



Informe de Resultados Red Multiambiental de Evaluación de Cultivares de Soja

Comisión de Agricultura CREA - Región Norte de Santa Fe

Campaña 2020/21



Índice

1. Introducción	2
2. Objetivos	2
3. Metodología	2
3.1. Sitios experimentales	2
3.2. Genotipos	3
3.3. Análisis estadístico	4
4. Resultados	6
4.1. Estadísticas descriptivas	6
4.2. Diferencias entre variedades	8
4.3. Interacción GA	9
5. Consideraciones finales	10
6. Agradecimientos	11
7. Bibliografía	11
8. Anexo	12
Rendimiento seco medio (sin ajustar) y coeficiente de variación por genotipo y localidad	12
Rendimientos ajustados modelo global	13

1. Introducción

El cultivo de soja (*Glycine max*) es el cultivo más importante de los sistemas productivos de la región y el país ya que es uno de los más rentables y las exportaciones de granos, aceites y harinas de soja constituyen la principal fuente de divisas para el país.

El rendimiento de un cultivo (fenotipo) es función del resultado acumulativo de un número de factores que inciden en la interacción entre la expresión del material genético la variedad o variedad (genotipo) y las condiciones en las cuales la planta crece (ambiente). Los ambientes difieren en la cantidad y calidad de recursos que están disponibles para las plantas (agua, nutrientes y radiación), y las plantas capturan y convierten dichos recursos en biomasa y órganos de interés comercial, según su carga genética, que a su vez es modulada por el ambiente (Yan y Kang, 2002).

Según el objetivo de mejoramiento, los genotipos pueden ser seleccionados para mejorar su adaptación a un amplio rango de condiciones ambientales o bien para condiciones más específicas. En este último caso, la adaptación sitio-específica de los genotipos se relaciona con el fenómeno denominado *interacción genotipo-ambiente* (**GA**), el cual se observa cuando la performance relativa de los fenotipos depende del ambiente en el que crecen (Malosetti et al., 2013).

La interacción **GA** reduce la asociación entre los valores fenotípicos y genotípicos, lo cual puede ocasionar que los genotipos seleccionados por su performance en un ambiente tengan mal desempeño en otro. Es por ello que en presencia de fuerte interacción **GA**, gran parte del éxito productivo del cultivo de soja es el resultado de la elección de los materiales más aptos para cada ambiente.

2. Objetivos

- Resumir los datos de rendimiento de los genotipos de soja evaluados en la Red CREA RNSF de Ensayos Multiambientales durante la campaña 2020/21.
- Analizar estadísticamente los resultados comparando los rendimientos de los genotipos globalmente en toda la red.
- Comparar los rendimientos promedio de los genotipos y su estabilidad a través de las localidades de la Red.
- Explorar y describir los patrones de la interacción **GA**.

3. Metodología

3.1. Sitios experimentales

Durante la campaña 2020/21 se llevaron adelante ensayos comparativos de rendimiento de genotipos de soja en 4 localidades del Norte de la Provincia de Santa Fe. Los sitios seleccionados para los ensayos en cada localidad corresponden a establecimientos productivos de miembros CREA de la Región Norte de Santa Fe (Tabla 1). La distribución espacial de las localidades se muestra en la Figura 1.

Tabla 1: Localidades incluidas en la campaña 2020/21

ID	Localidad	CREA	Miembro
1	Malabrigo	Extra CREA	Diego Facioli
2	Margarita	Margarita	El Desafío S.A.
3	Col. Dolores	Ramayón	La Criolla S.A.
4	Ramayón	Ramayón	Jose Truchet

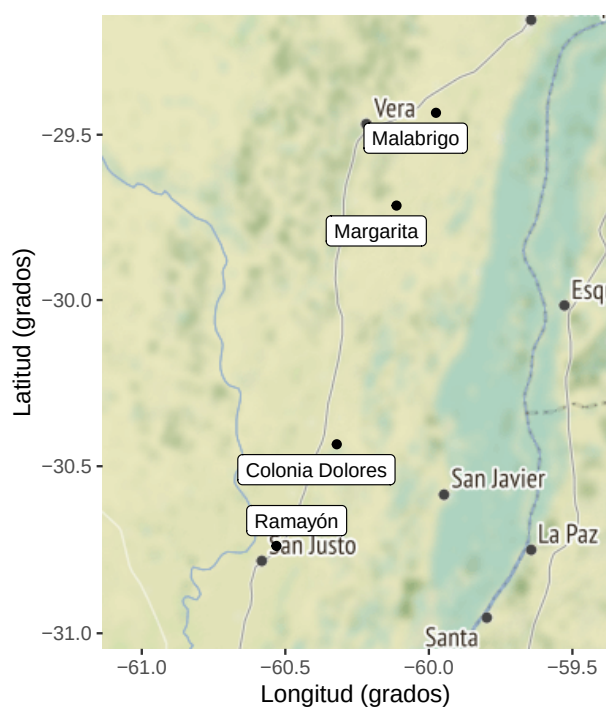


Figura 1: Distribución espacial de las localidades incluidas en la campaña 2020/21

En cada sitio se establecieron ensayos comparativos de rendimiento (ECR) utilizando un diseño experimental sin réplicas con controles sistemáticos (Kempton, 1997). Los materiales fueron sembrados con espaciamento entre surco (EES) de 52 cm en franjas de 4.16 m de ancho por 150 a 200 m de longitud. Las fechas de siembra, densidad, fertilización y fecha de cosecha de cada ensayo se detallan en la Tabla 2.

Tabla 2: Características generales de los ensayos por localidad

ID	Localidad	Siembra	Densidad	EES	Fertilizante (kg)	Cosecha
1	Malabrigo	09/12/2020	15	0.52	Dualfos (80)	14/05/2021
2	Margarita	08/12/2020	15	0.52	SPS (60)	06/05/2021
3	Col. Dolores	08/12/2020	16	0.52	DAP (70)	18/05/2021
4	Ramayón	07/12/2020	16	0.52	MAP (90)	17/05/2021

3.2. Genotipos

Los tratamientos evaluados fueron 22 genotipos los cuales se presentan en la Tabla 3 junto al número de localidades en las que fueron evaluados.

Tabla 3: Genotipos evaluados y localidades en las que fueron incluidos

Semillero	Genotipo	GM	Localidades
A.C.A	ACA 7890	VII	1, 2, 3, 4
Bioceres	BIO 6.51 IPRO	VI	1, 2, 3, 4
Bioceres	BIO 5.92 RR1	V	1, 2, 3, 4
Bioceres	BIO ID 6.6 RR1	VI	1, 2, 3, 4
Credenz	CZ 5907	V	1, 2, 3, 4
Credenz	CZ 6505	VI	1, 2, 3, 4
Credenz	CZ 7521	VII	1, 2, 3, 4
Don Mario	DM 60I62	VI	1, 2, 3, 4
Don Mario	DM 63I64	VI	1, 2, 3, 4
Don Mario	DM 66R69 STS	VI	1, 2, 3, 4
Don Mario	DM 67I70 STS	VI	1, 2, 3, 4
Don Mario	DM 75I75 STS	VII	1, 2, 3, 4
Illinois	IS 62.1 STS IPRO	VI	1, 2, 3, 4
Macroseed	60MS01 STS RR1	VI	1, 2, 3, 4
Macroseed	66MS01 RR1	VI	1, 2, 3, 4
Macroseed	78MS01	VII	1, 2, 3, 4
Macroseed	MS 6.9	VI	1, 2, 3, 4
Asgrow	AW 7720 IPRO	VII	1, 2, 3, 4
Nidera	NS 6120 IPRO	VI	1, 2, 3, 4
Nidera	NS 6248 RR1	VI	1, 2, 3, 4
Nidera	NS 6721 IPRO STS	VI	1, 2, 3, 4
Nidera	NS 6859	VI	3

A excepción de NS 6859 que actuó como control de la localidad Colonia Dolores, el resto de los genotipos fueron evaluados en todas las localidades. En cuanto grupos de madurez, la mayoría de los genotipos evaluados correspondió a grupo de madurez IV, contando solo con 2 materiales de grupo V y 5 de grupo VII.

3.3. Análisis estadístico

Para este análisis se utilizaron los datos de todos los genotipos con presentes en al menos tres localidades.

3.3.1. Ajuste rendimientos por testigo

La información proveniente de las franjas testigo repetidas se utilizó para evaluar la variación dentro de las localidades y la existencia de tendencia espacial de los rendimientos según su ubicación en el experimento. Para esto último, en cada localidad se ajustaron modelos lineales de los rendimientos en función del orden de la parcela:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 X_i + e_i$$

donde: y_i representa la respuesta del testigo en la parcela i , X_i es el número de posición de la parcela en el experimento, y β_0 y β_1 coeficientes de regresión.

3.3.2. Estadísticas descriptivas

Se calcularon estadísticas de resumen y gráficos descriptivos por genotipo y localidad para la variable respuesta rendimiento seco, expresado en kg ha^{-1} con 13.5 % de humedad. El promedio de cada genotipo en la red se calculó utilizando la siguiente expresión:

$$\bar{y}_i = \frac{\sum y_{ij}}{n_i}$$

donde: $\bar{y}_i$ es el rendimiento medio del genotipo i , y_{ij} es el rendimiento del genotipo i en la localidad j y n_i es el número de localidades donde fue evaluado el genotipo i . En aquellos casos donde se contó con más de

una franja por localidad, los datos fueron promediados dentro de cada localidad. Así mismo el coeficiente de variación (CV) de cada genotipo en la red se calculó mediante la siguiente expresión:

$$CV_{y_i} = \frac{s_{y_i}}{\bar{y}_i} \times 100$$

donde: $\bar{y}_i$ es el rendimiento medio del genotipo i y s_{y_i} es el desvío estándar de los rendimientos del genotipo i a través de las localidades:

$$s_{y_i} = \sqrt{\frac{\sum (y_{ij} - \bar{y}_i)^2}{n_i - 1}}$$

Cabe mencionar que el tamaño de la muestra de ambientes es pequeño lo cual hace que los promedios y estimaciones de la variabilidad de los rendimientos a través de los ambientes sean limitadas.

3.3.3. Diferencias de rendimiento

3.3.3.1. Modelo global Para comparar y determinar las diferencias de respuesta de los materiales evaluados a nivel región se ajustó a los datos un modelo lineal mixto, i.e. con efectos fijos y aleatorios sobre el rendimiento medio global de la Red. Los genotipos fueron considerados efectos fijos, mientras que las localidades efectos aleatorios.

$$y_{ij}^* = \mu + \tau_i + l_j + e_{ij}$$

donde: y_{ij}^* representa la respuesta del genotipo i sembrado en la localidad j , corregido por efecto de la posición de la parcela en caso necesario; μ es la media general de los ensayos de la red, τ_i es efecto o diferencia del genotipo i respecto a la media general del ensayo, l_j el efecto de la localidad j , y e_{ij} el error experimental asociado al genotipo i sembrado en la localidad j . Se asume que l_j como e_{ij} son independientes y tienen distribución normal con media 0 y varianzas σ_l^2 y σ_e^2 .

Este modelo asume que los niveles de Localidad es una muestra aleatoria de las localidades de la Región Norte y permite realizar inferencia más amplia sobre la respuesta de los genotipos. Debido a que los testigos (variedades replicadas) difieren entre localidades, la interacción Variedad:Localidad no fue estimada (Piepho et al., 2012).

Las diferencias de rendimiento entre variedades se determinaron mediante la prueba de comparaciones múltiples de Tukey, considerando un nivel de significancia de 10 %.

3.3.4. Análisis interacción genotipo x ambiente

Para explorar los patrones de interacción **GA** se utilizó el procedimiento de regresión sobre la media (Finlay y Wilkinson, 1963)

La heterogeneidad ambiental explorada por los genotipos considerados en la red se caracterizó mediante los rendimientos medios de cada Localidad. Esta covariable denominada **Índice Ambiental (IA)** fue utilizada para modelar la interacción **GA** a partir del siguiente modelo:

$$y_{ij} = \mu_i + \beta_i X_j + e_{ij}$$

donde: y_{ij} es el rendimiento del genotipo i en el ambiente o localidad j , μ_i es la ordenada al origen de cada genotipo, X_j el índice ambiental de la localidad j , y β_i la pendiente o sensibilidad del genotipo i a los cambios del IA.

Según este modelo, μ_i representa el comportamiento de los genotipos en el ambiente promedio y los coeficientes β_i la sensibilidad de los Genotipos a la calidad del ambiente caracterizada por el rendimiento medio de la localidad. Entonces, si la interacción **GA** es significativa representa la heterogeneidad de respuestas, i.e. β distintos para los genotipos. El valor de β indica la sensibilidad el genotipo a los cambios de calidad del ambiente. Si $\beta_i > 1$ indica que el genotipo i tiene una respuesta mayor al promedio (a mayor calidad ambiental, mayor rendimiento), en cambio si $\beta_i < 1$, entonces el genotipo responde menos.

3.3.5. Software

Los datos fueron procesados utilizando el software estadístico R versión 4.0 (R Core Team, 2020) y los paquetes nlme (Pinheiro et al., 2018), emmeans (Lenth, 2019), y tidyverse (Wickham, 2017)

4. Resultados

4.1. Estadísticas descriptivas

En la Tabla 4 se muestran los rendimientos promedio por localidad de los genotipos utilizados como *check* o control.

Tabla 4: Rendimiento seco medio y coeficiente de variación por localidad de los genotipos utilizados como *check*

Localidad	media	CV
Col. Dolores	2595	7
Malabrigo	1748	6
Margarita	3140	8
Ramayón	3294	8

En todas las localidades la variabilidad observada en los controles repetidos fue baja indicando homogeneidad en las condiciones experimentales dentro de cada sitio. El análisis de las parcelas testigo mostró que en las localidades no se observó un gradiente de rendimientos consistente en dirección al orden de las parcelas por lo que los rendimientos no fueron ajustados. Por otro lado, el stand de plantas en las localidades evaluadas mostró baja variación, con CV en torno al 10 %.

La Figura 2 muestra los rendimientos medios por localidad y el rendimiento medio de la campaña con línea continua. Se observa menor rendimiento promedio en la localidad Ramayón y rendimientos similares en el resto de las localidades. Asimismo, a excepción de Col. Dolores, en la parcelas con *checks* mostraron rendimientos iguales o superiores al rendimiento promedio de la localidad.

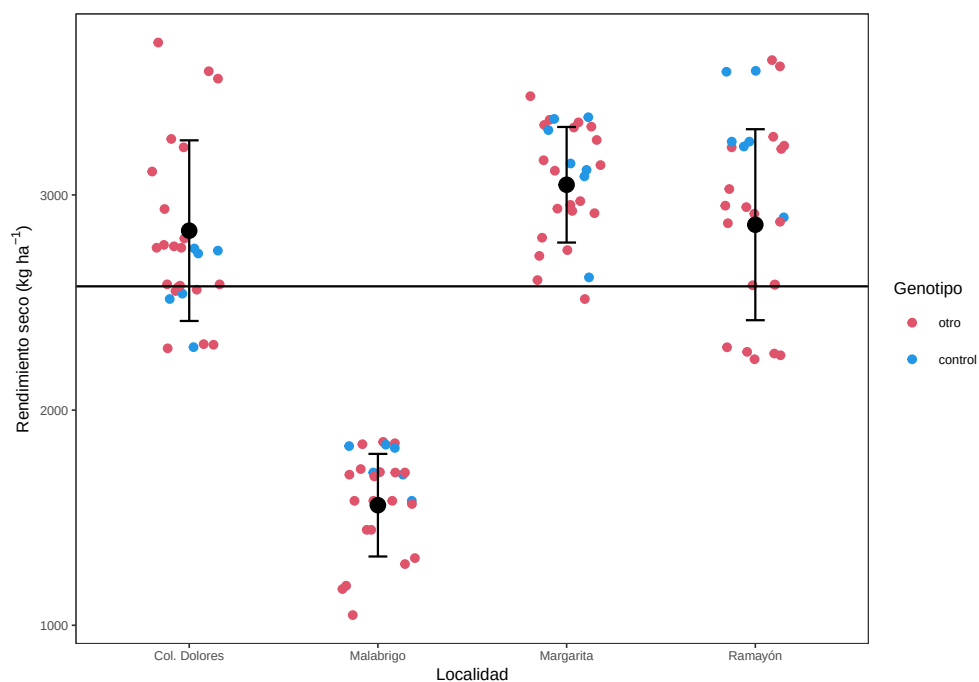


Figura 2: Rendimiento medio y desvío estándar por Localidad

En la Figura 3 se presentan los rendimientos medios y desviaciones estándar de los genotipos considerando la

variabilidad entre localidades. En general todos los genotipos presentaron rendimientos medios entre 2500 y 3000 kg ha⁻¹. La amplitud de las barras representan las diferencias de variabilidad entre los materiales.

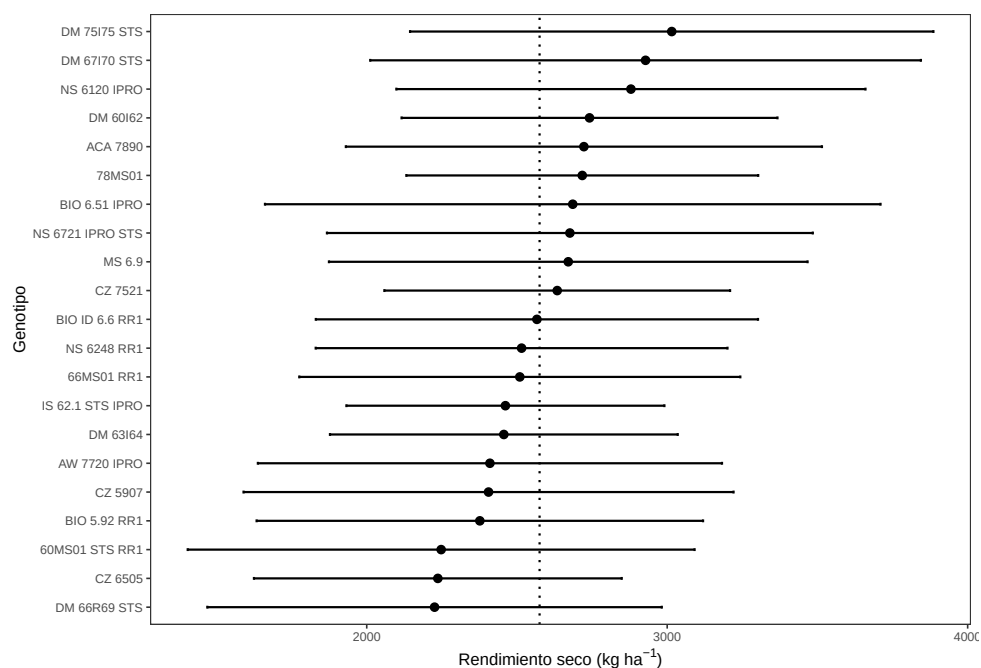


Figura 3: Rendimientos medios y desvío estándar de los genotipos

En la Tabla 5 se presentan los rendimientos y CV por Genotipo y Localidad. La variabilidad dentro de cada localidad, la cual indica la dispersión de los rendimientos entre los genotipos, fue moderada a baja entre 9 y 15.5 %. Del mismo modo, el nivel de variabilidad de los genotipos a través de los ambientes fue moderada, aproximadamente el 50 % de los genotipos tuvo CV entre 27 y 31 %, principalmente por el efecto de la localidad Malabrigo.

La Figura 4 presenta la relación entre los rendimientos medios y la estabilidad (indicada por el CV) de los genotipos a través de las localidades incluidas en la red durante la campaña 2020/21.

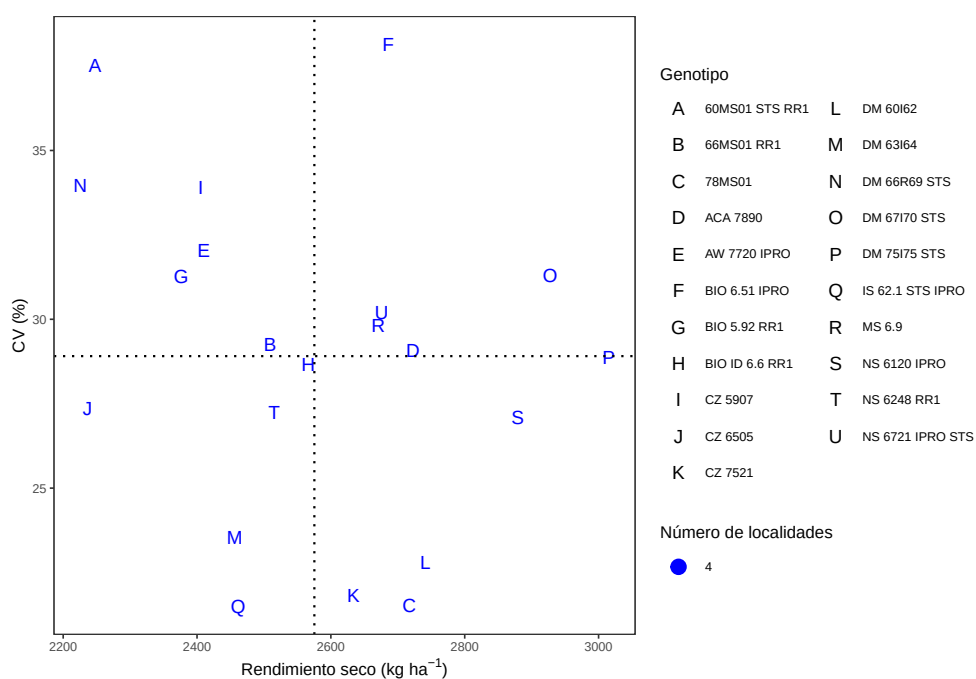


Figura 4: Rendimiento seco medio (en kg/ha) y CV (%) de los genotipos evaluados en la campaña 2020/21

Tabla 5: Rendimiento seco medio y coeficiente de variación por genotipo y localidad

	Col. Dolores	Malabrigo	Margarita	Ramayón	media	CV
DM 75I75 STS	3575	1748	3140	3598	3015	29
DM 67I70 STS	3540	1564	3313	3294	2928	31
NS 6120 IPRO	3260	1710	3325	3221	2879	27
DM 60I62	2798	1842	3113	3214	2741	23
ACA 7890	2584	1726	2954	3627	2723	29
78MS01	3109	1846	2971	2943	2717	22
BIO 6.51 IPRO	3708	1312	3139	2583	2686	38
NS 6721 IPRO STS	2560	1578	3337	3229	2676	30
MS 6.9	2578	1578	3256	3271	2671	30
CZ 7521	2572	1852	3161	2950	2634	22
BIO ID 6.6 RR1	2755	1578	3349	2583	2566	29
NS 6248 RR1	2761	1712	3317	2271	2515	27
66MS01 RR1	2307	1692	3459	2580	2509	29
IS 62.1 STS IPRO	2755	1700	2516	2875	2462	22
DM 63I64	2287	1710	2915	2913	2456	24
AW 7720 IPRO	2584	1285	2744	3028	2410	32
CZ 5907	2768	1184	2801	2869	2405	34
BIO 5.92 RR1	3221	1444	2604	2236	2376	31
60MS01 STS RR1	2935	1047	2717	2292	2248	38
CZ 6505	2304	1444	2936	2263	2237	27
DM 66R69 STS	2554	1169	2926	2255	2226	34
media	2834	1558	3047	2862	2575	29
CV	15	15	9	16	9	17

Tomando el rendimiento y CV medios de la red (líneas punteadas), se observa que los genotipos altos rendimientos promedio (DM 67I70 STS, DM 75I75 STS, NS 6120 IPRO) mostraron una variabilidad entre 27 y 31 %, consistente con el promedio de variación de los materiales evaluados. Dentro del un segundo grupo con rendimientos similar al promedio general (~ 2600 kg/ha), se observaron 3 grupos diferenciados por su nivel de variabilidad baja (CZ 7521, 78MS01, DM 60I62, DM63I64 y IS 62.1 STS IPRO), media (MS 6.9, NS 6721 IPRO STS, ACA 7890, 66MS01RR1, y BIO 5.92 RR1 y NS 6248 RR1) y alto (BIO 6.51 IPRO). Los genotipos restantes mostraron niveles de rendimiento menores y mayor variabilidad.

4.2. Diferencias entre variedades

4.2.1. Modelo global

En la Tabla 6 se presentan los resultados del análisis de la varianza (ANOVA) del modelo mixto ajustado:

Tabla 6: Tabla de Análisis de la Varianza del modelo lineal mixto

	gl num	gl den	F	valor p
(Intercept)	1	60	55.799737	0.0000000
Genotipo	20	60	3.178287	0.0002801

Se detectaron diferencias de rendimiento estadísticamente significativas considerando la red en su conjunto y considerando la heterogeneidad de variabilidad entre localidades ($p < 0.0001$). En Tabla 7 se listan los valores medios ajustados, errores estándar e intervalos de confianza de los rendimientos medios de cada genotipo. La amplitud de los IC_{90} responde a que el espacio de inferencia es toda la región de donde proviene la muestra de las 4 localidades analizadas y la precisión alcanzada según el número de réplicas.

Tabla 7: Rendimientos intervalos de confianza 90 % ajustados por el modelo-mixto

Genotipo	Rend. medio	Error estándar	gl	LI IC90	LS IC90	grupo
DM 75I75 STS	2831	362	3	1677	3984	1
NS 6120 IPRO	2794	362	3	1641	3948	12
DM 60I62	2790	362	3	1636	3943	12
CZ 7521	2766	362	3	1613	3920	12
78MS01	2751	362	3	1598	3904	12
DM 67I70 STS	2731	362	3	1577	3884	12
ACA 7890	2711	362	3	1557	3864	12
66MS01 RR1	2688	362	3	1535	3842	123
NS 6721 IPRO STS	2674	362	3	1521	3828	123
NS 6248 RR1	2665	362	3	1511	3818	123
MS 6.9	2660	362	3	1506	3813	123
BIO ID 6.6 RR1	2625	362	3	1471	3778	123
DM 63I64	2600	362	3	1447	3754	123
IS 62.1 STS IPRO	2524	362	3	1371	3678	123
BIO 6.51 IPRO	2479	362	3	1326	3633	123
CZ 6505	2383	362	3	1229	3536	123
BIO 5.92 RR1	2360	362	3	1207	3514	123
AW 7720 IPRO	2338	362	3	1185	3492	123
CZ 5907	2289	362	3	1135	3442	123
DM 66R69 STS	2233	362	3	1080	3387	23
60MS01 STS RR1	2140	362	3	987	3293	3

En el cuadro anterior representa el ranking de genotipos ordeandos por el rendimiento global para la zona de influencia de la Red. El rendimiento medio representa la mejor estimación del rendimiento de cada genotipo para la región en general a partir de la información obtenida en el presente ensayo. Este valor estimado se acompaña de los límites de un intervalo de confianza (LI IC90 y LS IC90) los cuales representan la región donde se encuentra el verdadero valor del rendimiento.

Considerando la red globalmente, el ranking de materiales muestra diferencias principalmente entre DM 75I75 STS y AW 7720 IPRO, CZ 5907, DM 66R69 STS y 60MS01STSR1. También se diferencian DM 60I62 y DM 67I70 STS de los últimos tres anteriormente mencionados.

4.3. Interacción GA

Las diferencias de los rendimientos medios de cada localidad resumen la heterogeneidad de condiciones ambientales a las cuales fueron sometidos los genotipos evaluados. Utilizando esta información se construye un índice ambiental (*IA*) que se utiliza para modelar la interacción genotipo x ambiente a partir de rendimientos de cada genotipo y ambiente. En la siguiente tabla se presenta la tabla de ANOVA del modelo.

Tabla 8: Tabla de ANOVA del modelo de regresión para la interacción GxA

	gl	SC	CM	F	Valor p
Genotipo	21	561065966	26717426.9	216.4959	0
Genotipo:IA	21	30439590	1449504.3	11.7456	0
Residuals	42	5183155	123408.5		

Según este análisis, no se detecta interacción significativa entre los materiales evaluados y el índice ambiental ($p = 0.99$). Esto implica que los datos no fueron suficientes para detectar heterogeneidad entre los materiales en la relación a la *sensibilidad*, es decir la relación entre el *IA* y los rendimientos. En la Figura 5 se presentan las gráficas correspondientes a las normas de reacción a los cambios del *IA* en relación a la respuesta promedio (recta 1:1).

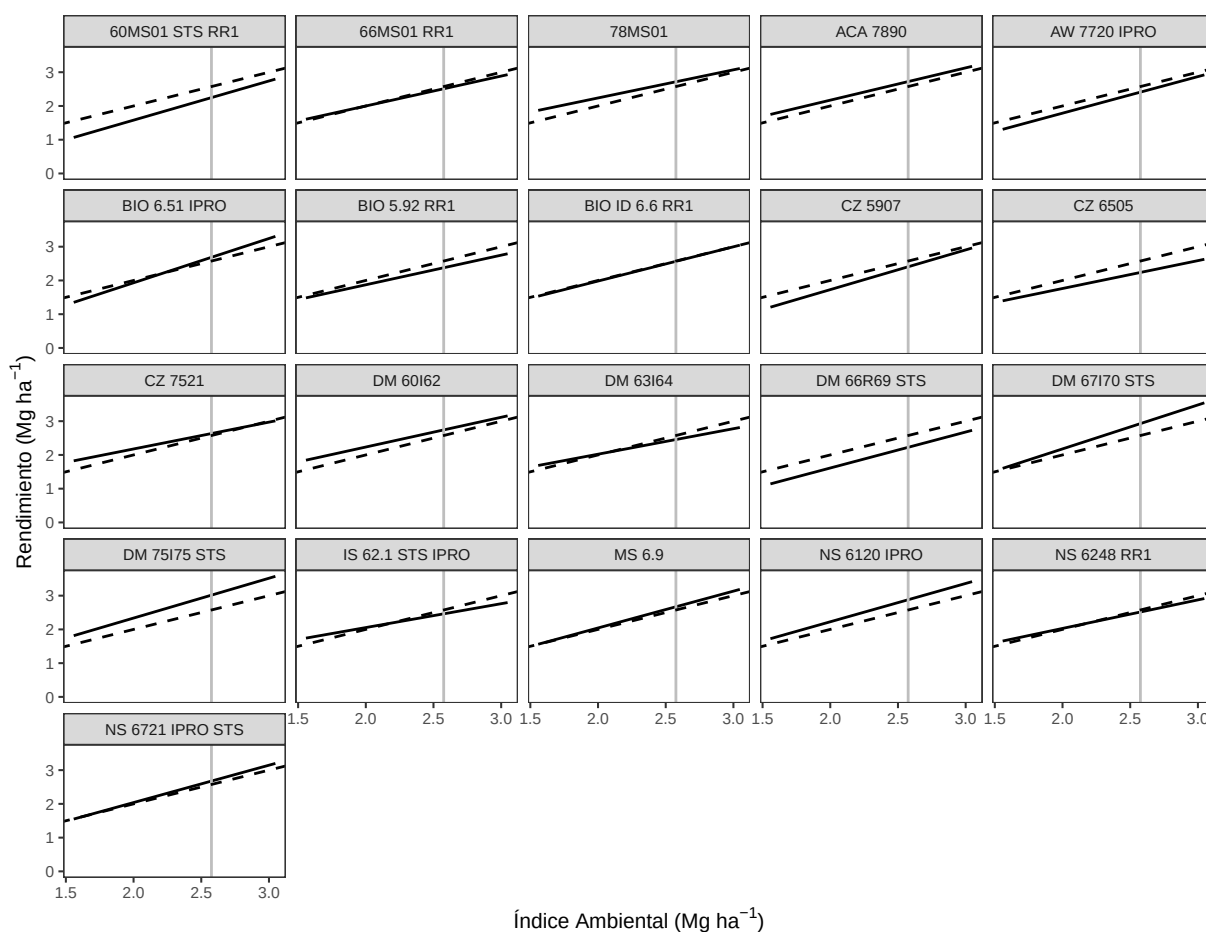


Figura 5: Respuesta diferencial de cada Genotipo a los cambios del IA

Las pendientes (β) de las rectas (línea sólida) representan la sensibilidad de los genotipos a la calidad del ambiente caracterizada por el rendimiento medio de la localidad. La sensibilidad promedio (línea punteada) representa la respuesta general de todos los genotipos. Para un genotipo cualquiera, si el valor de la pendiente es $\beta_i > 1$, el genotipo en cuestión tiene mayor sensibilidad a los cambios de calidad del ambiente (a mayor calidad ambiental, mayor rendimiento, y vice versa). En cambio si $\beta_i < 1$, entonces el genotipo es menos sensible y tendría mejores respuestas en ambientes malos y respuestas inferiores al promedio en ambientes buenos. Las diferencias entre las pendientes de los distintos genotipos representa la interacción **GA**.

La norma de reacción de todos los genotipos fue muy similar a la evolución de IA con algunas diferencias en los ambientes más productivos para algunos genotipos, como por ejemplo DM 67I70 STS y BIO 6.51 IPRO que mostraron 30 % mayores al promedio general. En el otro extremo, los materiales con menor sensibilidad (pendientes 25 % menores a 1) fueron IS 62.1 STS IPRO y DM 63I64.

5. Consideraciones finales

En general se observó una moderada variabilidad de los rendimientos de cada variedad a través de las distintas localidades evaluadas y baja heterogeneidad de respuesta dentro de cada localidad. A nivel global las diferencias se observaron entre DM 75I75 STS DM 60I62 y DM 67I70 STS, con rendimiento de ~ 2700 kg respecto a AW 7720 IPRO, CZ 5907, DM 66R69 STS y 60MS01STSR1, cuyo rendimiento estimado fue entre 400 - 600 kg menos.

El estudio de la interacción **GA** mediante el método de regresión confirmó la homogeneidad de las respuestas de las variedades donde los patrones de reacción fueron similares al patrón promedio. No obstante, algunos genotipos mostraron una tendencia mayor sensibilidad a variaciones del índice ambiental.

6. Agradecimientos

- A las empresas semilleras: Nidera, Bioceres, Credenz, Asociados Don Mario S.A., Illinois, A.C.A, Asgrow y MacroSeed, por haber confiado un año más en nuestra zona y en la utilidad de los Ensayos Comparativos de Rendimiento.
- A las Empresas CREA de la Región Norte de Santa Fe que año tras año realizan el esfuerzo de siembra conducción y cosecha de estas macro parcelas en sus establecimientos, dedicando personal tiempo y recursos para tal fin.
- Al productor Extra CREA e Ing. Agrónomo, Diego Faccioli, por haber colaborado con realizar un sitio de Ensayo a los fines de generar información. Agradecemos intensamente el aporte del tiempo para realizar la conducción y cosecha, como así también el costo que estas acciones hubieren requerido.

7. Bibliografía

Finlay, K. W., and Wilkinson, G.N. (1963). The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. Aust. J. Agric. Res. 14, 742–754.

Gauch, H. G. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE. Crop Science 2006, 46, 1488, doi: 10.2135/cropsci2005.07-0193.

Kempton, R.A. (Ed) (1997). Statistical methods for plant variety evaluation. Plant breeding series. Chapman & Hall, London. pp. 191.

Malosetti, Marcos, Jean-Marcel Ribaut, and Fred A. van Eeuwijk. 2013. "The Statistical Analysis of Multi-Environment Data: Modeling Genotype-by-Environment Interaction and Its Genetic Basis." Frontiers in Physiology 4 (March). doi:10.3389/fphys.2013.00044.

Piepho, H.P., C. Richter, J. Spilke, K. Hartung, A. Kunick, and H. Thöle. 2011. Statistical aspects of on-farm experimentation. Crop and Pasture Science 62(9): 721.

Pinheiro J, Bates D, DebRoy S, Sarkar D, R Core Team (2018). *nlme: Linear and Nonlinear Mixed Effects Models*. R package version 3.1-137, URL: <https://CRAN.R-project.org/package=nlme>.

R Core Team (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

Russell Lenth (2019). emmeans: Estimated Marginal Means, aka Least-Squares Means. R package version 1.3.3. <https://CRAN.R-project.org/package=emmeans>

Wickham, H. (2017). tidyverse: Easily Install and Load the 'Tidyverse'. R package version 1.2.1. <https://CRAN.R-project.org/package=tidyverse>

Yan, W.; Kang, M. S. (2002). GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. 1st edition. CRC Press. pp. 288.

8. Anexo

Rendimiento seco medio (sin ajustar) y coeficiente de variación por genotipo y localidad

	Col. Dolores	Malabrigo	Margarita	Ramayón	media	CV
DM 75I75 STS	3575	1748	3140	3598	3015	29
DM 67I70 STS	3540	1564	3313	3294	2928	31
NS 6120 IPRO	3260	1710	3325	3221	2879	27
DM 60I62	2798	1842	3113	3214	2741	23
ACA 7890	2584	1726	2954	3627	2723	29
78MS01	3109	1846	2971	2943	2717	22
BIO 6.51 IPRO	3708	1312	3139	2583	2686	38
NS 6721 IPRO STS	2560	1578	3337	3229	2676	30
MS 6.9	2578	1578	3256	3271	2671	30
CZ 7521	2572	1852	3161	2950	2634	22
NS 6859	2595				2595	
BIO ID 6.6 RR1	2755	1578	3349	2583	2566	29
NS 6248 RR1	2761	1712	3317	2271	2515	27
66MS01 RR1	2307	1692	3459	2580	2509	29
IS 62.1 STS IPRO	2755	1700	2516	2875	2462	22
DM 63I64	2287	1710	2915	2913	2456	24
AW 7720 IPRO	2584	1285	2744	3028	2410	32
CZ 5907	2768	1184	2801	2869	2405	34
BIO 5.92 RR1	3221	1444	2604	2236	2376	31
60MS01 STS RR1	2935	1047	2717	2292	2248	38
CZ 6505	2304	1444	2936	2263	2237	27
DM 66R69 STS	2554	1169	2926	2255	2226	34
media	2823	1558	3047	2862	2576	29
CV	15	15	9	16	8	17

Rendimientos ajustados modelo global

Tabla 9: Rendimientos intervalos de confianza 90 % ajustados por el modelo-mixto

Genotipo	Rend. medio	Error estándar	gl	LI IC90	LS IC90	grupo
DM 75175 STS	2831	362	3	1677	3984	1
NS 6120 IPRO	2794	362	3	1641	3948	12
DM 60162	2790	362	3	1636	3943	12
CZ 7521	2766	362	3	1613	3920	12
78MS01	2751	362	3	1598	3904	12
DM 67170 STS	2731	362	3	1577	3884	12
ACA 7890	2711	362	3	1557	3864	12
66MS01 RR1	2688	362	3	1535	3842	123
NS 6721 IPRO STS	2674	362	3	1521	3828	123
NS 6248 RR1	2665	362	3	1511	3818	123
MS 6.9	2660	362	3	1506	3813	123
BIO ID 6.6 RR1	2625	362	3	1471	3778	123
DM 63164	2600	362	3	1447	3754	123
IS 62.1 STS IPRO	2524	362	3	1371	3678	123
BIO 6.51 IPRO	2479	362	3	1326	3633	123
CZ 6505	2383	362	3	1229	3536	123
BIO 5.92 RR1	2360	362	3	1207	3514	123
AW 7720 IPRO	2338	362	3	1185	3492	123
CZ 5907	2289	362	3	1135	3442	123
DM 66R69 STS	2233	362	3	1080	3387	23
60MS01 STS RR1	2140	362	3	987	3293	3