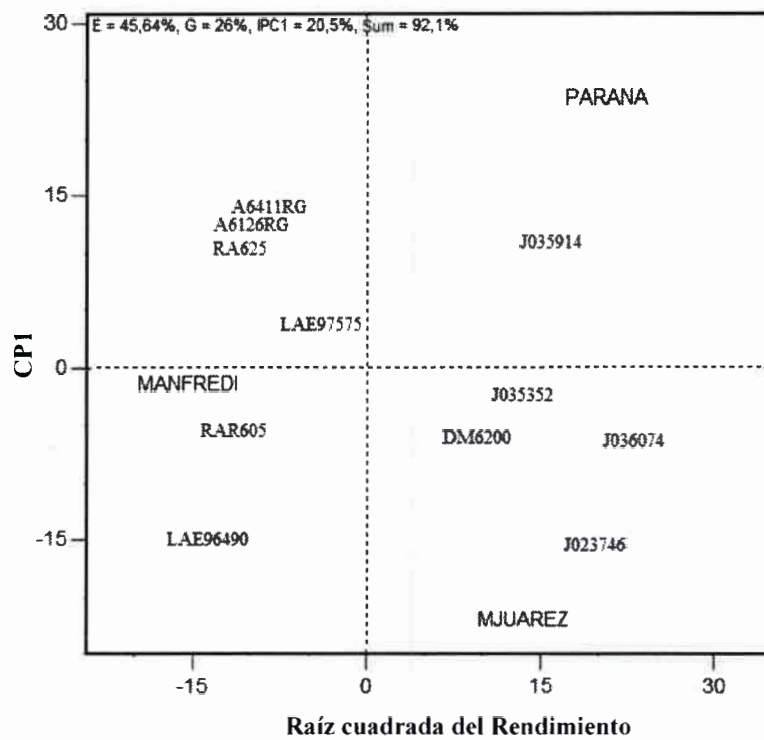


Figura 64. Gráfico AMMI basado en el rendimiento y la GE. Campaña 2008-09.

CONCLUSIONES

Aplicando los modelos SREG y AMMI a los ensayos multiambientales realizados en Argentina en localidades ubicadas entre las latitudes 38°21' LS y 30° 54' LS, que abarca las zonas de mayor producción en la Argentina, se llegó a las siguientes conclusiones:

1. La principal fuente de variación en el rendimiento de soja fue el de localidad, como es esperable en todos los ensayos multiambientales, sin embargo la interacción genotipo ambiente también fue una importante fuente de variación superando inclusive al efecto de genotipo.
2. En todos de los casos analizados hubo presencia de interacción con cambio de rango, salvo en uno de ellos.
3. El análisis de los ambientes determinó que las localidades de Salto, Berrotarán y La Carlota fueron las de menor poder de discriminación además de redundar en cuanto a la información que brindaron sobre los genotipos, en tanto que Paraná, Marcos Juárez, Bellocq, Rafaela y Manfredi se destacaron por su alta capacidad de discriminación. La representatividad de las localidades varió entre grupos y campañas, siendo Bellocq la más representativa para el grupo IV corto, Berro y Marcos Juárez para el grupo IV largo, Rafaela y Paraná para el grupo V y Manfredi y Paraná para el grupo VI.
4. A partir del modelo SREG, para el conjunto IV corto, se pudieron diferenciar tres líneas experimentales de mayor rendimiento y buena estabilidad. Para el conjunto IV largo se destacó una de las líneas experimentales como la de mejor rendimiento (mayor al de los testigos) y buena estabilidad, cercana a la de los testigos. En los grupos V y VI se diferenciaron tres líneas experimentales que superaron en rendimiento a los testigos y mostraron buen nivel de estabilidad. Estos resultados fueron coincidentes casi en su totalidad con los obtenidos con el análisis AMMI.
5. Los modelos SREG y AMMI son excelentes herramientas para el estudio y la visualización de la interacción genotipo ambiente, destacándose el primero por la posibilidad de proveer más información no sólo sobre los genotipos sino también sobre los ambientes, lo que permite tomar decisiones de peso en la selección de ambientes a utilizar.

BIBLIOGRAFÍA

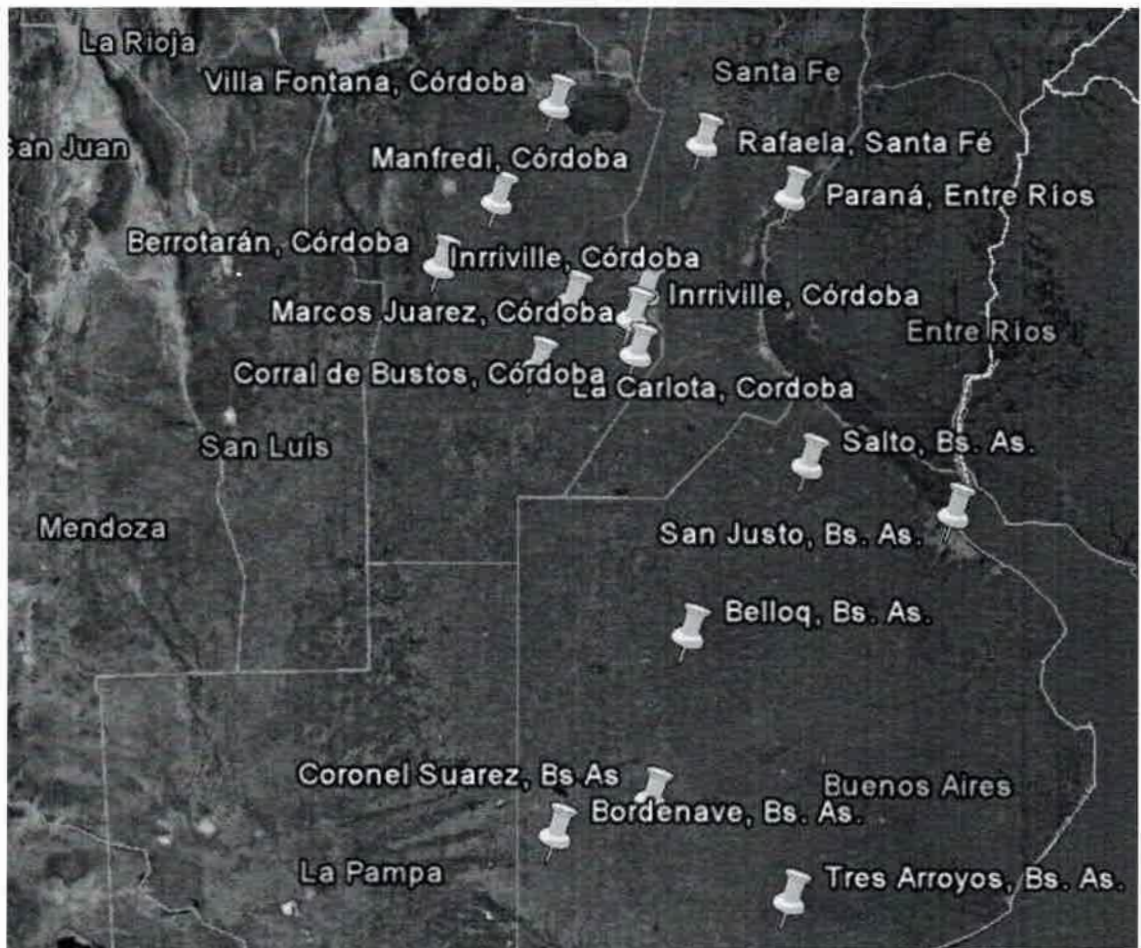
- Bacigaluppo, S., Dardanelli, J., Gerster, G., Quijano, A., Balzarini, M., Bodrero, M., Andriani, J., Enrico, J., et al. (2006). *Variaciones del rendimiento de soja en el sur de Santa Fe. Factores limitantes de clima y suelo*. Paper presented at the Mercosoja 2006, Rosario Argentina
- Baker, R. J. (1988). Tests for crossover genotype x environment interactions. *Can. J. Plant Sci.*, 68, 405-410.
- Balzarini, M., Bruno, C., y Arroyo, A. (2005). Ensayos Multi-Ambientales en Agricultura. In Brujas (Ed.), *Análisis de Ensayos Agrícolas Multiambientales* (1 ed., pp. 13-15). Córdoba.
- Balzarini, M. G., y DiRienzo, J. A. (2014). InfoGen. FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. URL <http://www.info-gen.com.ar>.
- Blanche, S. B., y Myers, G. O. (2006). Identifying Discriminating Locations for Cultivar Selection in Louisiana. *Crop Sci.*, 46, 946-949.
- Bradu, D., y Gabriel, K. R. (1978). The biplot as a diagnostic tool for models of two-way tables. *Technometrics*, 20, 47-68.
- Braun, H., Rajaram, S., y Ginel, M. V. (1996). CIMMYT's approach to breeding for wide adaptation. *Euphytica* 92, 175-183.
- Byth, D. E., y Mungomery, V. E. (1981). Interpretation of plant response and adaptation to agricultural environments. *Brisbane: Australian Institute of Agricultural Science. Queens -land Branch*.
- Cooper, M., y DeLacy, I. H. (1994). Relationship among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. *Theor. Appl. Genet.*, 88, 561-572.
- Cornelius, P. L., Crossa, J., y Seyedsadr, M. S. (1996). Statistical test and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. Paper presented at the Genotype-by-Environment Interaction *CRC Press. Boca Raton, FL*.
- Cornelius, P. L., Seyedsadr, M. S., y Crossa, J. L. (1992). Using the shifted multiplicative model to search for "separability" in crop cultivar trials. *Theor. Appl. Genet.*, 84, 161-172.
- Crossa, J., Cornelius, P. L., Seyedsadr, M. S., y Byre, P. (1993). A shifted multiplicative model cluster analysis for grouping environments without cultivar rank change. *Theor. Appl. Genet.*, 85, 577-586.
- Crossa, J., Cornelius, P. L., Sayre, K., y Ortiz-Monasterio, R. J. (1995). A shifted multiplicative model fision method for grouping environments without cultivar rank change *Crop Sci.*, 35, 54-62.
- Crossa, J., y Cornelius, P. L. (1997). Sites regresion and shifted multiplicative model clustering of cultivar trials sites Under heterogeneity of variants *Crop Sci.*, 37, 406-415.
- Crossa, J., Cornelius, P. L., y Yan, W. (2002). Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype_environment interaction. *Crop Sci.*, 42, 619-633.
- Dardanelli, J. L., Balzarini, M., Martinez, M. J., Cuniberti, M., Resnik, S., Ramunda, S. F., Herrero, R., y Baigorri, H. (2006). Soybean Maturity Groups, Environments, and Their Interaction Define Mega-environments for Seed Composition in Argentina. *Crop Sci.*, 46, 1939-1947
- Fox, P. N., y Rosielle, A. A. (1982). Reducing the environmental main effects on pattern analysis of plant breeding environments. *Euphytica*, 31, 645-656.

- fyo.com. (2014). [http://www.fyo.com/especiales/soja13-14/estadisticas ar.php](http://www.fyo.com/especiales/soja13-14/estadisticas_ar.php) Retrieved 26 Enero 2014
- Gabriel, K. R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, 58, 453-467.
- Gauch, H. G. J. (1988). Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics* 44, 705-715.
- Gauch, H. G. J. (1992). Statistical analysis of regional yield trial data. *Theor. Appl. Genet.*, 70, 753-761.
- Gauch, H. G. (1996). AMMI statistical analysis for increasing selection gains. Paper presented at the Thirty-second Annual Illinois Corn Breeders' School, Department of Crop Sciences, University of Illinois, Champaign, Illinois.
- Gauch, H. G., y Zobel, R. W. (1996). AMMI analysis of yield trials Paper presented at the Genotype-by-environment interaction, *CRC Press Boca Raton, FL*.
- Gauch, J. H. G., y Zobel, R. W. (1997). Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Sci*, 37, 311-326.
- Gollob, H. F. (1968). A statistical model with combines features of factor analytic and análisis of variante technique. . *Psychometrika*, 33, 73-115.
- Kang, M. S. (1990). Understanding and utilization of genotype-by-environment interaction in plant breeding. *En: Genotype-by-environment interaction in plant breeding. Kang, M.S (ed.)*. 52-68.
- Kang, M. S., y Gauch, H. G. J. (1996). Genotype-by-environment interaction. *CRC Press. Boca Raton, Fl*. 416.
- Kempton, R. A. (1984). The use the biplots in interpreting variety by yielding and stable crop genotypes. *J. Agric. Sci.*, 103, 123-135.
- Kroonenberg, P. M. (1995). Introduccion to biplots for G x G tables. Centre for Statistics Research Report 51 Department of Mathematics. Univ. of Queensland, Australia.
- Rao, M. S. S., Gururajan, R., Balasubramanian, V., y Suresh, B. S. (1993). Integration of Hypertext and Object-Oriented Databases for Information Retrieval, Proceedings of the Nineteenth Annual Northeast IEEE Paper presented at the Conference on Bio-Engineering, IEEE Press.
- Rao, M. S. S., Mullinix, B. G., Rangappa, M., Cebert, E., Bhagsari, A. S., Sapra, V. T., Joshi, J. M., y Dadson, R. B. (2002). Genotype x Environment interactions and yield stability of foddoo-grade soybean genotypes. *Agronomy Journal*, 94, 72 - 80.
- Vargas, M., Crossa, J., Eeuwijns, F. V., Kenneth, D., y Reynolds, M. P. (2001). Interpreting Treatment x Environment interaction in agronomy trials. *Agronomy Journal*, 93, 949-960.
- Vencovsky, R., y Barriga., P. (1992). Genética Biométrica no Fitomelhoramento de Plantas. *Sociedade Brasileira de Genética*. Riberáo Preto, Sao Paulo, Brasil. 486.
- Yan, W. (1999). *Methodology of cultivar evaluation based on yield trial data with special reference to winter wheat in Ontario*. (Ph.D), University of Guelph, Guelph. Canada.
- Yan, W., Hunt, L. A., y Szalvnic, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci*, 40, 597-605.
- Yan, W., y Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci*, 42, 11-20.
- Yan, W., y Hunt, L. A. (2002). Biplot analysis of diallel data. *Crop Sci*, 42, 21-30.
- Yan, W., y Kang, M. S. (2003). GGE Bipolt Analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. *CRC Press, Boca Raton, FL*.

- Yan, W., y Rajcan, I. (2003). Prediction of cultivar performance based on single- versus multiple-year tests in soybean. *Crop Sci.*, 43, 549-555.
- Yan, W., y Tinker, N. A. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. . *Can. J. Plant Sci*, 86, 623-645.
- Yan, W., Kang, M. S., Ma, B., Woods, S., y Cornelius, P. L. (2007). GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment Data. [Review & Interpretacion]. *Crop Sci*, 47, 643-655.
- Yan, W. (2011). GGEbiplot, 2014, from <http://www.ggebiplot.com/biplot.htm>
- Yan, W. (5 de Enero de 2013). [Re: GGE question in Cultivar Evaluation and Mega-Environment Investigation Based on the GGE Biplot]. Mensaje a Elizabeth Rojas
- Zobel, R. W., Wright, M. J., y Gauch, H. G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80, 388-393.


Anexo 1

Ubicación geográfica de las localidades donde se realizaron los ensayos multiambientales.



Este Libro se terminó de imprimir
en Octubre de 2015



Editorial El Tabaquillo
Avenida Mitre 1696 ~ 02657- 15 623 203
www.eltaquillo.com.ar
editorialeltaquillo@yahoo.com.ar
 Editorial El Tabaquillo
Villa Mercedes | San Luis | Argentina