

Informe de Resultados Red Multiambiental de Evaluación de Híbridos de Maíz de Primera

Comisión de Agricultura CREA - Región Norte de Santa Fe

Campaña 2020/21



Índice

1. Introducción	2
1.1. Objetivos	2
2. Metodología	2
2.1. Sitios experimentales	2
2.2. Genotipos	4
2.3. Análisis estadístico	4
2.3.1. Ajuste rendimientos por testigo	4
2.3.2. Estadísticas descriptivas	5
2.3.3. Diferencias de rendimiento	5
2.3.4. Análisis interacción genotipo x ambiente	5
2.3.5. Software	6
3. Resultados	6
3.1. Estadísticas descriptivas	6
3.2. Diferencias entre genotipos	9
3.2.1. Modelo global	9
3.3. Interacción GA	10
4. Consideraciones finales	11
5. Agradecimientos	11
6. Bibliografía	11
7. Anexo	13
Rendimiento seco medio (sin ajustar) y coeficiente de variación por genotipo y localidad	13
Rendimientos ajustados modelo global	14
Humedad de cosecha	15

1. Introducción

El cultivo de maíz (*Zea mays*) es uno de los más importantes en los sistemas productivos de la región. La alta producción de biomasa de este cultivo genera un importante aporte de C al suelo. Además, su inclusión en la rotación disminuye la incidencia de enfermedades y plagas en otros cultivos.

El rendimiento de un cultivo (fenotipo) es función del resultado acumulativo de numerosos factores que inciden en la interacción entre la expresión del material genético del híbrido o híbrido (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 maíz es el resultado de la elección de los materiales más aptos para cada ambiente.

1.1. Objetivos

- Resumir los datos de rendimiento de los genotipos de maíz de primera 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**.

2. Metodología

2.1. Sitios experimentales

Durante la campaña 2020/21 se llevaron adelante ensayos comparativos de rendimiento de genotipos de maíz de primera en 5 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 Santa Fe Norte (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	Soledad	Extra CREA	Larrauri, Maria Inmaculada
2	Ramayon	Ramayon	Bocco Hector
3	La Criolla	Ramayon	Ruben e Isidro Ferrero S.H
4	Calchaqui	Cuña Boscosa	Maria Celia S.A
5	La María	Margarita	Chacras del Norte S.A

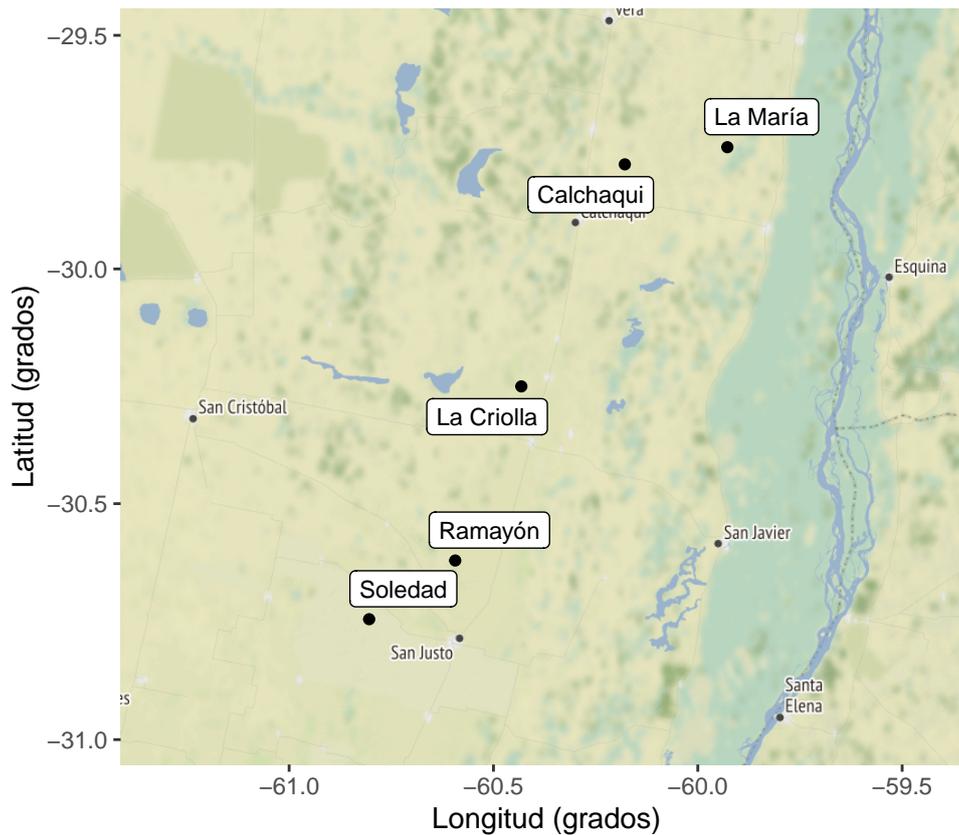


Figura 1: Distribución espacial de las localidades incluidas en la campaña 2020/21

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 espaciamiento entre surco (EES) de 52 cm en franjas de entre 2.08 y 4.16 m de ancho por 180 m de longitud. Las fechas de siembra, densidad, fertilización y fecha de cosecha de cada ensayo se detallan en la Tabla 2. Exceptuando la localidad de Ramayón, en el resto de los sitios se realizó una refertilización a mediados fines de octubre (Tabla 3)

Tabla 2: Características generales de los ensayos por localidad

ID	Localidad	Siembra	Densidad	EES	Fertilizante (kg)	Cosecha
1	Soledad	09/09/2020	3.6	0.52	11-52-0 (90)	15/03/2021
2	Ramayon	09/09/2020	3.6	0.52	18-46-0 (100)	17/02/2021
3	La Criolla	09/09/2020	3.6	0.52	7-40-0-5 (130)	10/03/2021
4	Calchaqui	16/09/2020	2.9	0.52	21-17-3-1 %MgO-5 %S-0,1 %Zn (80)	26/02/2021
5	La María	17/09/2020	3.4	0.52	18-46-0 (80) + 46-0-0 (100)	12/03/2021

Tabla 3: Fechas y cantidades de fertilizante aplicados en la refertilización

ID	Localidad	Fecha Refertilización	Fert. (kg)
1	Soledad	09/10/2021	32-0-0 (130)
3	La Criolla	15/10/2020	26-0-0-7,8 (195)
4	Calchaqui	30/10/2020	32-0-0 (132)
5	La María	15/10/2020	28-0-0-5,2 S (145.2)

2.2. Genotipos

Los tratamientos evaluados fueron 30 genotipos los cuales se presentan en la Tabla 4 junto al número de localidades en las que fueron evaluados.

Tabla 4: Genotipos evaluados y localidades en las que fueron incluidos

Semillero	Genotipo	Localidades
A.C.A.	ACA 473 VT3PRO	1, 2, 3, 4, 5
A.C.A.	ACA 484 VT3PRO	1, 2, 3, 4, 5
A.C.A.	ACA M6 VT3PRO	1, 2, 3, 4, 5
Advanta	ADV 8122 VT3PRO	1, 2, 3, 4, 5
Argenetics	ARG 7712 BTRR	1, 2, 3, 4, 5
Argenetics	ARG 7715 BTRRCL	1, 2, 3, 4, 5
Don Mario	DM 2772 VT3PRO	1, 2, 3, 4, 5
Druetto Semillas	7712 RRBT	1, 2, 3, 4
Druetto Semillas	EXP 777 RRBT	1, 2, 3, 4
La Tijereta	LT 718 VT3PRO	1, 2, 3
La Tijereta	LT 721 VT3PRO	1, 2, 3, 4, 5
La Tijereta	LT 723 VT3PRO	1, 2, 3, 4, 5
La Tijereta	LT 795 VT3PRO	4, 5
Macro Seed	MS 7123 PW	1, 2, 3, 4, 5
Macro Seed	NXM 1122 PWU	1, 3, 4
Monsanto	DK 69-10 VT3PRO	3
Monsanto	DK 72-10 VT3PRO	1, 2, 3, 4, 5
Monsanto	DK 72-20 VT3PRO	1, 2, 3
Monsanto	DK 77-10 VT3PRO	4, 5
Nidera	AX 7761 VT3PRO	1, 2, 3, 4, 5
Nidera	AX 7784 VT3PRO	1, 2, 3, 4, 5
Nidera	NS 7818 VIPT3	1, 2, 3, 4, 5
Pioneer	P2021 PWU	1, 2, 3, 4, 5
Pioneer	P2089 VYHR	1, 2, 3, 4, 5
Pioneer	P2167 VYHR	1, 2, 3, 4, 5
Syngenta	SYN 890 VIP3	4, 5
Syngenta	SYN 897 VIP3	1, 2, 3, 4, 5
Tobin	TOB 767 VIP3	1, 2, 3, 4, 5

De los 28 genotipos evaluados, 19 estuvieron replicados en todas las localidades. Los genotipos 7712 RRBT y EXP 777 RRBT estuvieron presentes en 4 de las 5 localidades. Por su parte, los genotipos LT 718 VT3PRO, NXM 1122 PWU y DK 77-20 VT3PRO estuvieron presentes en 3 de 5 localidades, mientras que LT 795 VT3PRO, DK 77-10 VT3PRO, y SYN 890 VIP3 se evaluaron en sólo 2 localidades y DK 69-10 VT3PRO estuvo presente en La Criolla.

2.3. Análisis estadístico

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

2.3.1. Ajuste rendimientos por testigo

La información proveniente de las franjas testigo repetidas se utilizó para explorar la existencia de tendencia espacial de los rendimientos según su ubicación en el experimento. Para ello, 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.

2.3.2. Estadísticas descriptivas

Se calcularon estadísticas de resumen y gráficos descriptivos por híbrido y localidad para la variable respuesta rendimiento seco, expresado en kg ha^{-1} con 14.5 % de humedad. El promedio de cada híbrido 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 híbrido i , y_{ij} es el rendimiento del híbrido i en la localidad j y n_i es el número de localidades donde fue evaluada el híbrido i . En aquellos casos donde se contó con más de una franja por localidad, los datos fueron promediados dentro de cada localidad. Asimismo el coeficiente de variación (CV) de cada híbrido 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 el híbrido i y s_{y_i} es el desvío estándar de los rendimientos el híbrido i a través de las localidades:

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

2.3.3. Diferencias de rendimiento

2.3.3.1. 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 y su interacción con el híbrido contorl, efectos aleatorios:

$$y_{ijk} = \mu + \tau_i + l_j + d_{j(i)} + e_{ijk}$$

donde: y_{ijk} representa la respuesta relativa del híbrido i sembrado en la localidad j en la franja k ; μ es la media general de los ensayos de la red, τ_i es efecto o diferencia del híbrido i respecto a la media general del ensayo, l_j el efecto de la localidad j , $d_{j(i)}$ el efecto de variabilidad del híbrido i sembrado en la localidad j y e_{ijk} el error experimental asociado a la franja k del híbrido i sembrado en la localidad j . Se asume que tanto l_j , $d_{j(i)}$ como e_{ijk} son independientes y tienen distribución normal con media 0 y varianzas σ_l^2 , σ_d^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. La interacción Genotipo:Localidad representaría la heterogeneidad de los genotipos dentro de cada Localidad y siendo el error experimental estimado a partir de la información de los genotipos replicados (Piepho et al., 2012). La interacción híbrido:localidad fue estimada utilizando la información de DK 72-10 VT3PRO que fue el único material repetido dentro de todas las localidades.

Las diferencias de rendimiento entre genotipos se determinaron mediante la prueba de comparaciones múltiples de Tukey, considerando un nivel de significancia de 10 y 20 %.

2.3.4. 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 híbrido i en el ambiente o localidad j , μ_i es la ordenada al origen de cada híbrido, X_j el índice ambiental de la localidad j , y β_i la pendiente o sensibilidad del híbrido 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 híbrido a los cambios de calidad del ambiente. Si $\beta_i > 1$ indica que el híbrido i tiene una respuesta mayor al promedio (a mayor calidad ambiental, mayor rendimiento), en cambio si $\beta_i < 1$, entonces el híbrido responde menos.

2.3.5. Software

Los datos fueron procesados utilizando el software estadístico R versión 4.0 (R Core Team, 2021) y los paquetes `nlme` (Pinheiro et al., 2018), `emmeans` (Lenth, 2019), `GGEBiplots` (Dumble S., 2017) y `tidyverse` (Wickham, 2017)

3. Resultados

3.1. Estadísticas descriptivas

En la Tabla 5 se muestran los rendimientos promedio por localidad de los genotipos utilizados como *check* o control. La menor variación se observó en Ramayon, seguida por Calchaquí y La María. No obstante, en todas las localidades, la variabilidad observada en los controles repetidos fue baja.

Tabla 5: Rendimiento seco medio y coeficiente de variación por localidad de los genotipos utilizados como *check*

Localidad	media	CV
Calchaquí	5301	6
La Criolla	6487	12
La María	6715	7
Ramayon	6978	4
Soledad	7673	10

El análisis de las parcelas testigo mostró que en la localidades La Criolla y Ramayón un gradiente de rendimientos en dirección al orden de las parcelas explicó el 55 y 48 % de la variación de los controles por lo que los rendimientos se ajustaron descontando dicho efecto.

La Figura 2 muestra los rendimientos medios por localidad y el rendimiento medio de la campaña con línea continua. Se observa el mayor potencial de rendimiento de Soledad y Ramayón mientras que los rendimientos obtenidos en Calchaquí estuvieron por debajo del promedio.

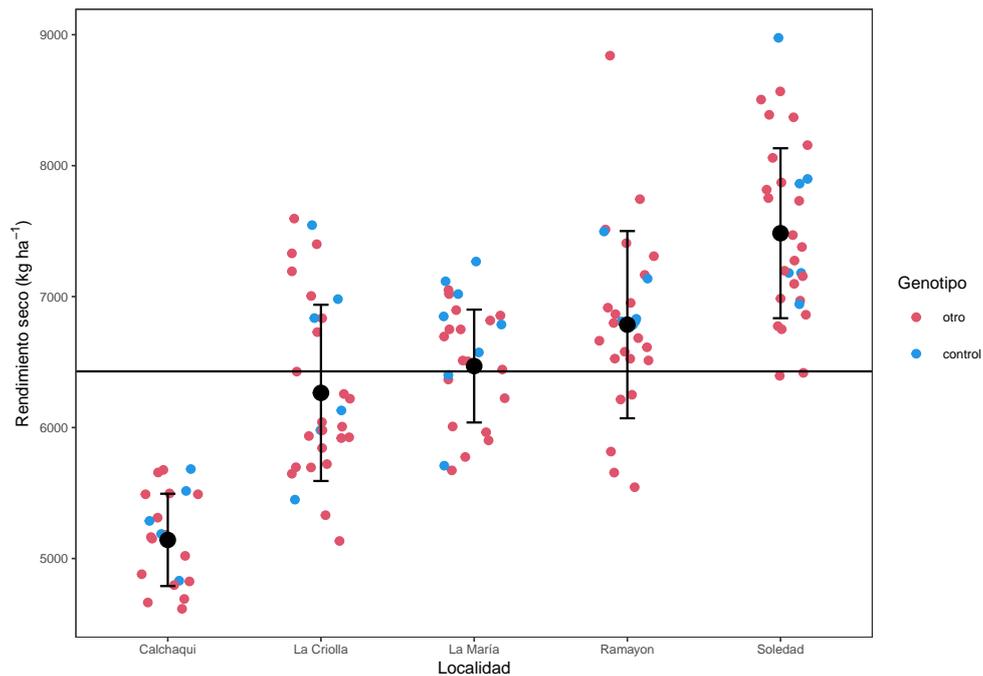


Figura 2: Rendimiento seco medio y desvío estándar por Localidad

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 5500 y 7500 kg ha⁻¹. La amplitud de las barras representan las diferencias de variabilidad entre los materiales.

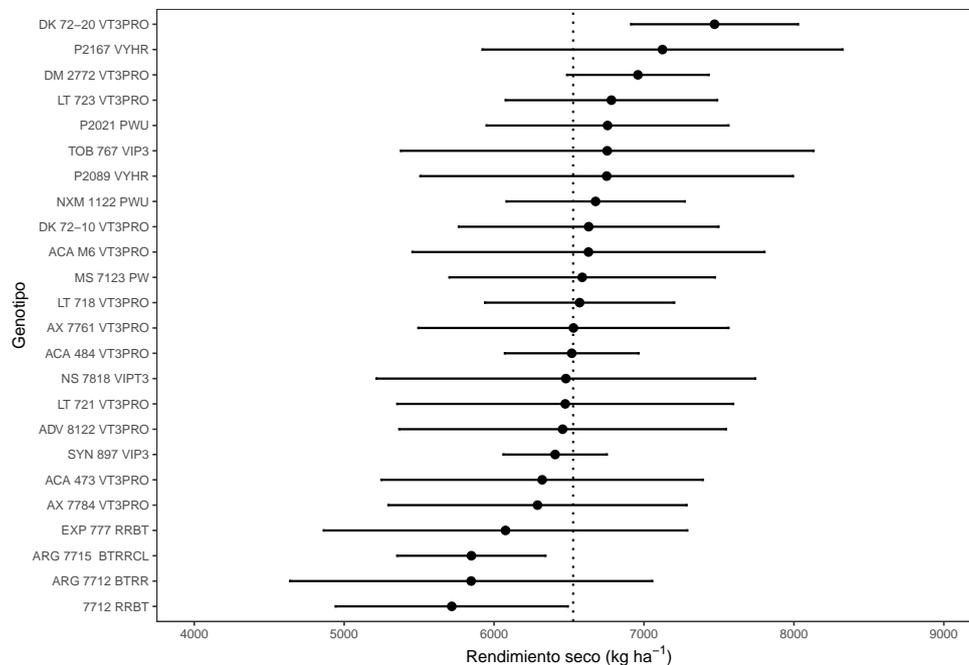


Figura 3: Rendimientos medios y desviación estándar de los genotipos

En la Tabla 6 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 baja entre 7 y 11 %. 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 9 y 17 %.

Tabla 6: Rendimiento seco medio (ajustado) y coeficiente de variación por genotipo y localidad

	Calchaqui	La Criolla	La María	Ramayon	Soledad	media	CV
DK 72-20 VT3PRO		7400		6952	8060	7471	8
P2167 VYHR		6041	6750	8840	6861	7123	17
DM 2772 VT3PRO		6835	6367	7166	7470	6959	7
LT 723 VT3PRO	5657	7596	7020	6866	6774	6783	10
P2021 PWU	5677	7330	6512	6513	7752	6757	12
TOB 767 VIP3	4616	7193	7050	6526	8388	6755	20
P2089 VYHR	5312	6729	5902	7308	8505	6751	18
NXM 1122 PWU		6257			7098	6677	9
DK 72-10 VT3PRO	5301	6487	6715	6978	7673	6631	13
ACA M6 VT3PRO	4691	7005	6897	6683	7871	6630	18
MS 7123 PW	5491	5844	6818	7512	7275	6588	13
LT 718 VT3PRO		5935		6579	7197	6571	10
AX 7761 VT3PRO	5497	6427	6750	5816	8157	6529	16
ACA 484 VT3PRO		5919	6505	6663	6985	6518	7
NS 7818 VIPT3	5164	6007	6443	6214	8567	6479	20
LT 721 VT3PRO	5491	5979	6008	6526	8369	6475	17
ADV 8122 VT3PRO	5152	6220	5775	7408	7731	6457	17
SYN 897 VIP3		5926	6695	6613	6395	6407	5
ACA 473 VT3PRO	5020	5647	6224	7744	6969	6321	17
AX 7784 VT3PRO	4825	5697	6856	6915	7156	6290	16
EXP 777 RRBT	4797	5331		6799	7379	6076	20
ARG 7715 BTRRCL	5181	5721	5673	6250	6418	5849	8
ARG 7712 BTRR	4664	5134	5964	5656	7816	5847	21
7712 RRBT	4880	5695		5545	6751	5718	14
media	5142	6265	6470	6786	7484	6528	14
CV	7	11	7	10	9	6	35

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.

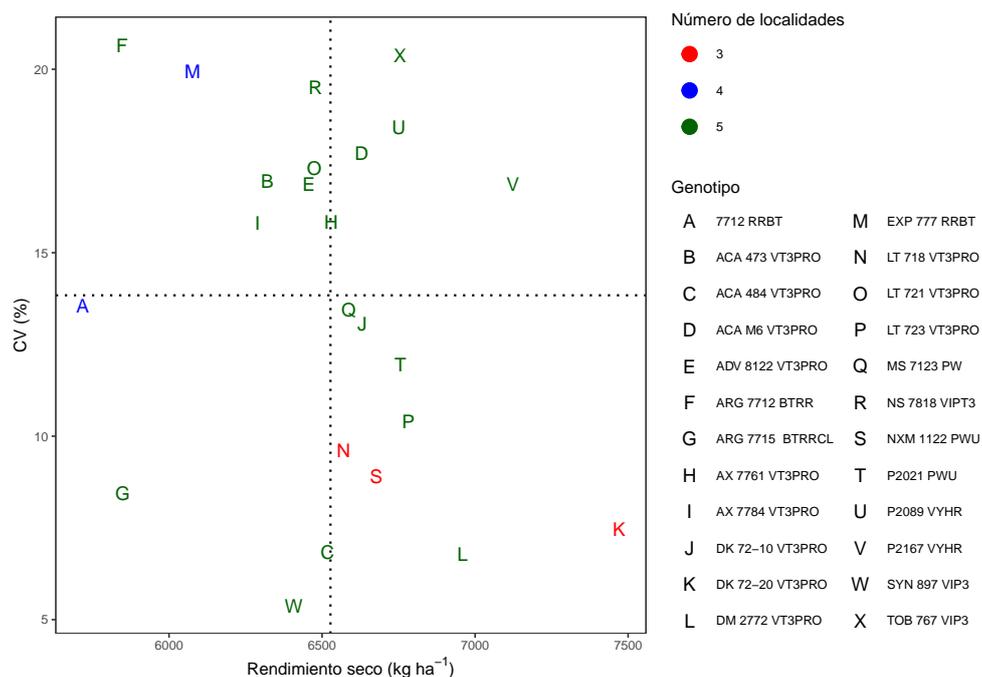


Figura 4: Rendimiento seco medio (en kg/ha) y CV (%) de los genotipos evaluados en la campaña 2020/21

Tomando el rendimiento y CV medios de la red (líneas punteadas), se observa que los genotipos se diferenciaron por nivel de variabilidad con un grupo con CV entre 15 - 20 % y otro menos variable. Los genotipos DK 72-10 VT3PRO y DM 2772 VT3PRO presentaron rendimientos promedio altos con bajo nivel de variabilidad, aunque el primero fue testeado en 3 localidades solamente. Similar nivel de rendimiento mostró P2167 VYHR pero con el doble de variabilidad entre las 5 localidades. Los genotipos ARG 7712 BTRR y EXP 77 RRBT se ubicaron en el otro extremo con menores rendimientos y mayores niveles de variación.

3.2. Diferencias entre genotipos

3.2.1. Modelo global

En la Tabla 7 se presentan los resultados del análisis de la varianza (ANOVA) del modelo mixto ajustado:

Tabla 7: Tabla de Análisis de la Varianza del modelo lineal mixto

	gl num	gl den	F	valor p
(Intercept)	1	105	284.321146	0.000000
Genotipo	23	105	1.720453	0.0342179

Se detectaron diferencias de rendimiento estadísticamente significativas considerando la red en su conjunto ($p = 0.0342$), sin interacción significativa entre localidades ($p = 0.997$). En Tabla 8 se listan los valores medios ajustados, errores estándar e intervalos de confianza de los rendimientos medios de cada híbrido. La amplitud de los IC_{90} responde a que el espacio de inferencia es toda la región de donde proviene la muestra de las 5 localidades analizadas y la precisión alcanzada según el número de réplicas.

Tabla 8: Rendimientos intervalos de confianza 90 % ajustados por el modelo-mixto

	Genotipo	Rend. medio	Error estándar	gl	LI IC90	LI IC90	grupo
6	DK 72-20 VT3PRO	7084	523	4	5632	8537	12
1	LT 723 VT3PRO	6881	437	4	5669	8094	1
7	P2167 VYHR	6815	472	4	5505	8126	12
13	P2021 PWU	6789	437	4	5577	8002	12
14	MS 7123 PW	6652	437	4	5440	7865	12
23	DK 72-10 VT3PRO	6626	388	4	5548	7704	1
3	DM 2772 VT3PRO	6607	472	4	5297	7918	12
19	AX 7761 VT3PRO	6599	437	4	5386	7811	12
9	P2089 VYHR	6593	437	4	5381	7806	12
2	TOB 767 VIP3	6535	437	4	5323	7748	12
5	LT 721 VT3PRO	6472	437	4	5260	7685	12
18	ACA M6 VT3PRO	6471	437	4	5258	7683	12
4	NS 7818 VIPT3	6427	437	4	5214	7639	12
15	ADV 8122 VT3PRO	6362	437	4	5150	7575	12
24	ACA 473 VT3PRO	6297	437	4	5085	7509	12
21	AX 7784 VT3PRO	6287	437	4	5074	7499	12
8	NXM 1122 PWU	6265	586	4	4638	7891	12
12	ACA 484 VT3PRO	6258	472	4	4947	7568	12
10	SYN 897 VIP3	6222	472	4	4912	7532	12
17	LT 718 VT3PRO	6158	523	4	4705	7610	12
20	EXP 777 RRBT	6054	453	4	4795	7313	12
22	ARG 7715 BTRRCL	6001	437	4	4789	7214	12
16	7712 RRBT	5876	453	4	4617	7135	12
11	ARG 7712 BTRR	5846	437	4	4634	7059	2

Si bien el modelo global detectó diferencias al 5 % de significancia, la corrección por múltiples contrastes solo permitió separar rendimientos al 20 % de significancia. Como se observa en la tabla anterior, los intervalos de confianza 90 % son amplios y las diferencias se observaron entre el material ARG 7712 BTRR con el menor rendimiento (5846 kg ha⁻¹), comparado con DK 72-10 VT3PRO y LT 723 VT3PRO con 6800 y 6600 kg ha⁻¹.

3.3. 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 (Figura 3.1). 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 9: Tabla de ANOVA del modelo de regresión para la interacción GxA

	gl	SC	CM	F	Valor p
Localidad	4	57811171	14452792.7	40.8547	0.0000
Genotipo	23	11721786	509642.9	1.4406	0.1338
Genotipo:IA_aj	23	5140472	223498.8	0.6318	0.8866
Residuals	56	19810597	353760.7		

Según este análisis, no se detecta interacción significativa entre los materiales evaluados y el índice ambiental ($p = 0.8866$), y tampoco diferencias entre rendimientos. 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).

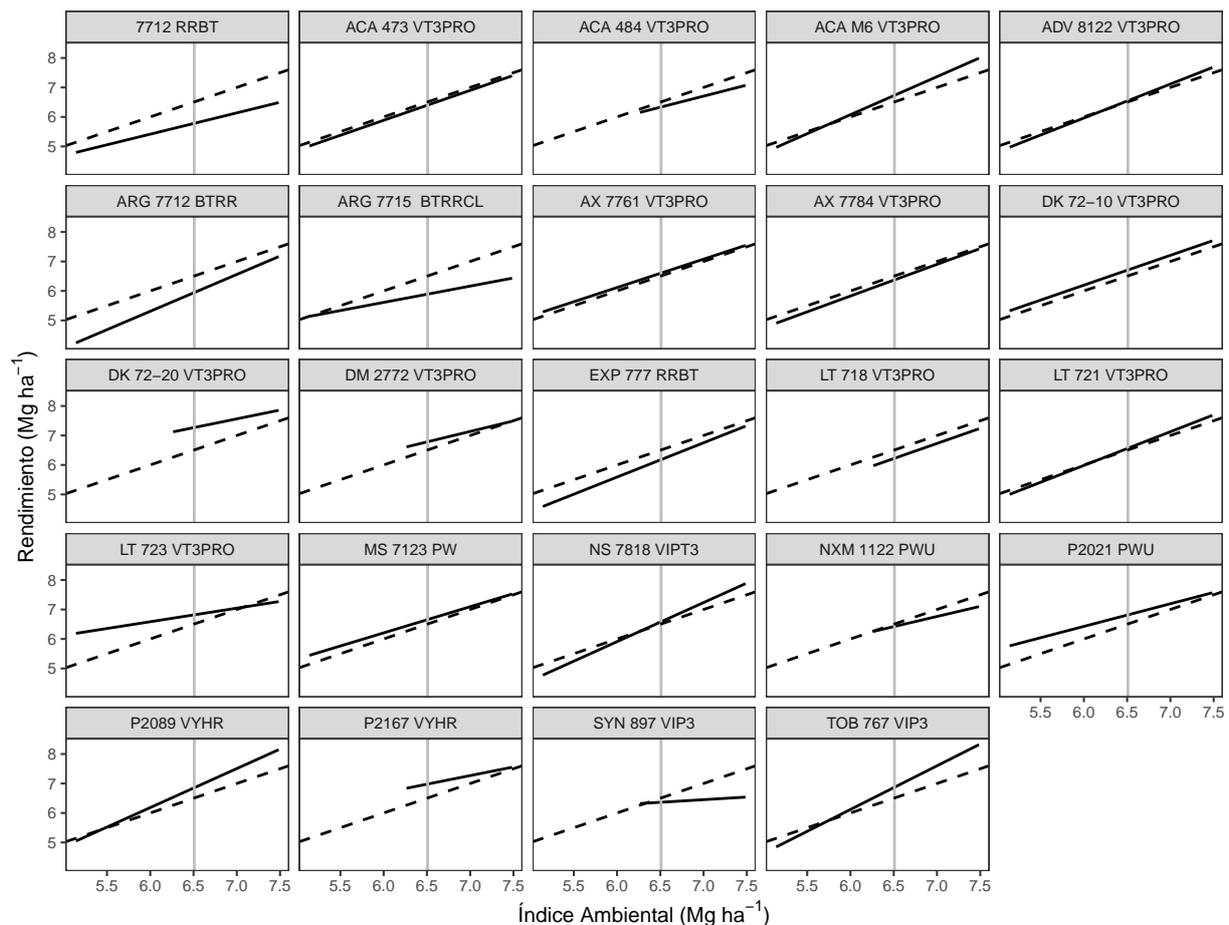


Figura 5: Respuesta diferencial de cada Genotipo a los cambios del IA

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 híbrido 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 híbrido 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 ARG 7715 BTRRCL y 7712 RRBT que mostraron menor pendiente. Simiar comportamiento presentó LT 723 VTR3PRO con mejor desempeño en ambientes de bajo potencial, pero promedio en alto potencial. Los genotipos P2089 VYHR y TOB 767 VIP3 superaron la respuesta promedio a medida que el ambiente mejoró. Debido a la distribución de rendimientos entre ambientes, las normas de reacción de los genotipos no representados en Calchaquí (bajo IA) muestran el patrón en ambientes de IA igual superior al promedio.

4. Consideraciones finales

En general se observó una baja variabilidad de los rendimientos de cada híbrido a través de las distintas localidades evaluadas y baja heterogeneidad de respuesta dentro de cada localidad. Se detectaron diferencias entre materiales a nivel global, con diferencias de rendimiento de ~ 1000 kg o menos entre los primeros y últimos materiales.

En cuanto a la interacción **GA**, no se detectó interacción. El estudio de la interacción **GA** mediante el método de regresión confirmó la falta de heterogeneidad de respuestas de los genotipos donde los patrones de reacción fueron similares al patrón promedio para la mayoría de los materiales.

5. Agradecimientos

- A las empresas semilleras: A.C.A.; Monsanto, La Tijereta, Pioneer, Limagrain, Tobin, Druetto Semillas, Nidera, NK Syngenta, Argenetics, Advanta, Don Mario y Macro Seed, 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 Larraudi Maria Inmaculada y al Ing. Agrónomos, Marcelo Saita, 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.

6. Bibliografía

Cornelius, P.L., J. Crossa, and M.S. Seyedsadr. (1996). Statistical tests and estimators for multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In M.S. Kang and H.G. Gauch, Jr. (ed.) Genotype-by-environment interaction. CRC Press, Boca Raton, FL.

Dumble S. (2017). GGEBiplots: GGE Biplots with 'ggplot2'. R package version 0.1.1. <https://CRAN.R-project.org/package=GGEBiplots>

Federer, W. T.; Reynolds, D. B.; Crossa, J. Combining Results from Augmented Designs over sites. *Agronomy Journal* 2001, 93:389–395.

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.

7. Anexo

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

	Calchaqui	La Criolla	La María	Ramayon	Soledad	media	CV
DK 72-20 VT3PRO		8095		7250	8060	7802	6
P2021 PWU	5677	8076	6512	6830	7752	6969	14
TOB 767 VIP3	4616	7837	7050	6804	8388	6939	21
P2167 VYHR		5456	6750	8683	6861	6937	19
LT 723 VT3PRO	5657	8085	7020	7085	6774	6924	12
NXM 1122 PWU		6644			7098	6871	5
P2089 VYHR	5312	7014	5902	7468	8505	6840	18
DM 2772 VT3PRO		6403	6367	7068	7470	6827	8
ACA M6 VT3PRO	4691	7546	6897	6942	7871	6789	18
NS 7818 VIPT3	5164	6804	6443	6552	8567	6706	18
AX 7761 VT3PRO	5497	6764	6750	5996	8157	6633	15
DK 72-10 VT3PRO	5301	6487	6715	6978	7673	6631	13
MS 7123 PW	5491	5668	6818	7513	7275	6553	14
ADV 8122 VT3PRO	5152	6403	5775	7528	7731	6518	17
LT 721 VT3PRO	5491	6009	6008	6607	8369	6497	17
LT 718 VT3PRO		5709		6560	7197	6489	12
ACA 484 VT3PRO		5437	6505	6545	6985	6368	10
ACA 473 VT3PRO	5020	5625	6224	7804	6969	6329	17
AX 7784 VT3PRO	4825	5573	6856	6936	7156	6269	16
SYN 897 VIP3		5392	6695	6475	6395	6239	9
EXP 777 RRBT	4797	5462		6898	7379	6134	20
ARG 7712 BTRR	4664	5573	5964	5855	7816	5974	19
ARG 7715 BTRRCL	5181	5392	5673	6192	6418	5771	9
7712 RRBT	4880	5417		5506	6751	5638	14
media	5142	6370	6470	6873	7484	6569	14
CV	7	15	7	10	9	7	32

Rendimientos ajustados modelo global

	Genotipo	Rend. medio	Error estándar	gl	grupo
6	DK 72-20 VT3PRO	7084	523	4	12
1	LT 723 VT3PRO	6881	437	4	1
7	P2167 VYHR	6815	472	4	12
13	P2021 PWU	6789	437	4	12
14	MS 7123 PW	6652	437	4	12
23	DK 72-10 VT3PRO	6626	388	4	1
3	DM 2772 VT3PRO	6607	472	4	12
19	AX 7761 VT3PRO	6599	437	4	12
9	P2089 VYHR	6593	437	4	12
2	TOB 767 VIP3	6535	437	4	12
5	LT 721 VT3PRO	6472	437	4	12
18	ACA M6 VT3PRO	6471	437	4	12
4	NS 7818 VIPT3	6427	437	4	12
15	ADV 8122 VT3PRO	6362	437	4	12
24	ACA 473 VT3PRO	6297	437	4	12
21	AX 7784 VT3PRO	6287	437	4	12
8	NXM 1122 PWU	6265	586	4	12
12	ACA 484 VT3PRO	6258	472	4	12
10	SYN 897 VIP3	6222	472	4	12
17	LT 718 VT3PRO	6158	523	4	12
20	EXP 777 RRBT	6054	453	4	12
22	ARG 7715 BTRRCL	6001	437	4	12
16	7712 RRBT	5876	453	4	12
11	ARG 7712 BTRR	5846	437	4	2

Humedad de cosecha

Localidad	Calchaquí	La Criolla	La María	Ramayón	Soledad
Días a cosecha	163	182	176	161	182
Genotipos					
7712 RRBT	14	16		20	15
ACA 473 VT3PRO	13	15	12	14	14
ACA 484 VT3PRO		15	14	15	14
ACA M6 VT3PRO	13	15	13	16	14
ADV 8122 VT3PRO	14	15	12	13	14
ARG 7712 BTRR	14	15	13	17	15
ARG 7715 BTRRCL	15	16	14	17	14
AX 7761 VT3PRO	14	16	14	15	16
AX 7784 VT3PRO	14	15	13	15	14
DK 72-10 VT3PRO		15		15	14
DK 72-20 VT3PRO		15		16	14
DM 2772 VT3PRO		15	13	19	15
EXP 777 RRBT	14	15		14	14
LT 718 VT3PRO		15		14	14
LT 721 VT3PRO	14	15	13	14	13
LT 723 VT3PRO	14	15	13	18	14
MS 7123 PW	14	16	12	17	15
NS 7818 VIPT3	14	15	13	17	14
NXM 1122 PWU		16			15
P2021 PWU	13	15	13	16	15
P2089 VYHR	14	14	12	12	14
P2167 VYHR		15	13	0	13
SYN 897 VIP3		16	15	16	15
TOB 767 VIP3	14	16	15	25	18