



UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO FACULTAD DE
CIENCIAS ECONÓMICAS Y ESTADÍSTICA

CARRERA DE POSGRADO
MAESTRÍA EN ESTADÍSTICA APLICADA

TEMA: MODELOS DE PREDICCIÓN GENÓMICA Y HERRAMIENTAS
DE META-ANÁLISIS APLICADOS AL MEJORAMIENTO EN LA
ESTABILIDAD DEL RENDIMIENTO DE MAÍZ EN ARGENTINA

Autor: Ing. Agr. Federico Izzo

Directora: Mg. Cristina Cuesta

Fecha: 22 de Octubre del 2025

AGRADECIMIENTOS

Quiero agradecer profundamente a mi familia y a mis amigos por el apoyo incondicional que me dieron durante estos años de estudio y trabajo.

Agradezco a mi directora, Cristina Cuesta, por su paciencia, docencia y dedicación. Agradezco también a los jurados, Julio Velazco, Valeria Paccapelo y Luciana Magnano, quienes se tomaron el tiempo de leer detenidamente el trabajo e hicieron valiosos aportes mejorando significativamente el resultado final. Gracias a Martín Uribelarrea, Marcelo Melani, (C, L & M), Julian Roig y Guillermo Van Becelaere por las charlas, consejos y enseñanzas en el día a día. Finalmente, agradezco a Bayer Argentina, por creer en mi desarrollo y proveerme los materiales, el tiempo y el apoyo para que pueda completar mi maestría.

RESUMEN

El maíz se produce actualmente en Argentina en condiciones ambientales muy heterogéneas. La sensibilidad diferencial de los genotipos a estas condiciones genera **interacciones genotipo-ambiente** (IGA), modificando el ordenamiento de los resultados según el ambiente dado. La **estabilidad en el rendimiento** (ER) mide el efecto de la IGA, siendo un carácter valorado tanto por productores, que necesitan reducir la incertidumbre en los resultados de las producciones comerciales, como por los programas de mejoramiento genético, que necesitan que sus productos tengan resultados consistentes a través de subregiones geográficas y campañas agrícolas. El objetivo del presente trabajo fue **obtener una herramienta para la evaluación de la ER con propiedades que permitan su uso en programas de mejoramiento genético**. Para esto, se definió el factor ambiente a partir de variables climáticas y edáficas causales del rendimiento, simplificando su interpretación mediante técnicas de agrupamiento. Bajo el contexto de **modelos lineales mixtos** (MLM), se ajustó un **modelo de predicción genómica** (MPG) que permitió obtener estimaciones de los genotipos en todos los ambientes de interés. A partir de dichas predicciones, y utilizando herramientas de meta-análisis, se obtuvo un índice para evaluar la ER. Los resultados indican que la metodología desarrollada permite evaluar y hacer selección de los mejores genotipos de maíz para ER.

Palabras clave: maíz, interacción genotipo-ambiente, covariables ambientales, análisis de *clusters*, predicción genómica, meta-análisis, estabilidad del rendimiento

CONTENIDOS

1	INTRODUCCIÓN	6
1.1	Importancia del maíz en el Mundo y en la Argentina	6
1.2	Interacción Genotipo-Ambiente	8
1.3	Antecedentes en mediciones de estabilidad	11
1.4	Uso de covariables ambientales en estudios de interacción genotipo-ambiente	13
1.5	Predicción del valor genético en cada ambiente	17
1.6	Uso de herramientas de meta-análisis en el contexto de medición de la estabilidad en el rendimiento	22
2	OBJETIVOS	25
3	MATERIALES	25
3.1	Área y años de estudio	25
3.2	Fuentes de datos	26
3.2.1	Datos Fenotípicos	26
3.2.2	Datos Climáticos	27
3.2.3	Datos Edáficos	28
3.2.4	Datos de Marcadores Moleculares	28
3.3	Recursos de Software	30
4	MÉTODOS	31
4.1	Medidas resumen de las variables climáticas y edáficas	31
4.2	Construcción de <i>clusters</i> como definición del factor ambiente	33
4.2.1	Medida de distancia y algoritmo utilizado para construir los <i>clusters</i>	33
4.2.2	Definición del número de <i>clusters</i>	36
4.2.3	Evaluación de los <i>clusters</i>	37

4.3	Generación de matrices genómicas	37
4.4	Definición de la estructura de variancia-covariancia entre ambientes en el efecto de interacción genotipo-ambiente	39
4.5	Predicción del valor genético en cada ambiente	43
4.5.1	Modelos Lineales Mixtos	43
4.5.2	Modelo ajustado para estimar los EBLUPs	48
4.5.3	Evaluación de la capacidad predictiva del modelo	51
4.6	Cálculo del índice de estabilidad I^2	52
4.6.1	Definición del índice I^2	52
4.6.2	Relación entre I^2 y el rendimiento medio	54
4.6.3	Evaluación de la capacidad predictiva del índice I^2	55
5	RESULTADOS	56
5.1	Variables climáticas y edáficas	56
5.2	Construcción de <i>clusters</i>	56
5.2.1	Caracterización de los <i>clusters</i> en base a variables externas	57
5.2.2	Caracterización de los <i>clusters</i> en base a las variables utilizadas para su construcción	60
5.2.3	Resumen de los <i>clusters</i> resultantes	68
5.3	Evaluación de las matrices genómicas	70
5.4	Incorporación de la estructura de variancia-covariancia entre ambientes	71
5.5	Evaluación de la capacidad predictiva del modelo lineal mixto	74
5.5.1	Resultados generales	74
5.5.2	Resultados en escenarios de validación cruzada	77
5.6	Índice de estabilidad I^2	79
5.6.1	Resultados para los genotipos en estudio	79
5.6.2	Relación del índice I^2 con el rendimiento medio y el desbalance de datos	82
5.6.3	Predicción de la estabilidad del rendimiento a partir de I^2	83

6	DISCUSIÓN	84
6.1	Definición del factor ambiente	85
6.1.1	Principales implicancias de la agrupación de ensayos para la definición de ambiente	86
6.1.2	Implicancias teóricas/prácticas	88
6.1.3	Limitaciones	90
6.2	Uso de matrices de variancia-covariancia en modelos lineales mixtos	90
6.2.1	Matrices genómicas	91
6.2.2	Matrices de variancia-covariancia entre ambientes para el término de interacción genotipo-ambiente	92
6.3	Predicción de EBLUPs por ambiente	94
6.3.1	Evaluación del modelo ajustado	94
6.3.2	Espacio inferencial	96
6.4	Uso del índice de estabilidad I^2 en mejoramiento	97
6.4.1	Predicción utilizando el índice I^2	99
6.4.2	Selección utilizando el índice I^2	99
6.4.3	Relación entre el índice I^2 y el rendimiento medio estandarizado	100
6.4.4	Comparación del índice desarrollado con algunas de las principales metodologías para la medición de la estabilidad del rendimiento	100
6.5	Futuras investigaciones	101
7	CONCLUSIONES	103
8	REFERENCIAS	104
9	ANEXO I	115
10	ANEXO II	119
11	ANEXO III	125

ABREVIACIONES

- AMMI: Efecto Principal Aditivo e Interacción Multiplicativa (*additive main-effects and multiplicative interaction*)
- BCA: Bloque Completo Aleatorizado
- ECR: Ensayo Comparativo de Rendimiento
- EBLUP: Mejor Predictor Lineal Insesgado Empírico (*Empirical Best Linear Unbiased Predictor*)
- E1: Escenario de Predicción 1
- E2: Escenario de Predicción 2
- E3: Escenario de Predicción 3
- E4: Escenario de Predicción 4
- ER: Estabilidad del Rendimiento
- FA: *Factor Analytic*
- IA: Índice Ambiental
- IGA: Interacción Genotipo-Ambiente
- MLM: Modelo Lineal Mixto
- MM: Marcador Molecular
- MPG: Modelo de Predicción Genómica
- QTL: *Quantitative Trait Loci*
- REML: Máxima Verosimilitud Restringida
- TA: Tipo de Ambiente

1 INTRODUCCIÓN

1.1 Importancia del maíz en el Mundo y en la Argentina

El maíz (*Zea mays*) es uno de los cultivos de mayor importancia en la producción de alimentos a nivel mundial, con un incremento sostenido en hectáreas cosechadas y volumen de producción a través de los años (FAO, 2024) (figura 1). El cultivo se encuentra difundido en diversas regiones productivas del mundo, siendo actualmente los principales países productores Estados Unidos, China, Brasil y Argentina. Los principales destinos de la producción incluyen su uso como forraje para consumo animal, usos de tipo industrial (entre los cuales se destacan la obtención de almidón, aceites, alcohol y jarabes mediante la molienda húmeda y la obtención de copos y harina mediante la molienda seca), la producción de biocombustibles y, en menor medida, el consumo directo (Orthoefer et al. 2004).

En Argentina, el maíz representa el cereal de mayor importancia a nivel comercial, con una producción de 59 millones de toneladas en el año 2022, y un volumen de exportación de 35.4 millones de toneladas en el mismo año, lo cual posiciona al país como el tercer exportador de este grano a nivel mundial (FAO, 2024). Parte del crecimiento sostenido en la producción de maíz en Argentina se debe al aumento en el rendimiento del cultivo por unidad de área (a través de mejoras en el manejo agronómico y uso de genotipos superiores), y parte de dicho incremento se debe a un sostenido aumento en la superficie de hectáreas cosechadas (figura 2).

El aumento en el número de hectáreas cosechadas de maíz en Argentina se debió a diversos factores, entre los cuales los principales fueron su expansión a nuevos ambientes donde el cultivo no era incluido en las rotaciones previamente (Otegui y Mercau, 2021), cambios económicos,

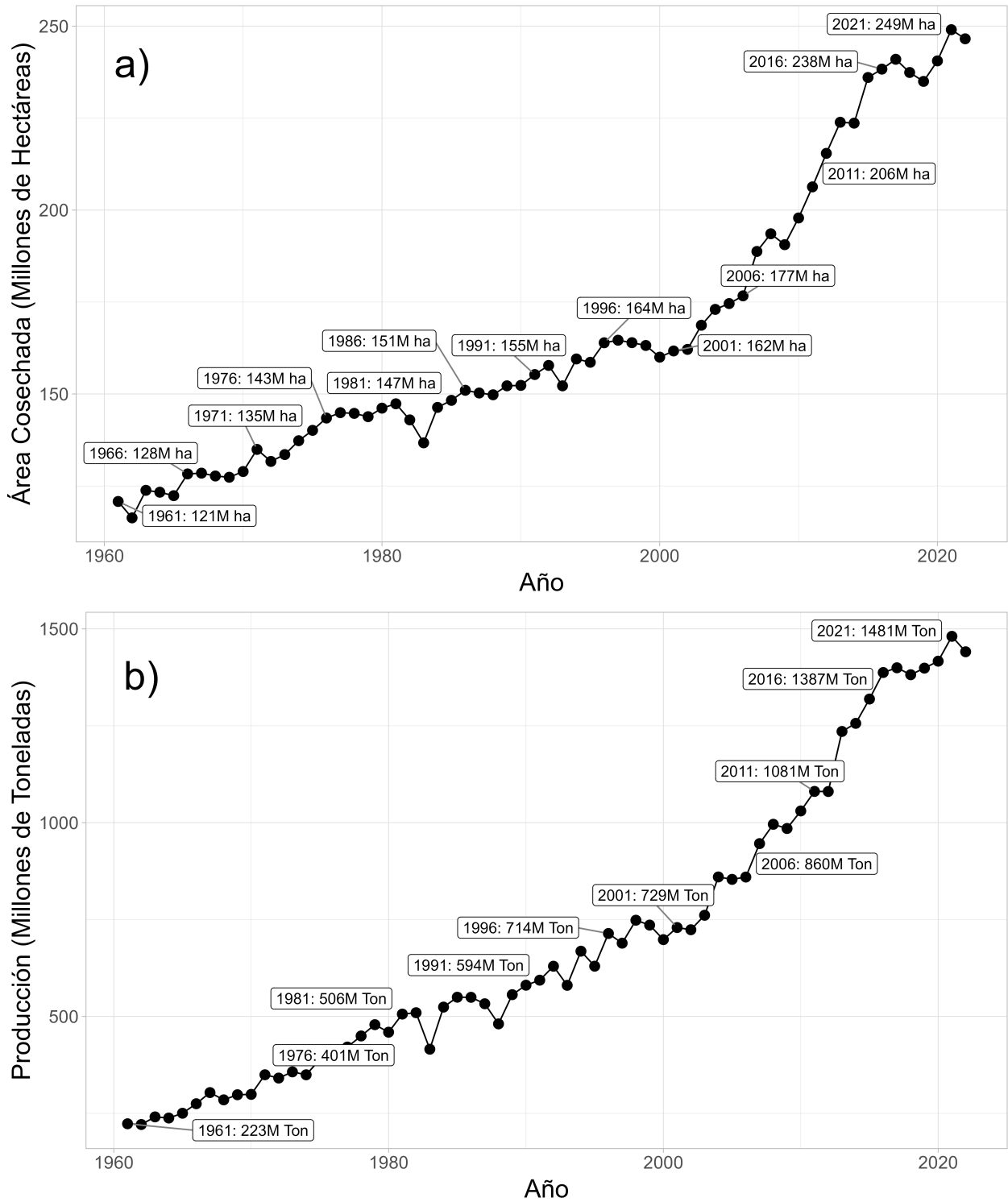


Figura 1-a: área cosechada (a) y producción (b) de maíz a nivel mundial por año desde 1960 a 2022. Adaptado de FAO, 2024, ([https:// www.fao.org](https://www.fao.org)).

que hicieron que la siembra de maíz sea más atractiva que la de otros cultivos para el productor, y cambios tecnológicos que permitieron, por ejemplo, expandir la ventana de siembra a fechas tardías (Satorre y Andrade, 2021). Como consecuencia de esto, la producción de maíz en Argentina comenzó a darse en una serie de ambientes significativamente más heterogéneos que los explorados previamente.

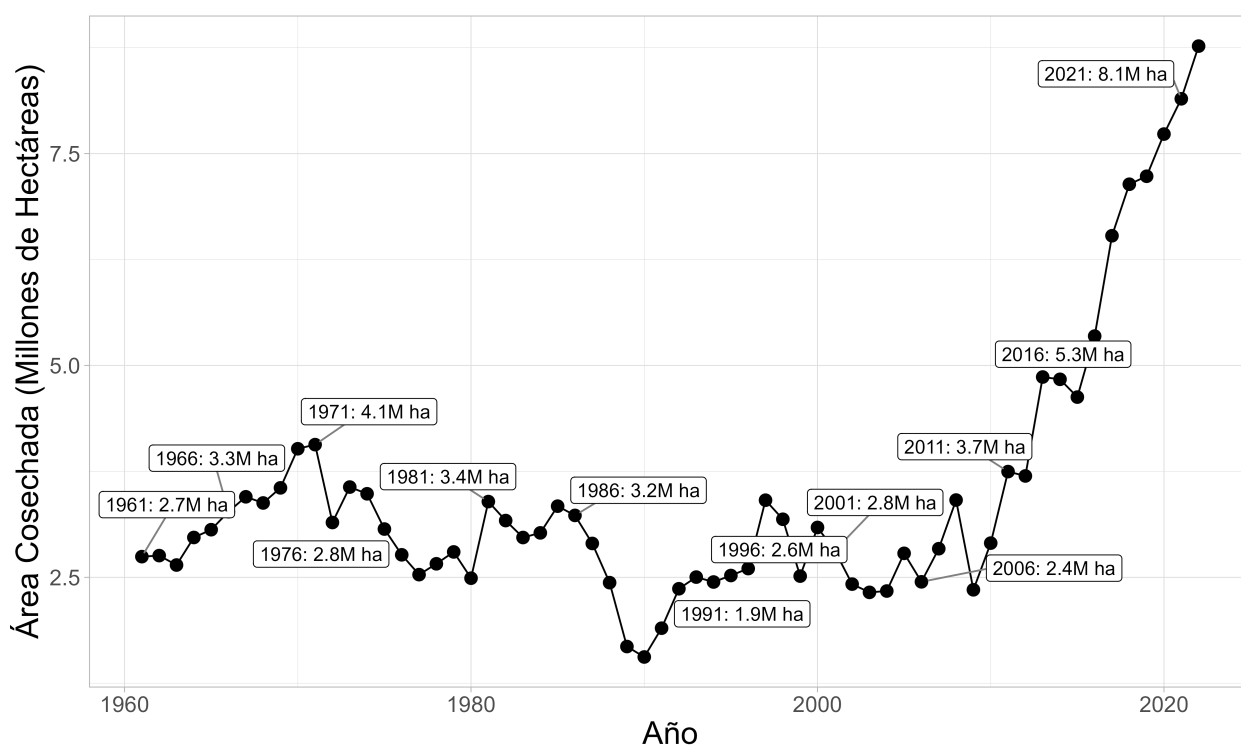


Figura 2: superficie cosechada de maíz en Argentina por año desde 1960 a 2022. Adaptado de FAO, 2024, ([https:// www.fao.org](https://www.fao.org)).

1.2 Interacción Genotipo-Ambiente

Los programas de mejoramiento genético de maíz de Argentina se adaptaron a los cambios en el sistema de producción del cultivo mencionados. La región objetivo, entendida como el conjunto de posibles ambientes que pueden suceder a través de las campañas agrícolas en la zona geográfica donde un programa de mejoramiento genético apunta a lanzar cultivares

(Comstock, 1963), fue expandiéndose a una región más extensa y heterogénea. Para muestrear dicha heterogeneidad de ambientes, las redes de Ensayos Comparativos de Rendimiento (ECRs, ensayos replicados en cada campo, repetidos en un número de localidades, en los cuales se miden las características de interés a distintos cultivares o genotipos) se expandieron a ambientes de productividades menores, fechas de siembra tardías, y diferentes manejos de la densidad y fertilización (Van Becelaere y Vartorelli, 2021).

El incremento en la heterogeneidad de ambientes muestreados tuvo como consecuencia que las genéticas probadas a campo se expusieran en mayor medida a factores que impactan en su rendimiento. Estos factores pueden ser bióticos, como el Virus de Mal de Río Cuarto (*Mal de Río Cuarto virus*), Tizón de la Hoja (*Exserohilum turcicum*) o el complejo de Corn Stunt Spiroplasma (*Spiroplasma kunkelii*), o abióticos, por ejemplo, zonas con menores precipitaciones, suelos con texturas predominantemente arenosas o arcillosas, ambientes de menor radiación incidente, o temperaturas extremas en etapas críticas para el desarrollo y crecimiento del cultivo.

Normalmente no todos los genotipos probados en ECRs tienen similar tolerancia o sensibilidad a las variables bióticas o abióticas previamente mencionadas, lo cual conlleva a la aparición de interacciones genotipo-ambiente (IGA) (Bustos-Korts et al. 2022). La IGA puede ser definida como la discrepancia entre el valor fenotípico observado y el valor esperado debido a los correspondientes efectos genotípicos y ambientales (Baker, 1988; Kang, 2020). La presencia de IGA puede significar cambios en el ordenamiento de los genotipos (ranking) para el carácter bajo estudio, por ejemplo, rendimiento en grano, según el ambiente explorado (IGA cualitativas), dificultando el proceso de selección de los mejores genotipos en un programa de mejoramiento genético (Smith y Cullis, 2018).

A medida que la magnitud de la IGA aumenta, la utilidad de los efectos principales se ve disminuida. Por lo tanto, la precisión en la estimación del efecto genotipo (el resultado esperado para un genotipo a través de ambientes) en un programa de mejoramiento, es menor (Fasahat et al. 2015). La heredabilidad de un carácter es definida como la fracción de la variancia observada (o “fenotípica”) causada por diferencias en los genes, o en los genotipos, de los individuos (Lush, 1943). Normalmente, los programas de mejoramiento genético vegetal utilizan el concepto de heredabilidad en sentido estricto, definiéndose éste como la proporción de la variancia fenotípica entre individuos de una población que se debe a efectos genéticos heredables. El grado de heredabilidad que posea un carácter, definirá en parte la capacidad de lograr mejoras en el mismo a través del proceso de selección de los mejores individuos de una población (Holland et al. 2003). Una consecuencia del aumento de la magnitud del efecto de la IGA es que la heredabilidad de los caracteres de interés disminuye, debido a que la variancia fenotípica producto de efectos ambientales no heredables es mayor. La disminución en la heredabilidad tiene un efecto negativo en el objetivo final del programa de mejoramiento genético, que es obtener mejoras en los valores medios para el carácter de interés en el tiempo, denominado ganancia genética. En casos extremos donde el efecto de la IGA es considerablemente mayor al efecto genotípico, la ganancia genética puede ser baja, pudiendo incluso justificarse la separación de la región objetivo en dos programas de mejoramiento diferentes.

Debido al impacto que tiene la IGA en un programa de mejoramiento, diversas metodologías han sido propuestas para modelarla e interpretarla, dando lugar a estudios que se agruparon bajo el nombre de “análisis de estabilidad”. Los términos “estabilidad” o “estabilidad fenotípica” hacen referencia a fluctuaciones en la expresión fenotípica de un carácter mientras la composición

genética es constante (Baker y Leon, 1988). La estabilidad en el rendimiento (ER) ha probado ser un atributo prioritario para los productores comerciales, y debido a esto es esencial poder cuantificarla en una forma significativa y objetiva (Reckling, 2021). Para caracteres de interés comercial, como por ejemplo el rendimiento medio esperado, esto se ha logrado, donde la selección sostenida a través de los años ha logrado reportar ganancias genéticas del orden de los 117.5 kg/ha*año en el área templada de Argentina (Uribelarrea et al. 2022). En el caso de la ER, no se ha logrado un consenso en cómo realizar la caracterización de los genotipos, y son pocos los registros de programas que hayan seleccionado y mejorado de forma consistente con resultados cuantificables.

1.3 Antecedentes en mediciones de estabilidad

Entre las metodologías más utilizadas para estimar la ER (para una revisión completa remitirse a Lin (1986); Fasahat (2015) y Pour-Aboughadareh (2022)), se encuentran aquellas basadas en la regresión de los valores fenotípicos de cada individuo sobre el promedio de todos los individuos (índice ambiental, IA). Estas metodologías explican la IGA como una sensibilidad diferencial de los genotipos ante mejoras en el ambiente, categorizando a un genotipo como “estable” cuando su respuesta ante un cambio en el ambiente es similar a la respuesta promedio de todos los genotipos bajo estudio, es decir, cuando su coeficiente de regresión es igual a la unidad (Yates y Cochran, 1938; Finlay y Wilkinson, 1963; Perkins y Jinks, 1968).

Las metodologías basadas en el uso del coeficiente de regresión suponen un cálculo sencillo con una interpretación simple y, dentro de ciertos límites, puede utilizarse en conjuntos de datos desbalanceados. Por otro lado, presentan dos grandes desventajas: el valor estimado de ER para

cada genotipo está estrechamente asociado a los demás utilizados en el análisis, por lo que un genotipo será estable solo en referencia a los demás que se encuentran bajo estudio (Piepho, 1998), en segundo lugar, la estimación de los coeficientes de regresión no es insesgada, debido a que el supuesto de medición libre de error de la variable independiente no se cumple, siendo la magnitud de este sesgo metodológico dependiente del número de genotipos incluidos en la estimación de los parámetros (Becker y Leon, 1988). Por último, este tipo de metodologías ha sido criticada en la literatura debido a su limitación cuando las respuestas no son lineales, dando resultados sobre-simplificados al estudio de la IGA (Crossa, 1990; Duarte y Vencovsky, 1999).

Eberhart y Russell (1966) adicionaron otra metodología para medir la ER, basada en calcular la media de las desviaciones con respecto a la regresión como un estimador de la misma. Esta forma de medir la ER propuso un nuevo tipo de metodología, basada en utilizar la suma de cuadrados del residuo tras aplicar un modelo. Bajo este tipo de análisis, los genotipos clasificados como “estables” son aquellos que presentan la menor suma de cuadrados entre todos los probados. Su utilización presenta ventajas en cuanto a la facilidad en su cálculo; sin embargo, las metodologías basadas en sumas de cuadrados fueron criticadas (Lin et al. 1986) debido a que en presencia de heterocedasticidad de la variancia no presentan resultados confiables, siendo un escenario habitual en el análisis de datos de ECRs.

Otro de los grupos de metodologías comúnmente utilizados para determinar la ER de una serie de genotipos son los análisis multivariados. De este grupo, los modelos AMMI (Gauch y Zobel, 1997) han sido los más utilizados. Este tipo de análisis tiene como ventaja la adición de mediciones del efecto de la interacción además del de los efectos principales, brindando información acerca del patrón de respuesta de los genotipos a cada tipo de ambiente, y evitando la sobre-simplificación

en la medición de patrones no lineales que presentan los métodos de regresión. Pero este tipo de modelos presentan 5 limitaciones para su uso en análisis de datos de ECRs (De Resende y Thompson, 2004): consideran la interacción genotipo-ambiente como un efecto fijo, no permiten considerar variaciones espaciales en los ensayos, requieren de bases de datos balanceadas y similar replicación en cada ECR analizado, y asumen homogeneidad de variancias. Los aspectos mencionados no suelen cumplirse en datos provenientes de redes de ECRs de programas de mejoramiento, lo cual ha limitado su implementación.

A pesar de la gran cantidad de trabajos sobre ER y las diversas metodologías estudiadas para su estimación, no se ha logrado un consenso sobre cuál es la mejor forma de medir esta característica. Distintas formas de modelar la IGA dan lugar a diferentes estimaciones de ER para un grupo de genotipos, presentando cada metodología ventajas y desventajas en diferentes aspectos.

1.4 Uso de covariables ambientales en estudios de interacción genotipo-ambiente

Gran parte de los estudios enfocados en analizar la IGA definen al factor ambiente como la combinación de campaña agrícola y localidad donde se realizan los ECRs, o mediante IAs. Varios autores han reconocido la importancia de abordar el estudio de la IGA utilizando no solo las bases de datos fenotípicos, sino también las características climáticas y edáficas medidas en los ensayos que componen dicha red. Esta aproximación permite dar una interpretación biológica a la interacción observada (De La Vega y Chapman, 2000), definiendo los factores causales de la aparición de la IGA. Mumford et al. (2023) define a las covariables climáticas y edáficas como parámetros ambientales medidos con impacto en las condiciones ambientales generales, y como

consecuencia en la característica fenotípica estudiada. Estos autores estudiaron la interacción de variables climáticas y edáficas sobre los genotipos de sorgo a través de modelos lineales mixtos, incluyendo también efectos del manejo agronómico, logrando explicar una alta proporción de la IGA, y logrando una interpretación conceptual de la misma.

En estudios realizados en el cultivo de sorgo, Chapman et al. (2000b) utilizaron covariables climáticas y edáficas, combinadas con análisis de *clusters*, para generar una clasificación en “tipos de ambientes” (TAs), diferenciándolos en tres categorías según el nivel de estrés hídrico que pudieran representar para el cultivo, reemplazando los efectos de localidades y campañas agrícolas por esta clasificación. Posteriormente, Velazco et al. (2020) clasificaron en dos TAs la región objetivo de un programa de mejoramiento de sorgo, según la presencia o ausencia de la expresión del carácter *stay-green* como indicador de ambientes con o sin estrés hídrico. Heslot et al. (2014) utilizaron modelos de desarrollo de cultivos para integrar los efectos de covariables climáticas de forma parsimoniosa en modelos estadísticos, logrando reducir la dimensión de los datos a unas pocas variables relacionadas a cada etapa de desarrollo del cultivo (ver anexo I para más información sobre el desarrollo del cultivo de maíz).

Lo mencionado en párrafos anteriores postula que generar una clasificación en TAs a partir de variables climáticas y edáficas para definir el ambiente podría tener una serie de ventajas por sobre definiciones a partir de IAs o combinaciones de campaña agrícola por localidad.

En primer lugar, la repetitividad de los resultados esperada podría ser diferente. Löffler et al. (2005) encontraron que solo mediante una estratificación de los ambientes objetivo en TAs realizada a partir de variables climáticas y edáficas, se pudo esperar repetibilidad en el rendimiento

de híbridos de maíz en ambientes específicos.

En casos donde se defina al ambiente como un IA, un mismo nivel de rinde promedio puede ser el resultado de combinaciones de niveles de factores climáticos y edáficos muy diferentes. Por ejemplo, suelos de textura arenosa con precipitaciones durante todo el ciclo del cultivo o un perfil con muy alta disponibilidad hídrica a la siembra y pocas precipitaciones durante parte del ciclo pueden lograr rendimientos promedio similares, pero la respuesta particular de cada genotipo puede no ser la misma. El efecto de las variables climáticas y edáficas en el rendimiento ha sido extensamente estudiado. Citando algunos ejemplos, Calviño et al. (2003) encontraron que bajas precipitaciones durante períodos de desarrollo específicos del cultivo de maíz promovieron fuertes reducciones del rendimiento en el sudeste de Buenos Aires. Cicchino et al. (2010) encontraron que altas temperaturas alrededor de floración tuvieron efectos negativos en el rendimiento de maíz. Andrade et al. (2023) menciona que la densidad aparente y la textura del suelo, en interacción con la temperatura, tienen efectos sobre el crecimiento radicular del cultivo, afectando su capacidad de captar recursos hídricos. Definir al ambiente mediante variables climáticas y edáficas evita la desventaja que presenta el uso de IAs mencionada, ya que la definición está dada por variables causales del rendimiento. Además, sustituir el uso de un IA por una clasificación basada en las variables causales de los rendimientos observados, puede evitar en gran medida que los resultados sean sesgados, debido a que las variables predictoras cumplen el supuesto de medición libre de error e independencia con respecto a la variable respuesta.

Algunas similitudes se presentan en los casos donde se define el ambiente como el lugar geográfico (localidad) y el momento (campaña agrícola) en que se realiza cada ensayo a campo.

Si bien cada localidad puede representar el mismo tipo de suelo a través de diferentes campañas agrícolas, no puede esperarse que las condiciones climáticas sean similares entre estas, llevando a que distintos TAs se den en las mismas ubicaciones geográficas (Chapman et al. 2000c). Debido a esto, las conclusiones en cuanto al estudio de la IGA para un grupo de genotipos en una serie de localidades y una campaña agrícola particular no serán necesariamente válidas en campañas futuras para la misma región geográfica.

En segundo lugar, la definición de ambientes en TAs a partir de variables climáticas y edáficas independiza el análisis del efecto espacial (localidad) y temporal (campañas agrícolas), ya que, ensayos de campo donde las variables adopten valores similares, representarán un mismo ambiente, independientemente de su localización o campaña. Chapman et al. (2000) reportaron, en el cultivo de sorgo, resultados de los ECRs más correlacionados con los valores adoptados por las variables climáticas y edáficas que con la ubicación geográfica o la campaña agrícola, demostrando la ventaja en la definición de ambiente propuesta en su trabajo. Adicionalmente, este punto tiene implicancias en la inferencia, ya que, como se detallará más adelante en el presente trabajo, si se pretende hacer predicción del rendimiento de genotipos en ambientes para el estudio de la IGA, no “atar” el factor ambiente a lugares geográficos puede tener ventajas en cuanto al espacio inferencial de la predicción.

En tercer lugar, la clasificación en TAs permite simplificar el análisis, estudiando la interacción de los genotipos con los niveles generados. En estudios donde el factor ambiente es fijado como las combinaciones de localidad y año, el nivel de complejidad que surge debido al número de ambientes analizados hace difícil la interpretación de los resultados. Esto se acentúa en etapas tardías de un programa de mejoramiento, donde se cuenta con información recolectada en

numerosas localidades durante varias campañas agrícolas. Nyquist y Baker (1991) propusieron separar el término ambiente en micro-ambientes y macro-ambientes, donde los primeros son combinaciones particulares de atributos del suelo y del clima que afectan el rendimiento de los genotipos, y se presentan potencialmente como una variedad infinita de combinaciones y con una probabilidad infinitesimal de repetirse. Los macro-ambientes, por otro lado, representan poblaciones de microambientes, con mayor probabilidad de repetirse, y en términos de variabilidad fenotípica difieren de forma más significativa que los microambientes. En concordancia con estas ideas, una consecuencia de utilizar combinaciones localidades-año como definición del factor ambiente en la explicación de la IGA es que dificulta separar los causantes principales de ésta, de los efectos menores que tenga cada combinación localidad-año específica. Evitar un análisis demasiado detallado de la IGA podría ayudar a interpretar los resultados y las causas de la misma fácilmente.

Por último, el uso de variables climáticas y edáficas permite detectar casos donde las combinaciones de éstas definiendo el ambiente hayan sido muy particulares, pudiendo dar lugar a IGA no repetible, la cual no debería ser de gran interés para el mejoramiento (Kang, 2020).

1.5 Predicción del valor genético en cada ambiente

El valor genético se define como la desviación de un genotipo con respecto al promedio de la población a la cual pertenece. En estudios de IGA, es necesario determinar éste valor para cada individuo en cada ambiente (Crossa et al. 2010). Para determinar el valor genético de los individuos con precisión, debe formularse un modelo que se ajuste lo mejor posible a la estructura de los datos generados en una red de ECRs. Los Modelos Lineales Mixtos (MLM) y el

cálculo del mejor predictor lineal insesgado (BLUP, por sus siglas en inglés *Best Linear Unbiased Predictor*) de los efectos aleatorios (Henderson, 1973) brindan una herramienta útil en el contexto del mejoramiento genético, debido a que permite contemplar las principales características que suelen presentarse en las bases de datos de ECRs. Estas son: (i) el desbalance de los datos, (ii) la presencia de heterogeneidad de la variancia de genotipos y ambientes, y (iii) la presencia de estructuras de covariancia entre los genotipos y entre los ambientes (Piepho et al. 2008). Estas propiedades generan restricciones en la posibilidad de implementar los modelos clásicos de efectos fijos, pero pueden ser modeladas a través del uso de MLMs.

El desbalance en las bases de datos provenientes de ECRs suele ser consecuencia de que los ensayos a campo están expuestos a condiciones ambientales no controlables, inherentes a la localidad y campaña agrícola, ocasionando la necesidad de descartar parcelas cuando dichas condiciones no permiten una correcta medición de las características de interés. A su vez, el desbalance también puede ser consecuencia del diseño experimental, por ejemplo, en casos donde hay limitantes en la disponibilidad de semilla, y no es posible incluir a todos los genotipos en todos los ECRs. Debido a esto, es un escenario común contar con diferente número de observaciones para un genotipo en un ambiente, o no contar con información de algunas combinaciones de genotipo-ambiente. Bajo el contexto de los MLMs, debido a la forma en que los parámetros son estimados, el análisis estadístico y test de hipótesis son válidos, siempre que el desbalance sea producto de datos faltantes sin un patrón específico (Verbeke y Molenberghs, 2000).

La heterocedasticidad en los efectos suele presentarse en datos provenientes de ECRs, esto

se debe a que las condiciones climáticas y edáficas de cada ensayo particular impactan de forma diferente en el rendimiento expresado por los genotipos. Esto significa que el supuesto subyacente en el modelo lineal clásico de homogeneidad de variancias no se cumple, y que es necesario contemplar una estructura de variancias y covariancias diferente.

En el contexto de los MLM, diferentes parametrizaciones de las matrices de variancia-covariancia son posibles. Una parametrización de simetría compuesta, por ejemplo, asumiría variancias homogéneas de los genotipos a través de ambientes, y un término de covariancia común entre ambientes. Este tipo de parametrización tiene ventajas en cuanto a la simplicidad en su estimación, pero da lugar a un modelo poco flexible. En el otro extremo, la parametrización de la estructura de variancia-covariancia como desestructurada permite la mayor flexibilidad posible, aunque el número de parámetros a estimar y la necesidad de mayor capacidad computacional crece rápidamente con el número de ambientes. Un tipo de parametrización que contiene ventajas en cuanto a flexibilidad, pero mantiene un número parsimonioso de parámetros a estimar, es la estructura de *Factor Analytic* (FA) (Piepho, 1998; Smith et al. 2001; Smith, Cullis, y Thompson, 2005). Además, se ha reportado que el uso de este tipo de estructuras puede mejorar la capacidad predictiva de los modelos. En trabajos utilizando una estructura de FA para estudiar la IGA, Burgueño et al. (2011) demostró un incremento en dicha capacidad del 6%.

Una ventaja adicional de incluir este tipo de estructuras en el MLM ajustado, es que permite intercambiar información acerca de los resultados de los genotipos entre ambientes basándose en la correlación genética entre ambientes, esto permite obtener predicciones de genotipos que no hayan sido probados en todos los ambientes, brindando una ventaja clave en el marco de la medición de la ER. De todas formas, estos modelos son explicativos, se limitan a inferir sobre

los ambientes observados durante el experimento. Tolhurst et al. (2022) integraron modelos lineales mixtos y estructuras FA para describir la IGA, logrando explicar un alto porcentaje de la variancia genética en experimentos realizados sobre el cultivo de algodón. En su trabajo, utilizaron regresiones aleatorias sobre covariables climáticas y edáficas para generar modelos predictivos, y variables ambientales latentes para explicar una porción de la IGA dada por efectos no observados.

La covariancia existente entre genotipos se presenta debido a que los mismos tienen una relación de parentesco entre sí. Esto se traduce en correlaciones en la expresión de los caracteres de interés, debido a que genotipos emparentados comparten variantes de genes (alelos) similares en cierta proporción, y estos genes tienen efectos en la expresión de los caracteres fenotípicos. En algunos casos, los caracteres fenotípicos son gobernados por pocos genes, a estos se los denomina “caracteres cualitativos”, por ejemplo, unos pocos genes pueden brindar tolerancia a la roya común del maíz, (*Puccinia sorghi*). En oposición, cuando un carácter es gobernado por un gran número de genes, se da lugar a gradientes continuos en su expresión y se lo denomina “carácter cuantitativo”, un ejemplo de este tipo de caracteres es el rendimiento. Algunas regiones del ADN contienen grupos de genes asociados a la expresión de caracteres cuantitativos específicos, a estas regiones se las denomina “QTLs” (por sus siglas en inglés *Quantitative Trait Loci*). Genotipos que presenten similitudes para las variantes alélicas de los genes que conforman estos QTLs, presentaran mayores similitudes en el carácter fenotípico que gobiernan, generando correlaciones en los resultados observados a campo.

La similaridad genética puede cuantificarse e incluirse en los MLM para mejorar las

estimaciones de los componentes de variancia (Crossa et al. 2006). Esto puede realizarse mediante el uso de marcadores moleculares (MM). El uso de una alta densidad de MM en el genoma permite estimar el grado de similaridad genética entre genotipos (Ritland, 1996; Lynch y Ritland, 1999; VanRaden, 2007; Habier et al. 2007; de los Campos et al. 2010), dando lugar a la implementación de modelos de predicción genómica (MPG).

El supuesto detrás de los MPG es que cuando la densidad de MM es alta, existe una considerable probabilidad de que algunos de éstos estén en desequilibrio de ligamiento (se encuentran físicamente cerca en la cadena de ADN y por lo tanto no se segregan de forma independiente) con QTLs asociados a efectos positivos o negativos en la expresión de caracteres cuantitativos (Hastbacka et al. 1992), por ejemplo, mayor rendimiento.

Una característica importante de los MPG es que no se pretende identificar cuáles son los QTLs asociados a un determinado efecto, sino solo incorporar esta información para mejorar la capacidad predictiva del modelo. De esta forma, los MM permiten estudiar las variaciones en la expresión de los caracteres cuantitativos a través de las diferencias en el ADN de los individuos. En MPG desarrollados bajo el contexto de los MLM, esta información puede adicionarse a la contenida en los datos fenotípicos para el cálculo de EBLUPS (Fernando y Grossman, 1989) mediante matrices genómicas. Éstas utilizan información de los MMs para estimar la proporción del ADN que comparten los individuos. Al incluir esta información, se han reportado mejoras en las predicciones del orden del 8% al 36% (Meuwissen y Goddard, 1996).

Una ventaja del uso de matrices genómicas en el contexto del estudio de la IGA, es que permite intercambiar información entre genotipos para los cuales se cuente con datos de MMs a

través de los ambientes. Esto permite (i) mejorar las predicciones de los genotipos incluidos en todos o algunos ambientes, (ii) obtener predicciones para genotipos que no hayan sido incluidos en ningún ambiente. La posibilidad de generar dichas predicciones permite estudiar la IGA desde etapas tempranas de un programa de mejoramiento genético, en las que es común probar los genotipos solo en unos pocos ambientes, debido a limitantes de disponibilidad de semilla o al costo que representa incluir un gran número de genotipos en cada ECR.

1.6 Uso de herramientas de meta-análisis en el contexto de medición de la estabilidad en el rendimiento

Cuantificar la ER de un grupo de genotipos significa medir la heterogeneidad en sus respuestas ante diferentes escenarios ambientales. La respuesta de un genotipo incluye una variación propia de cada ambiente particular (variación inherente al error experimental), y una variación debida a la heterogeneidad de los ambientes (variación por el efecto del ambiente sobre cada genotipo particular, causante de la IGA). Medir el segundo término mencionado corresponde a analizar la ER del genotipo.

Un índice propuesto por Higgins y Thompson (2002), denominado " I^2 ", es utilizado en estudios de meta-análisis para medir el grado de heterogeneidad en el tamaño de un efecto que presenten diferentes trabajos realizados sobre el mismo. Este índice podría adaptarse a la problemática de cuantificar la ER de genotipos de maíz, donde la medición de los genotipos en cada ambiente particular se correspondería con el tamaño del efecto de un estudio en meta-análisis, y la variación entre ambientes se correspondería con la medición de la variación del tamaño del efecto entre estudios.

El índice I^2 puede ser interpretado como el porcentaje del total de la variación en un conjunto de estudios debidos a la presencia de verdadera heterogeneidad entre ellos (Huedo-Medina, 2006). Los autores también desarrollaron un intervalo de confianza para I^2 , de forma que el índice puede utilizarse para detectar la presencia o ausencia de heterogeneidad entre estudios, y también para cuantificarla.

Una de las características de I^2 que podría resultar de interés al aplicarse en la medición de la ER, es que en su estimación se toma en cuenta la variabilidad intra-ambiente y entre-ambientes. Esto hace que su uso sea particularmente interesante en el contexto de los MLM. Otra característica de interés es que valores de índices I^2 obtenidos a partir de datos desbalanceados (en un contexto de análisis de la IGA diferente número de ambientes) son comparables, característica muy conveniente debido a la ya mencionada naturaleza de las bases de datos de programas de mejoramiento. Por otra parte, la simplicidad en la interpretación del índice asegura la facilidad en el uso para un gran número de genotipos o un gran número de ambientes, correspondiendo estas situaciones al análisis en etapas tempranas y tardías de un programa de mejoramiento, respectivamente. El índice toma valores entre 0 y 100, indicando valores menores una menor variabilidad en el rendimiento ante cambios en el ambiente, y por lo tanto mayor ER.

Hasta la fecha, el uso de la estadística I^2 no ha sido reportado en el contexto del análisis de la ER, y constituye una propuesta de innovación en esta tesis. El fundamento en su utilización se basa en el valor intrínseco que aporta la facilidad en su cálculo, la posibilidad de combinar el estadístico con las predicciones obtenidas a través de MLM, y la simplicidad en su interpretación, la cual constituye una ventaja clave por sobre otras metodologías que cuantifican la ER.

La ER es considerada un carácter prioritario a la hora de seleccionar un genotipo, tanto por el productor, que quiere minimizar los riesgos de obtener bajos retornos en las producciones comerciales, como por los programas de mejoramiento genético, que apuntan a lanzar genotipos de adaptación amplia para toda la región objetivo del programa.

Son muchos los antecedentes y trabajos que tratan la medición de la ER, pero muy pocos los programas de mejoramiento que han seleccionado a lo largo del tiempo para esta característica y han obtenido una ganancia genética sostenida y demostrable. Esto puede deberse a varios factores: en primer lugar, de acuerdo a lo discutido en párrafos anteriores, solo identificando los factores biológicos causales de la IGA tiene sentido hacer selección para ER. Estudios que definen el ambiente como IAs o combinaciones de localidad y año tienen poco sustento para esperar repetibilidad en los resultados. En segundo lugar, el acceso a datos climáticos y edáficos a gran escala rara vez está garantizado, limitando la cantidad de trabajos que puedan analizar la IGA en profundidad. Por último, la falta de consenso en cómo cuantificar la estabilidad del rendimiento, dificulta la selección sostenida para esta característica.

El interés en lograr resultados sostenidos en mejoramiento genético para la ER es cada vez mayor. Esto se debe a la heterogeneidad de ambientes que abarca la producción de maíz en Argentina, a factores económicos, y al cambio climático, el cual autores como por ejemplo Mumford et al. (2023), estiman que podría aumentar la importancia de la IGA debido a una mayor frecuencia de valores extremos de las variables climáticas. Esto podría incrementar la incertidumbre en los resultados de las producciones, suponiendo un problema no sólo económico para los productores, sino de abastecimiento y seguridad alimentaria. Por lo explicado, la ER se ha transformado en un carácter de vital importancia en los programas de mejoramiento de maíz de Argentina.

2 OBJETIVOS

El objetivo general de este trabajo es **desarrollar una herramienta que permita la evaluación y selección de genotipos (híbridos) de maíz para el carácter estabilidad en el rendimiento en un programa de mejoramiento genético de la región templada de Argentina.**

Como objetivos específicos, el trabajo propone: (i) definir el factor ambiente a partir de variables climáticas y edáficas, permitiendo una interpretación simple de la IGA, (ii) implementar, en el marco de los MLM, un análisis de predicción genómica que permita caracterizar para ER genotipos que no hayan sido probados en todos los ambientes, permitiendo la evaluación y selección en etapas tempranas y avanzadas del programa de mejoramiento, y (iii) lograr un estimador de la ER de simple interpretación, que permita la selección de los mejores genotipos de forma ágil para un gran número de candidatos.

3 MATERIALES

3.1 Área y años de estudio

El presente trabajo está enfocado en la región templada de Argentina, constituida por el centro y norte de la provincia de Buenos Aires, centro y sur de Córdoba, centro y sur de Santa Fe y este de La Pampa. Los datos utilizados provienen de la red de ECRs de la empresa Bayer Argentina. Las campañas de siembra-cosecha incluidas en los análisis fueron 2020-2021, 2021-2022 y 2022-2023, y se utilizaron datos de la campaña 2023-2024 para validar los resultados. En cada campaña, se realizaron ECRs en 36 localidades distribuidas en la región mencionada. Cada ECR se constituye por un número variable de bloques completos aleatorizados (BCA),

conteniendo cada BCA genotipos de maíz en etapas experimentales y comerciales del programa de mejoramiento.

3.2 Fuentes de datos

3.2.1 Datos Fenotípicos

Los datos fenotípicos contienen información de 43 híbridos de maíz, constituidos por un esquema de cruzas aleatorias entre 13 líneas parentales *elite* del grupo heterótico de madres y 19 líneas parentales *elite* del grupo heterótico padres (figura 3). Cada BCA estuvo constituido por parcelas de cuatro surcos por cuatro metros de largo para las primeras etapas del programa de mejoramiento, y de cuatro surcos por ocho metros de largo en el último año de testeo. Múltiples BCAs formaron parte de cada ECR, en números variables según la localidad y el año. En total se consideraron 349 bloques, los cuales suman un total de 27.490 parcelas. Para cada parcela se obtuvo un dato de rendimiento, medido en quintales por hectárea (qq/ha).

Las densidades de siembra de las parcelas sembradas tuvieron un rango desde 65.000 plantas por hectárea hasta 90.000 plantas por hectárea, variando a través de los ECRs, siendo similares para todos los BCA que conformaron cada uno de estos. La densidad de cada ECR se seleccionó a partir de datos históricos para maximizar el rendimiento por unidad de área.

Cada parcela fue fertilizada con nitrógeno, fósforo y una serie de micronutrientes de forma que no sean una limitante para la expresión del rendimiento. Durante el ciclo del cultivo las parcelas fueron mantenidas libres de plagas y malezas, de forma de minimizar el error experimental debido a estos factores. Todos los ensayos fueron realizados en secano, simulando las producciones comerciales de la zona. Las parcelas fueron cosechadas con maquinaria experimental para

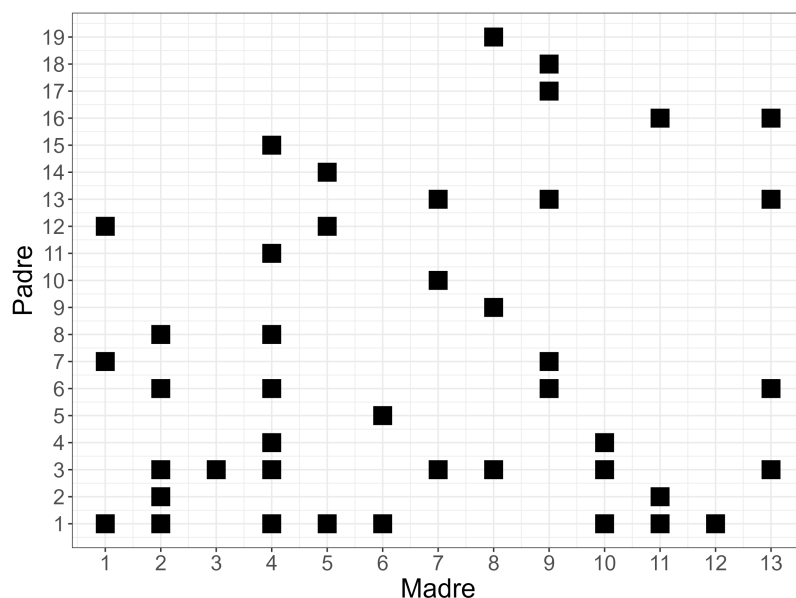


Figura 3: esquema de cruzamientos entre los grupos heteroticos de madres y de padres, los cuadrados negros indican las cruces incluidas en el estudio.

minimizar el error en la lectura de los resultados. El valor de rendimiento de cada parcela fue medido mediante balanzas de precisión y corregido a una humedad de 13.5% para su correcta comparación.

3.2.2 Datos Climáticos

Los datos climáticos se obtuvieron, casi en su totalidad, de estaciones meteorológicas ubicadas en cada ECR, y en una proporción menor (tres localidades durante una campaña agrícola) de datos satelitales a partir de técnicas de interpolación (Funk et al. 2015). Para cada variable, se obtuvieron datos diarios en cada BCA para 7 variables, y datos por ciclo completo para una variable, constituyendo una base de 1.646.224 datos totales. Las variables meteorológicas incluidas fueron: temperatura media diaria ($^{\circ}\text{C}$), temperatura máxima diaria ($^{\circ}\text{C}$), temperatura mínima diaria ($^{\circ}\text{C}$), número de días con temperaturas mayores a 34 grados (conteo), precipitaciones acumuladas durante el ciclo del cultivo (mm), humedad del suelo en los primeros

cinco centímetros para cada día (mm), humedad del suelo en los primeros 100 centímetros para cada día (mm) y evapotranspiración diaria (mm/día).

3.2.3 Datos Edáficos

Los datos edáficos se tomaron en puntos distribuidos al azar dentro de cada BCA previo a la siembra, totalizando 4165 datos. Por cada 2 hectáreas de cultivo se tomaron 25 submuestras representativas, marcando las coordenadas de cada sitio de muestreo, luego las submuestras fueron mezcladas formando una muestra compuesta. La cantidad de muestras compuestas que quedaron incluidas en cada BCA dependieron del tamaño del bloque, promediando 2.4 muestras por bloque. Estas fueron analizadas en 3 laboratorios de calidad certificada.

Los valores correspondientes a cada variable medida fueron promediados a través de las muestras compuestas, constituyendo un dato único de cada variable en todos los BCA incluidos en cada ECR. Las variables incluidas fueron: porcentaje de arcilla (%), porcentaje de limo (%), porcentaje de arena (%), PH y porcentaje de materia orgánica (%). Cabe mencionarse que los datos de textura (arcilla, arena y limo) no son independientes ya que la suma de las tres variables es igual a 100. De todas formas, esto no afecta la construcción de los *clusters* para definir los ambientes, sino que incrementa el peso de la textura del suelo en la definición de los mismos.

3.2.4 Datos de Marcadores Moleculares

Los datos de MM se obtuvieron de la base del programa de mejoramiento de maíz templado de Bayer, contando con datos para ambos grupos heteróticos de líneas parentales (madres y padres). Los híbridos (cruzas entre madres y padres) no fueron genotipados, pero fue posible

incluir covariancias entre híbridos (ver sección 4.3) utilizando la metodología propuesta por Technow et al. (2014). Los MM utilizados fueron del tipo SNP (por sus siglas en inglés *single nucleotide polymorphism*). Este tipo de MM es bialélico, y debido a que las bases se aparean de forma A-T o C-G, las posibles variantes para un SNP son AA, AT/TA, TT, ó, CC, CG/GC y GG. Los casos AA, TT, CC y GG corresponden a genotipos homocigotas, mientras que los casos AT/TA ó CG/GC se denominan heterocigotas. Esta información suele ser recodificada en valores 0, 1 y 2 para su uso en la generación de una matriz de parentesco, donde 0 representa el caso homocigota para el alelo de referencia (en este estudio el alelo de mayor frecuencia del SNP), 1 el caso heterocigota, y 2 el caso homocigota para el alelo alternativo. Para este trabajo, originalmente se cuenta con información de 29.123 MM, de los cuales luego de un proceso de control de calidad de datos (detallado en la sección 4), quedaron remanentes aproximadamente 25.000 MM con información útil.

A modo de resumen, para cada una de las fuentes de datos se obtuvo:

- Un dato de rendimiento por parcela, correspondiente al rendimiento de cada genotipo incluido en cada BCA.
- Un dato de precipitaciones totales en el ciclo del cultivo, común a todas las parcelas de cada BCA y todos los BCA de cada ECR.
- Un dato de cada una de las variables climáticas, común a todas las parcelas de cada BCA y a todos los BCA de cada ECR.
- Un dato promedio de cada una de las variables edáficas, común a todas las parcelas de cada BCA y a todos los BCA dentro de cada ECR.

- 25.000 MM con información útil de cada genotipo.

3.3 Recursos de Software

Los diferentes análisis incluidos en este trabajo se realizaron utilizando la versión 2023.12.0 del software R (R Core Team, 2023).

- Para la construcción de los *clusters* se utilizó la función “hclust” del paquete “Stats”, versión 4.1.3 (R Core Team, 2023).
- El armado de mapas de *clusters* se realizó mediante la función “leaflet” del paquete leaflet (Huang L, 2024).
- La recodificación de las matrices conteniendo datos de MM para cada genotipo a formato numérico, el control de calidad de los datos de MM recodificados, y el cálculo de las matrices genómicas obtenidas a partir de los datos de MM recodificados y con control de calidad, se obtuvieron mediante las funciones “snp.recode”, “qc.filtering” y “G.matrix” respectivamente. Estas funciones son parte del paquete ASRgenomics (Gezan S, de Oliveira AA, Galli G, Murray D, 2022).
- Para el ajuste de los modelos mixtos se utilizó el paquete ASReml-R (Butler, Cullis, Gilmour, Gogel, & Thompson, 2017).
- Los gráficos incluidos en el trabajo fueron construidos utilizando la función “ggplot” del paquete ggplot2 (Wickham H, 2016).

4 MÉTODOS

El esquema que se plantea para lograr los objetivos de este trabajo puede resumirse en una serie de pasos:

1. Generación de medidas resumen de las variables climáticas y edáficas.
2. Construcción de *clusters* como definición de ambiente.
3. Generación de matrices genómicas.
4. Definición de la estructura de variancia-covariancia entre ambientes en el efecto de interacción genotipo-ambiente.
5. Predicción del valor genético en cada ambiente.
6. Cálculo del índice de estabilidad I^2 .

4.1 Medidas resumen de las variables climáticas y edáficas

La incorporación de covariables climáticas para modelar la IGA puede darse de diferentes formas. En este trabajo se siguieron muchos de los conceptos desarrollados por Löffler et al. (2005), Heslot et al. (2014), Chapman et al. (2000b) y Velazco et al. (2020).

Una aproximación posible es incorporar directamente los datos diarios de cada variable como predictor en el modelo a ajustar, pero esto tiene desventajas en el contexto de los MLMs. Primero, se presentarían inconvenientes en relación a la convergencia del modelo, ya que el número de parámetros a estimar podría superar a la cantidad de datos disponibles para hacerlo. Segundo, al tratarse de un gran número de covariables correlacionadas entre sí, las cuales explican individualmente una porción mínima de la variancia, se dificulta la detección de

efectos significativos que mejoren la capacidad predictiva de los modelos. Tercero, no se espera una respuesta lineal del rendimiento ante estas variables, en especial las climáticas, por tener variaciones en períodos más cortos que las edáficas. El efecto en el rendimiento será diferente según la etapa fenológica del cultivo (ver anexo I para más detalles sobre etapas fenológicas de desarrollo del cultivo de maíz) en la que sucedan valores particulares, por ejemplo, un estrés por altas temperaturas tendrá efectos diferentes si el cultivo se encuentra en etapas vegetativas (por ejemplo, V4), o en etapas reproductivas (por ejemplo, R2) (Heslot et al. 2014).

Una aproximación para incluir covariables climáticas evitando los problemas planteados, es utilizar modelos de desarrollo de cultivos. Mediante estos modelos, se puede estimar la fecha en que cada BCA se encuentre en cada fase de desarrollo, y resumir los valores de cada covariable climática para cada fase particular. Estas medidas resumen son utilizadas como covariables para caracterizar los ambientes. Para este trabajo, sin embargo, se utilizó una aproximación simplificada.

La metodología para incluir las covariables climáticas consistió en estimar las fechas de inicio y final de intervalos de fases fenológicas del cultivo (datos no presentados), y promediar los valores de las variables climáticas en cada uno de éstos, de forma similar al trabajo realizado por Löffler et al. (2005). Dichos intervalos se definieron como vegetativo temprano [V1 – V6], vegetativo tardío (V6 – VT), floración [VT-R2] y llenado de granos (R2-R6]. Para la variable precipitaciones se utilizó el total en todo el ciclo del cultivo, debido a que las fechas de ocurrencia de cada evento de precipitación no pudo ser obtenida con precisión (las estaciones meteorológicas utilizadas acumulan datos de precipitaciones cada 30 minutos y los reportan al final del evento de forma acumulada, pero se reportaron casos donde precipitaciones mínimas,

hasta de 0.5 mm, ocasionaron corrimientos de las fechas importantes, lo cual dificulta comprender con exactitud en qué momento efectivamente se dieron las precipitaciones), considerándose entonces que la estimación de ocurrencia en cada fase fenológica del cultivo podía llevar a errores. El procedimiento dio lugar a 29 datos climáticos como resumen para cada BCA. Para los datos edáficos, se consideró que la menor variación esperada dentro del ciclo del cultivo no justificaba la separación en variables por estados fenológicos del cultivo.

Para completar la generación de la base de datos a utilizar de forma de definir el factor ambiente, se promediaron los datos de muestras compuestas de suelo para cada ECR (los que se suponen constantes a lo largo del ciclo del cultivo), adicionándose a las medidas resumen de datos climáticos. A diferencia de las variables climáticas, las variables edáficas no se separaron según los diferentes estados fenológicos del cultivo. La base resultante contuvo medidas resumen de 5 variables edáficas y 29 variables climáticas para cada BCA (detalladas en el anexo I). Estos, constituyeron la unidad observacional para la definición del factor ambiente, a través del uso de un algoritmo aglomerativo jerárquico que permitió identificar similitudes en el patrón de los datos.

4.2 Construcción de *clusters* como definición del factor ambiente

4.2.1 Medida de distancia y algoritmo utilizado para construir los *clusters*

La construcción de *clusters* de BCAs se realizó utilizando la base de datos con información de 5 variables relacionadas a la estructura y composición edáfica y 29 variables relacionadas a datos climáticos en distintas fases del ciclo del cultivo.

El primer paso fue la definición de una medida de distancia entre cada par de entidades a ser agrupadas. La medida elegida fue la distancia Euclidiana o métrica L2.

La distancia Euclidiana cumple con tres características principales: las variables son tomadas como tal, es decir, si una variable está expresada en metros y otra en kilos, entonces la métrica implica la suma de la potencia de una diferencia en metros y la potencia de una diferencia en kilos. Es por esto que las variables fueron estandarizadas a partir de la resta de su media y división por su desvío estándar, de forma que la magnitud de la escala sobre la cual están medidas no tenga un efecto sobre la determinación del agrupamiento. La segunda característica es que cada variable es tomada de manera lineal, por lo que formas como polinomios no son incluidas explícitamente. Por último, cada variable es tratada de forma independiente; la contribución de cada variable es la potencia de la diferencia entre los scores de dos datos y esto no depende del valor que hayan tomado los scores de las variables restantes (Anderberg, 1975).

El segundo paso fue seleccionar una metodología de agrupamiento. Para este estudio se utilizó el algoritmo de Ward (Ward, 1963 y Ward y Hook, 1963). Este algoritmo de agrupamiento jerárquico implica maximizar una función objetivo en cada paso. De manera equivalente, en este trabajo se procede a minimizar la suma de cuadrados de las desviaciones con respecto a la media de los grupos pre-formados, es decir, en cada paso el algoritmo tiene como objetivo encontrar aquellos agrupamientos cuya unión resulta en un mínimo incremento de la suma de cuadrados intra-grupo. Debido a esto, el algoritmo se define como aglomerativo, dando como resultando *clusters* anidados, lo que implica que una vez que dos entidades son agrupadas, dicha unión es permanente a través de todas las uniones subsiguientes hasta formar un único *cluster*. El procedimiento puede visualizarse fácilmente en un dendograma.

El resultado es entonces la formación de *clusters*, iniciando con K subconjuntos que en cada iteración del algoritmo se reducen a $K - 1$ subconjuntos mutuamente excluyentes considerando

todas las posibles uniones entre todos los pares posibles $K(K-1)/2$ que pueden ser formados, repitiendo esto hasta formar un único *cluster* conteniendo todas las entidades.

El algoritmo de Ward utilizado en este trabajo, cuyo objetivo es minimizar la suma de cuadrados de las desviaciones con respecto a la media de los grupos pre-formados, puede ser formalizado de la siguiente manera, definiendo:

- a_{bl}^k al valor de la l -ésima variable sobre el b -ésimo individuo del k -ésimo *cluster*, suponiendo que dicho *cluster* posee n_k individuos.
- c^k al centroide del *cluster* k , con componentes c_l^k , definido como el vector de medias del mismo.
- W_k a la suma de cuadrados de los errores del *cluster* k , es decir, la distancia euclídea al cuadrado entre cada individuo del *cluster* k a su centroide.
- W a la suma de cuadrados de los errores para todos los *clusters*.

$$W_k = \sum_{b=1}^{n_k} \sum_{l=1}^L (a_{bl}^k - c_l^k)^2 = \sum_{b=1}^{n_k} \sum_{l=1}^L (a_{bl}^k)^2 - n_k \sum_{l=1}^L (c_l^k)^2 \quad (1)$$

$$W = \sum_{k=1}^K W_k$$

La varianza conjunta intra-grupo está dada por el cociente W/K . Si se comienza con K grupos (cada grupo consistiendo en una observación, por lo tanto, $W = 0$), en cada iteración del algoritmo, el procedimiento será: reducir el número de grupos en uno, uniendo los dos grupos cuya combinación resulte en el menor aumento de W posible. Las iteraciones continúan hasta que las

uniones de $K - 1$ grupos den por resultado un único grupo conteniendo todas las observaciones.

4.2.2 Definición del número de *clusters*

Una de las principales características de los algoritmos de agrupamiento jerárquico es que no requieren a priori la definición del número de *clusters* a formar, sino que permiten definir este número mediante el análisis del proceso de agrupamiento completo. Una herramienta útil para definir la cantidad de *clusters* a utilizar bajo este contexto, es el uso de un dendograma, donde se grafica la distancia intra-grupo a través de todos los pasos de agrupamiento, desde que cada observación corresponde a un *cluster*, hasta formar uno conteniendo todas las observaciones. En la figura 4 se presenta un dendograma con datos no relacionados al trabajo, como ejemplo. Una vez construido el dendograma, se toma como punto de corte del árbol un valor de disimilaridad que conforme grupos conceptualmente significativos, como en este trabajo podrían representar ambientes con diferentes valores medios de las variables climáticas o edáficas, rendimientos medios contrastantes o variaciones en la ubicación geográfica.

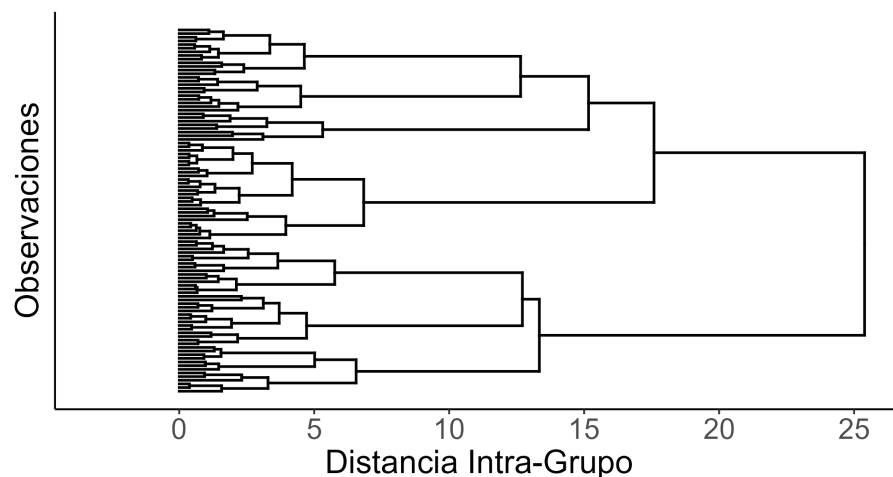


Figura 4: ejemplo de un dendograma, los datos contenidos en la figura fueron generados aleatoriamente.

4.2.3 Evaluación de los *clusters*

La caracterización de los *clusters* se realizó tanto por la distribución de variables que no fueron utilizadas para su construcción, como rendimiento en grano, ubicación geográfica, fecha de siembra y campaña, como por medidas resumen de las variables utilizadas para la generación de los mismos (Anderberg, 1975). Cada una de estas medidas se calculó para cada *cluster* y se comparó con los resultados de los demás. Se probaron diferentes valores de distancia como corte, y por lo tanto diferentes números de *clusters* formados, hasta lograr un valor que proporcione un número parsimonioso, pero que permita segregar ambientes claramente diferentes en cuanto a las variables utilizadas.

Definido el número de *clusters* a utilizar, queda establecido qué BCAs conforman cada uno, y es posible asignar a cada parcela, el *cluster* al cual corresponde, quedando así definido el factor ambiente.

4.3 Generación de matrices genómicas

Para este trabajo se contó inicialmente con información de 29.123 MM para cada uno de los parentales que componen los híbridos en estudio, siendo marcadores homocigotos por tratarse de líneas *elite* del programa de mejoramiento. Las matrices de MM fueron separadas en grupos heteróticos de madres y padres, de dimensiones n (individuos, madres o padres) $\times T$ (marcadores). Los datos se encuentran codificados inicialmente según las combinaciones bialélicas de los MMs, tal como lo explicado en la sección “materiales” (AA, GG, CC, etc), expresando qué variantes de los marcadores presentó cada parental.

Para incluir la información de parentesco entre los genotipos en el MLM ajustado, la información de MMs fue recodificada a los valores numéricos 0, 1 y 2, mediante la función “snp.recode” del paquete ASRgenomics (Gezan S. et al. 2022). Posteriormente, se realizó un control de calidad para cada MM, que consistió en remover los MMs monomórficos (aquellos cuya información es similar para una proporción alta de genotipos, y por lo tanto no contienen información valiosa para el trabajo). El valor de corte establecido fue del 95%. Posteriormente, se removieron aquellos MMs que contuvieran valores faltantes en más del 20% de los genotipos. Las matrices restantes tuvieron dimensiones de 26.569 x 13 (madres) y 24.116 x 19 (padres).

Aquellos MMs que cumplieran con las condiciones impuestas se utilizaron para estimar el grado de parentesco entre individuos, representado de ahora en adelante las matrices genómicas \mathbf{G}_M , \mathbf{G}_P y \mathbf{G}_H , para madres, padres e híbridos, respectivamente, incorporándose al modelo a presentar en la sección 4.5.2 (ecuación 25). Las matrices \mathbf{G}_M , y \mathbf{G}_P (generalizadas como \mathbf{G}) fueron construidas según el procedimiento que se puede encontrar detallado en VanRaden (2007), utilizando la función “G.matrix” del paquete ASRgenomics, el cual se puede sintetizar mediante:

$$\mathbf{G} = \frac{\mathbf{M}\mathbf{M}'}{2 \sum_{m=1}^T p_m(1-p_m)} \quad (2)$$

Donde:

- \mathbf{M} representa la matriz numérica centrada y estandarizada de MMs anteriormente recodificada: $\mathbf{M}_{im} = \frac{(s_{im}-2p_m)}{\sqrt{4p_m(1-p_m)}}$, con genotipos ($i = 1, \dots, g$) y marcadores ($m = 1, \dots, T$). s_{im} es el número de copias del alelo de menor frecuencia contenido en el genotipo i para el marcador m .

- p_m simboliza la frecuencia del alelo menos común para cada marcador m .

La matriz \mathbf{G} representa la variancia-covariancia genética entre individuos. Dos interpretaciones útiles que pueden realizarse a partir de esta matriz son: en primer lugar, los elementos de su diagonal representan el grado de homocigosis o endogamia de los individuos. En segundo lugar, los elementos no diagonales representan la covariancia genética entre cada par de individuos.

Los elementos de la matriz genómica de híbridos, G_H , fueron calculados tal como lo propuesto por Technow et al. (2014):

$$\mathbf{G}_H = \mathbf{G}_M \otimes \mathbf{G}_P \quad (3)$$

Donde \otimes representa el producto de Kronecker.

4.4 Definición de la estructura de variancia-covariancia entre ambientes en el efecto de interacción genotipo-ambiente

Definidas las matrices genómicas, que permiten considerar la estructura de parentesco entre genotipos en el MLM a ajustar, es necesario proponer una parametrización de la estructura de variancia-covariancia del factor ambiente, que permita contemplar la heterogeneidad en y entre estos. Esto es posible debido a que, si bien el efecto principal ambiente será considerado un efecto fijo en el modelo a ajustar, el efecto genotipo será considerado aleatorio, y por lo tanto la interacción genotipo-ambiente será un efecto aleatorio. Esto permite modelar la variancia intra-ambiente y covariancias entre-ambientes con una estructura particular. Para ello, se propone incorporar en el

MLM a ajustar una parametrización de *Factor Analytic* (FA). Numerosos antecedentes muestran la utilidad de este tipo de modelos en genética cuantitativa (Piepho 1998; Smith et al. 2001; Crossa et al. 2004; Burgueño et al. 2011, Smith y Cullis 2018). De Resende y Thompson (2004) postulan que permite una aproximación muy realista para analizar datos de ECRs. Smith et al. (2001) y Smith y Cullis (2018) reportaron como ventajas en su aplicación la capacidad de contemplar estructuras de variancia-covariancia complejas que provengan de bases de datos desbalanceadas. La aplicación de esta técnica aproxima la parametrización de las matrices de variancia-covariancia a una forma desestructurada, pero requiere estimar un menor número de parámetros, resultando en modelos parsimoniosos pero flexibles.

El uso de técnicas multivariadas como el análisis factorial permite simplificar el análisis de sets de datos multivariados correlacionados. Esto permite explicar la correlación entre un grupo numeroso de variables en términos de un número reducido de factores, los cuales no son observados y por lo tanto contienen errores aleatorios (Lawley y Maxwell, 1971; Mardia et al. 1988). El modelo se muestra con un ejemplo sencillo tomado de Spearman, (1904) para luego generalizarlo, la nomenclatura es tomada de Mardia et al. (1988).

Se supone un set de datos con 3 variables cuya matriz de correlación es:

$$\begin{pmatrix} 1 & 0.83 & 0.78 \\ & 1 & 0.67 \\ & & 1 \end{pmatrix} \quad (4)$$

Esta matriz puede reducirse de $p = 3$ a $p = 1$ expresando las tres variables como:

$$a_1 = \lambda_1 f + \mu_1, \quad a_2 = \lambda_2 f + \mu_2, \quad a_3 = \lambda_3 f + \mu_3, \quad (5)$$

Donde f es un factor latente común y λ_1 y λ_2 y λ_3 son cargas. Los términos μ_1 , μ_2 y μ_3 representan errores aleatorios. Cuanto menores sean estos errores, mayor correlación tendrá el factor común con las variables en cuestión. Generalizando este modelo a $k > 1$ factores:

$$\mathbf{a} = \Lambda \mathbf{f} + \mathbf{u} \quad (6)$$

Donde: Λ ($p \times k$) es una matriz de constantes y \mathbf{f} ($k \times 1$) y \mathbf{u} ($p \times 1$) son vectores aleatorios. Los elementos de \mathbf{f} son llamados factores comunes, mientras que los de \mathbf{u} son llamados factores únicos. Se supone, además:

$$E(\mathbf{f}) = \mathbf{0}, \quad V(\mathbf{f}) = \mathbf{I}, \quad E(\mathbf{u}) = \mathbf{0}, \quad C(\mu_i, \mu_j) = 0, \quad i \neq j, \quad C(\mathbf{f}, \mathbf{u}) = \mathbf{0}$$

La matriz de covarianza de \mathbf{u} puede representarse como $V(\mathbf{u}) = \Psi = \text{diag}(\psi_{11}, \dots, \psi_{jj})$, entonces Ψ es una matriz de dimensiones $p \times p$ con parámetros diferentes no negativos en los elementos diagonales.

Entonces, puede definirse:

$$a_i = \sum_{j=1}^k \lambda_{ij} f_j + u_i \quad (7)$$

Con $i = 1, \dots, p$, entonces:

$$E(a_i) = 0 \text{ y } Var(a_i) = \sigma_{ii}^2 = \sum_{j=1}^k \lambda_{ij}^2 + \Psi_{ii} \quad (8)$$

Donde el primer término equivale a la variancia de a_i que es compartida con las demás variables a través de los factores comunes, representando $\lambda_{ij}^2 = C(a_i, f_j)$ el nivel de dependencia de a_i al factor f_j . Por otro lado, Ψ_{ii} representa la variancia particular debida al factor único u_i , explicando la variabilidad en a_i que no es compartida con las demás variables.

La matriz de variancia-covariancia en notación matricial es definida como:

$$\Sigma = \Lambda\Lambda' + \Psi \quad (9)$$

Para el ejemplo mencionado anteriormente (donde $p = 3$ y $k = 1$), la matriz de correlación quedaría definida como:

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \lambda_1^2 + \psi_{11} & \lambda_1\lambda_2 & \lambda_1\lambda_3 \\ & \lambda_2^2 + \psi_{22} & \lambda_2\lambda_3 \\ & & \lambda_3^2 + \psi_{33} \end{bmatrix} \quad (10)$$

Para estimar Λ y Ψ (y por lo tanto $\Sigma = \Lambda\Lambda' + \Psi$) a partir de una matriz de variancia-covariancia \mathbf{S} , asumiendo normalidad, es posible utilizar máxima verosimilitud. Reemplazando \mathbf{u} por su estimador de máxima verosimilitud $\bar{\mathbf{u}} = \bar{\mathbf{x}}$, el logaritmo de la función de máxima verosimilitud es:

$$l = -\frac{1}{2} \times n \times \log|2\pi| - \frac{1}{2} \times n \times \text{diag}\Sigma^{-1}\mathbf{s} \quad (11)$$

Donde \mathbf{S} es la matriz de covariancia de la matriz de datos observados \mathbf{X} , cuya media muestral es $\bar{\mathbf{x}}$. Tomando Σ como función de Λ y Ψ , es posible maximizar la función de verosimilitud con respecto a Λ y Ψ . Los estimadores de máxima verosimilitud resultantes serán $\widehat{\Lambda}$ y $\widehat{\Psi}$, obteniendo $\widehat{\Sigma}$ de dimensiones $j \times j$.

La estructura de FA utilizada para este trabajo fue de $k = 1$ para el factor aleatorio asociado al ambiente dentro del término de interacción genotipo-ambiente, debido a que matrices con un mayor número de factores generaron problemas de convergencia del modelo debido al número de parámetros total a estimar. La estructura de covariancia fue estimada mediante máxima verosimilitud restringida, utilizando el algoritmo descrito en Thompson et al. (2003), implementado en el paquete ASReml-R (Butler, Cullis, Gilmour, Gogel, & Thompson, 2017).

4.5 Predicción del valor genético en cada ambiente

4.5.1 Modelos Lineales Mixtos

La fórmula general de los MLM para todos los individuos es (Bates et al. 2015):

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \boldsymbol{\epsilon}, \quad (12)$$

$$\mathbf{u} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{D})$$

$$\boldsymbol{\epsilon} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{R})$$

Donde \mathbf{Y} es un vector de la variable respuesta $n \times 1$:

$$\mathbf{Y} = \begin{pmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ \dots \\ Y_n \end{pmatrix} \quad (13)$$

\mathbf{X} es una matriz de diseño $n \times p$ conocida, que representa los valores conocidos de las p covariables para cada una de las n observaciones, asociando las observaciones a los efectos fijos. \mathbf{Z} es una matriz de diseño conocida, cuyas dimensiones son $n \times q$, representando los valores de las q covariables para cada una de las n observaciones, asociando las observaciones a los efectos aleatorios.

$$\mathbf{x} = \begin{pmatrix} X_1^{(1)} & X_1^{(2)} & \dots & X_1^{(p)} \\ X_2^{(1)} & X_2^{(2)} & \dots & X_2^{(p)} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ X_n^{(1)} & X_n^{(2)} & \dots & X_n^{(p)} \end{pmatrix} \quad \mathbf{z} = \begin{pmatrix} Z_1^{(1)} & Z_1^{(2)} & \dots & Z_1^{(q)} \\ Z_2^{(1)} & Z_2^{(2)} & \dots & Z_2^{(q)} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ Z_n^{(1)} & Z_n^{(2)} & \dots & Z_n^{(q)} \end{pmatrix} \quad (14)$$

β es un vector de dimensiones $p \times 1$ de efectos paramétricos no conocidos (efectos fijos), y \mathbf{u} es un vector $q \times 1$ de efectos aleatorios asociados a las q covariables de la matriz \mathbf{Z} .

$$\boldsymbol{\beta} = \begin{pmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_j \end{pmatrix} \quad \mathbf{u} = \begin{pmatrix} u_1 \\ u_2 \\ \vdots \\ u_q \end{pmatrix} \quad (15)$$

Los efectos aleatorios son variables aleatorias, para las cuales se asume una distribución normal con matriz de variancia-covariancia \mathbf{D} .

$$\mathbf{D} = \text{Var}(\mathbf{u}) = \begin{pmatrix} \text{Var}(u_1) & \text{Cov}(u_1, u_2) & \dots & \text{Cov}(u_1, u_q) \\ \text{Cov}(u_1, u_2) & \text{Var}(u_2) & \dots & \text{Cov}(u_2, u_q) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \text{Cov}(u_1, u_q) & \text{Cov}(u_2, u_q) & \dots & \text{Var}(u_q) \end{pmatrix} \quad (16)$$

$\boldsymbol{\varepsilon}$ es un vector $n \times 1$ de residuales

$$\boldsymbol{\varepsilon} = \begin{pmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_1 \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{pmatrix} \quad (17)$$

Se asume que los residuos siguen una distribución normal con media 0 y estructura de variancia-

covariancia \mathbf{R} .

$$\mathbf{R} = \text{Var}(\boldsymbol{\varepsilon}) = \begin{pmatrix} \text{Var}(\varepsilon_1) & \text{Cov}(\varepsilon_1, \varepsilon_2) & \dots & \text{Cov}(\varepsilon_1, \varepsilon_n) \\ \text{Cov}(\varepsilon_1, \varepsilon_2) & \text{Var}(\varepsilon_2) & \dots & \text{Cov}(\varepsilon_2, \varepsilon_n) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \text{Cov}(\varepsilon_1, \varepsilon_n) & \text{Cov}(\varepsilon_2, \varepsilon_n) & \dots & \text{Var}(\varepsilon_n) \end{pmatrix} \quad (18)$$

Tanto los parámetros correspondientes a los efectos fijos $\boldsymbol{\beta}$ como los parámetros de covariancia $\boldsymbol{\theta}_D$ y $\boldsymbol{\theta}_R$ relacionados a las matrices \mathbf{D} y \mathbf{R} , respectivamente, pueden ser estimados por máxima verosimilitud restringida (REML, por sus siglas en inglés).

La estimación por REML es un método para obtener estimadores de los parámetros desconocidos optimizando una función de verosimilitud. Para aplicarlo, inicialmente se establece la verosimilitud como una función de los parámetros en el modelo especificado, suponiendo normalidad en su distribución. Mediante REML, se obtienen estimaciones insesgadas de los parámetros de covariancia, ya que toma en cuenta la pérdida de grados de libertad por estimar los parámetros en $\boldsymbol{\beta}$.

La función de máxima verosimilitud para $\boldsymbol{\theta}$ y $\boldsymbol{\beta}$ se construye refiriéndolos a la distribución marginal de la variable dependiente, $\mathbf{y} \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}, \mathbf{ZDZ}' + \mathbf{R})$:

$$-2l(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\beta}, \mathbf{y}) = \log|\mathbf{V}| + (\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta})'\mathbf{V}^{-1}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}) + n\log(2\pi) \quad (19)$$

Debido a que los parámetros de covariancia $\boldsymbol{\theta}$ son desconocidos, se obtienen estimadores

insesgados a través de REML, mediante:

$$\times -2lREML(\boldsymbol{\theta}; \mathbf{y}) = \log|\mathbf{V}| + \log|(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X} + \mathbf{r}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{r} + n\log(2\pi)) \quad (20)$$

Un estimador de \mathbf{V} se puede obtener como:

$$\hat{\mathbf{V}} = \mathbf{Z}\hat{\mathbf{D}}\mathbf{Z}' + \hat{\mathbf{R}} \quad (21)$$

Y la estimación de los parámetros $\boldsymbol{\beta}$ (correspondiente a los efectos fijos) se puede obtener mediante:

$$\hat{\boldsymbol{\beta}} = (\sum \mathbf{x}'\hat{\mathbf{V}}^{-1}\mathbf{x})^{-1} \sum \mathbf{x}'\hat{\mathbf{V}}^{-1}\mathbf{y} \quad (22)$$

Finalmente, el principal interés es predecir los valores genéticos en cada ambiente. Si se considera a los genotipos como efectos aleatorios en el modelo, es posible predecir sus valores a partir de un vector de efectos aleatorios del MLM. Debido a que éstos no son parámetros de efectos fijos, sino realizaciones de una variable aleatoria para la cual se asume una distribución normal, el interés se centra en hacer predicción. Para esto, se utiliza la metodología del mejor predictor lineal insesgado empírico (EBLUP por sus siglas en inglés *empirical best unbiased predictor*) propuesto por Robinson (1991). Los valores son predichos calculando la esperanza condicional de los efectos aleatorios. La esperanza condicional para \mathbf{u}_i es:

$$\hat{\mathbf{u}}_i = E(\mathbf{u}_i | \mathbf{Y}_i = \mathbf{y}_i) = \hat{\mathbf{D}}\mathbf{Z}'_i\hat{\mathbf{V}}_i^{-1}(\mathbf{y}_i - \mathbf{X}_i\hat{\boldsymbol{\beta}}) \quad (23)$$

4.5.2 Modelo ajustado para estimar los EBLUPs

Para predecir los efectos asociados a los valores genéticos en cada ambiente, se utilizó la base de datos fenotípica conteniendo 27.490 datos a nivel parcela individual, incluyendo datos del genotipo correspondiente y ambiente (*cluster*) asignado. Se ajustó un MLM, probando especificaciones del modelo de diferente complejidad y llevando a cabo una selección por un criterio de bondad de ajuste, mediante el método desarrollado por Akaike, (1973). El modelo resultante incluyó efectos fijos para el factor ambiente, y efectos aleatorios para la interacción madre-ambiente, padre-ambiente, híbrido-ambiente, y BCAs anidados en los ambientes. El modelo se basó inicialmente en lo propuesto por Isik (2017). Luego, se extendió mediante la adición de las matrices genómicas descritas en la sección “Generación de matrices genómicas” y la estructura de variancia-covariancia FA(1) descrita en la sección “Definición de la estructura de variancia-covariancia entre ambientes en el efecto de interacción genotipo-ambiente”.

El MLM ajustado para este trabajo puede describirse en forma de ecuación como:

$$y_{jmphk} = \mu + \beta_j + (\alpha\beta)_{mj} + (\delta\beta)_{pj} + (\lambda\beta)_{hj} + \nu_{k(j)} + \epsilon_{jmphk} \quad (24)$$

Donde:

- y_{jmphk} representa la variable respuesta como el valor de rendimiento en el ambiente j , de

la madre m , padre p , híbrido h , en la repetición k .

- μ representa un intercepto común.
- β_j representa el efecto fijo del ambiente j .
- $(\alpha\beta)_{mj}$ representa el efecto aleatorio de interacción de la madre m en el ambiente j .
- $(\delta\beta)_{pj}$ representa el efecto aleatorio de interacción del padre p en el ambiente j .
- $(\lambda\beta)_{hj}$ representa el efecto aleatorio de interacción del híbrido h en el ambiente j .
- $\nu_{k(j)}$ representa el efecto aleatorio del BCA k anidado en el ambiente j .
- ϵ_{jmphk} representa el error residual.

En notación matricial, el modelo presentado en (25) puede reescribirse como:

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X}_J\boldsymbol{\beta}_J + \mathbf{Z}_M\mathbf{u}_M + \mathbf{Z}_P\mathbf{u}_P + \mathbf{Z}_H\mathbf{u}_H + \mathbf{Z}_{K(J)}\boldsymbol{\nu}_{K(J)} + \boldsymbol{\epsilon} \quad (25)$$

Donde:

- \mathbf{Y} representa un vector de la variable respuesta rendimiento.
- \mathbf{X}_J representa una matriz de incidencia que relaciona los datos fenotípicos con los ambientes.
- \mathbf{Z}_M representa una matriz de incidencia que relaciona la variable respuesta con el grupo heterótico madres en cada ambiente, \mathbf{u}_M representa el efecto aleatorio de interacción entre madres y ambiente, cuya distribución es $\mathbf{u}_M \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{D}_M = \boldsymbol{\Sigma} \otimes \mathbf{G}_M)$, donde $\boldsymbol{\Sigma}$ representa la matriz de correlación genética entre ambientes mencionada en la sección “Definición de la estructura de variancia-covariancia entre ambientes en el efecto de interacción genotipo-ambiente”.

- \mathbf{Z}_P representa una matriz de incidencia que relaciona la variable respuesta con el grupo heterótico padres en cada ambiente, \mathbf{u}_P representa el efecto aleatorio de interacción entre padres y ambiente, cuya distribución es $\mathbf{u}_P \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{D}_P = \Sigma \otimes \mathbf{G}_P)$.
- \mathbf{Z}_H representa una matriz de incidencia que relaciona la variable respuesta con los híbridos en cada ambiente, \mathbf{u}_H representa el efecto aleatorio de interacción entre híbridos y ambiente, cuya distribución es $\mathbf{u}_H \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{D}_H = \Sigma \otimes \mathbf{G}_H)$.
- \mathbf{G}_M , \mathbf{G}_P y \mathbf{G}_H representan las matrices genómicas para madres, padres e híbridos mencionadas en la sección “control de calidad y generación de matrices genómicas”, y Σ representa la matriz de correlación genética entre ambientes, \otimes representa el producto de Kronecker.
- El término $\mathbf{Z}_{K(j)}$ representa una matriz de incidencia de las repeticiones (BCAs) anidadas en los ambientes (*clusters*).
- $\nu_{K(j)}$ representa el efecto aleatorio de los BCA anidados en los ambientes (*clusters*), con $\nu \sim N(\mathbf{0}, \sigma_{k(j)}^2 \mathbf{I})$, al igual que lo explicado por Mumford et al. (2023), en este término se utilizó un σ^2 diferente para cada repetición, permitiendo ajustar variancias diferentes para cada uno de los BCAs que forman parte de un ambiente.
- El término ϵ representa el residuo cuya distribución se asume $\epsilon \sim N(\mathbf{0}, \sigma_e^2 \mathbf{I})$, donde ϵ se asumió homogéneo a través de las observaciones.

Las estimaciones de los parámetros se realizaron utilizando máxima verosimilitud restringida (REML), mediante el uso de la función “asreml” del paquete ASreml-R versión 3.0 (Butler, Cullis, Gilmour, Gogel, & Thompson, 2017).

Las predicciones de los EBLUPs se realizaron para el término de interacción híbrido por ambiente, siendo el objeto de interés en este estudio. Estas, se obtuvieron mediante la función “predict.asreml” del mismo paquete mencionado. En la función, se incluyó el término u_H como set de clasificación (para más detalles referirse a la sección “6.2.1: The prediction process”, del manual del paquete ASreml versión 3.0).

4.5.3 Evaluación de la capacidad predictiva del modelo

El MLM ajustado fue evaluado según su capacidad predictiva, medida ésta como la correlación de Pearson entre los valores observados (y) y los valores predichos (\hat{y}), y según el sesgo en las predicciones, medido como el coeficiente de la regresión entre los valores observados y los valores predichos, tal como lo propuesto por Velazco et al. (2020).

En la evaluación, se utilizó un esquema basado, aunque no similar, al propuesto por Malosetti et al. (2016), en el cual se simuló mediante validación cruzada, tres escenarios diferentes de predicción en situaciones comunes de los programas de mejoramiento, de dificultad creciente.

En el primer escenario de predicción (E1), se dividieron los datos de forma completamente aleatoria mediante la función “sample” del paquete base del software R, utilizando un 80% como conjunto de entrenamiento del modelo, y el 20% restante como conjunto de validación. Este procedimiento fue iterado 10 veces, obteniendo conjuntos de datos de entrenamiento, conjuntos de datos de validación, y predicciones en cada iteración.

En un segundo escenario (E2) se simuló la situación donde se pretende obtener predicciones en todos los ambientes para cada híbrido, pero solo se poseen datos fenotípicos para algunos ambientes. Este escenario simula una condición común, principalmente en etapas tempranas de

un programa de mejoramiento. Para esto, se seleccionaron híbridos de forma aleatoria en un muestreo sin repetición, y se removieron los datos fenotípicos (a nivel BCA) de dichos híbridos en uno de los ambientes (*cluster*) aleatoriamente. Esto fue iterado hasta conformar un conjunto de entrenamiento que contenga el 80% del total de los datos.

Por último, en un tercer escenario de predicción (E3), se simuló la situación donde se pretende predecir el comportamiento de híbridos que no hayan sido probados en ningún ambiente (no se dispone de datos fenotípicos), pero para los cuales se cuenta con información de MMs. Para esto, en cada iteración se removió de forma aleatoria el 20% de los híbridos del estudio (9 genotipos), utilizando posteriormente los datos de éstos como conjunto de datos de validación.

4.6 Cálculo del índice de estabilidad I^2

4.6.1 Definición del índice I^2

Heslot et al. (2014) define la estabilidad como la variancia en la predicción del efecto genotipo-ambiente, para cada genotipo. El estimador de la heterogeneidad en el rendimiento de genotipos ante cambios ambientales elegido en este trabajo se asemeja a ese tipo de definición. Dicho estimador fue el índice I^2 , desarrollado por Higgins y Thompson (2002). Este índice está basado en la estadística Q (Cochran, 1945), utilizada comúnmente en trabajos de meta-análisis para analizar la presencia de posible heterogeneidad entre los efectos detectados en diferentes trabajos publicados de un tema particular.

En el contexto de un meta-análisis, el estadístico Q es calculado como la suma de las desviaciones al cuadrado entre cada efecto estimado (correspondiente en un meta-análisis

al resultado de un estudio particular) y el efecto general a través de estudios, ponderando cada estudio particular por la inversa de la raíz cuadrada de su variancia. Bajo la hipótesis de homogeneidad a través de los diferentes estudios, el estadístico Q tiene una distribución chi-cuadrado con $j-1$ grados de libertad (donde j es la cantidad de estudios incluidos).

Bajo el contexto de este trabajo, Q representa la suma de las desviaciones al cuadrado entre las predicciones realizadas para un genotipo en particular en cada uno de los ambientes, y el efecto general a través de todos los ambientes J , ponderando cada predicción en un ambiente específico j por la inversa de la raíz cuadrada de su variancia. Formalmente:

$$Q_h = \sum_{j=1}^{J_h} w_{jh} (T_{jh} - \bar{T}_h)^2 \quad (26)$$

Donde:

- w_{jh} representa la ponderación asignada a cada genotipo h en cada ambiente j .
- J_h representa el número total de ambientes J para el híbrido h .
- \bar{T}_h se define como:

$$\bar{T}_h = \frac{\sum_j w_{jh} T_{jh}}{\sum_j w_{jh}} \quad (27)$$

Y:

- T_{jh} se corresponde con el EBLUP o predicción del genotipo h en el ambiente j calculado

como: $\widehat{T}_{jh} = \widehat{(\alpha\beta)}_{mj} + \widehat{(\delta\beta)}_{pj} + \widehat{(\lambda\beta)}_{hj}$ del modelo detallado en (25).

- $w_{jh} = \frac{1}{\sqrt{\widehat{\sigma}_{mj}^2 + \widehat{\sigma}_{pj}^2 + \widehat{\sigma}_{hj}^2}}$, (asumiendo independencia entre efectos aleatorios), donde $\widehat{\sigma}^2$ se corresponde con la variancia de cada EBLUP calculado.

El índice I^2 puede ser calculado como:

$$I_h^2 = \begin{cases} \frac{Q_h - (J_h - 1)}{Q_h} & \text{para } Q_h > (J_h - 1) \\ 0 & \text{para } Q_h \leq (J_h - 1) \end{cases} \quad (28)$$

I^2 representa el porcentaje de heterogeneidad debida a variaciones entre estudios, tomando valores entre 0 a 100%. Los autores del índice mencionan como puntos de corte (arbitrarios) los límites entre cuartiles (25%, 50% y 75%) indicando categorías de poca (0%-25%), baja (25%-50%), media (50%-75%) y alta (75%-100%) heterogeneidad entre estudios. En el contexto de la medición de ER, I^2 representa la heterogeneidad en el rendimiento de cada genotipo debida a variaciones entre ambientes, y las categorías mencionadas representan los niveles de riesgo de obtener rendimientos diferentes a una media esperada debido a variaciones en el ambiente (tanto positivos como negativos). Un ejemplo del cálculo de I^2 para un genotipo es detallado en el Anexo III.

4.6.2 Relación entre I^2 y el rendimiento medio

Un punto de interés para evaluar la utilidad del uso del índice I^2 es su relación con el rinde promedio de los genotipos a través de todos los ambientes. Otras metodologías de cálculo de la

ER han sido criticadas por diversos autores por presentar una relación directa con el rendimiento medio (Fasahat et al. 2015), poniendo en duda su utilidad, ya que en presencia de dicha relación el uso del índice no agrega información nueva para el proceso de selección.

Para analizar esto, se calculó el rendimiento medio de cada genotipo utilizando la totalidad de los datos, y se estimó la regresión entre los valores medios y el índice I^2 .

4.6.3 Evaluación de la capacidad predictiva del índice I^2

Además de la utilidad que puede brindar el índice de ER I^2 en resumir el comportamiento de los genotipos probados a campo a través de los ambientes explorados, es posible que sea de interés predecir los valores de I^2 en ambientes para los cuales no se tengan datos fenotípicos. Para esto, se evaluó la capacidad predictiva lograda en una campaña agrícola que no se haya incluido en el ajuste del MLM y en el cálculo del índice.

Para realizar la evaluación de la capacidad predictiva, se utilizaron datos de la campaña agrícola 2023-2024, la cual no fue incluida en el ajuste del MLM. En primer lugar, se utilizó la información edáfica y climática de la nueva campaña agrícola, de forma de construir las variables tal como lo detallado en el apartado 4.1. En un segundo paso, se utilizaron las variables generadas en un análisis discriminante (datos no presentados), definiendo para cada BCA de la nueva campaña la pertenencia a uno de los ambientes (*clusters*) definidos previamente. El análisis discriminante se realizó utilizando la función "lda" del paquete "MASS", versión 7.3-65 (Ripley et al. 2013). Definidos los ambientes a los que pertenecieron cada uno de los BCA, se calculó la variabilidad del rendimiento de cada genotipo, medida como el desvío estándar de los rendimientos medios de cada ambiente. Finalmente, utilizando la regresión entre los valores de

I^2 calculados a partir del modelo de predicción y los errores estándar del rendimiento observado en la nueva campaña, se obtuvo una evaluación de la capacidad predictiva del índice calculado.

5 RESULTADOS

5.1 Variables climáticas y edáficas

La información climática y edáfica de cada uno de los 349 BCAs fue resumida tal como lo explicado en la sección “métodos”. Los resultados pueden visualizarse en la tabla 1 para los primeros 7 BCAs y una muestra de variables acotada. La tabla 1, estandarizada a un valor medio de cero y desvío estándar de una unidad, fue utilizada como información de entrada para generar los *clusters*.

BCA	Arcilla (%)	Limo (%)	Arena (%)	Temperatura Media Siembra-V1 (°C)	Temperatura Media V1-V8 (°C)	...	Precipitaciones Acumuladas (mm)
1	15.90	20.00	64.10	19.45	18.37	...	328.58
2	21.10	40.69	38.20	21.42	22.34	...	400.43
3	8.60	11.20	80.20	22.36	24.65	...	301.86
4	14.80	32.10	53.10	16.32	17.36	...	392.92
5	12.30	68.00	19.70	25.05	26.02	...	416.94
6	18.70	40.90	40.40	18.56	18.16	...	382.26
7	21.90	71.20	6.90	22.06	23.68	...	331.44
...

Tabla 1: primeras 7 líneas de la matriz conteniendo las medidas resumen de datos edáficos y climáticos de cada BCA.

5.2 Construcción de *clusters*

Una vez aplicado el algoritmo de Ward a la matriz de distancias Euclidianas calculadas entre todos los pares de valores climáticos y edáficos, se procedió a construir un dendograma con el objetivo de visualizar posibles valores de similaridad a utilizar como puntos de corte, de forma de definir un número de *clusters* a caracterizar. La figura 5 muestra el dendograma obtenido, los

colores indican las agrupaciones resultantes al aplicar un valor de corte que forme nueve *clusters* diferentes.

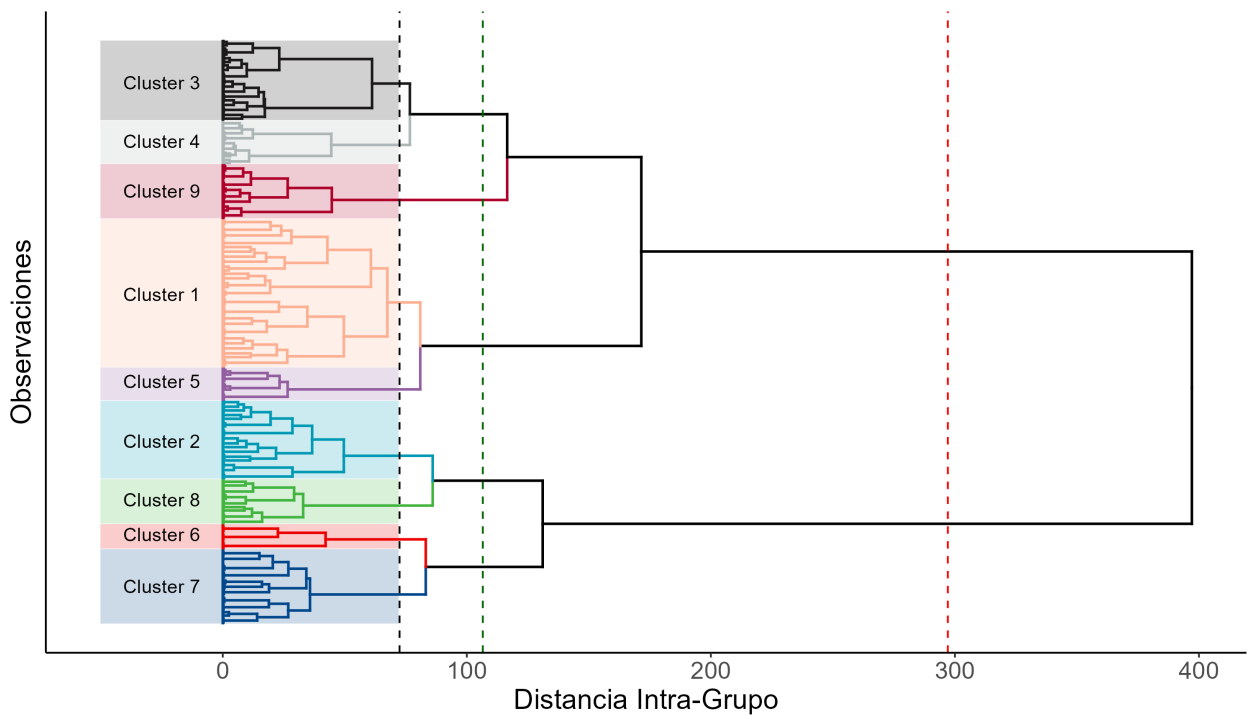


Figura 5: dendrograma resultante de aplicar el algoritmo de Ward a los datos climáticos y edáficos de cada BCA, las líneas punteadas marcan valores de corte utilizados. Los rectángulos en colores muestran los *clusters* resultantes.

5.2.1 Caracterización de los *clusters* en base a variables externas

La primera herramienta utilizada para caracterizar los *clusters* consistió en resumir la pertenencia de las observaciones (BCAs en localidades y campañas agrícolas) contenidas en cada grupo a fechas de siembra, campañas o sub-regiones geográficas puntuales.

Pueden observarse, por la longitud de las conexiones entre nodos de la figura 5, dos grupos muy diferenciados de ambientes (división a partir de la primera línea entrecortada observando el gráfico de derecha a izquierda). Esto pudo ser explicado completamente por la fecha de siembra,

la cual se definió como temprana para siembras previas o iguales al 20 de noviembre y tardía para siembras posteriores a esta fecha. El grupo que se encuentra ubicado en la parte superior del gráfico se correspondió con fechas de siembra tempranas (*clusters* 1, 3, 4, 5 y 9) y el grupo ubicado en la parte inferior se correspondió con fechas de siembra tardías (*clusters* 2, 6, 7 y 8).

En el punto de corte que forma cinco *clusters*, estos quedaron diferenciados por fecha de siembra y por las diferentes campañas agrícolas, aunque no de forma completamente homogénea. Como ejemplos, los *clusters* 5, 6 y 7 contuvieron BCAs exclusivamente provenientes de la campaña 2021-2022, y los *clusters* 8 y 9 representan ensayos únicamente de la campaña 2022-2023. Otros *clusters* quedaron conformados por BCAs provenientes de distintas campañas agrícolas (1, 2, 3 y 4). Esta subdivisión corresponde a la distancia indicada por la segunda línea entrecortada.

Cuando se agruparon los BCAs en nueve *clusters* diferentes, estos quedaron conformados por grupos relativamente homogéneos en cuanto a fecha de siembra y campaña, y con patrones, aunque no claros, por región geográfica (ver anexo II). Divisiones que dieran lugar a un número mayor que 9 *clusters* resultaron en agrupaciones con pocas observaciones, por lo que se decidió conservar este número para representar a los ambientes que se dieron en las campañas y regiones que fueron incluidas en el estudio. La tabla 2 resume los resultados obtenidos.

Cluster	FS Temprana (%)	FS Tardía (%)	Campaña 2020-2021 (%)	Campaña 2021-2022 (%)	Campaña 2022-2023 (%)	n (BCAs)
1	100	0	22.50	29.20	48.30	89
2	0	100	80.90	0.00	19.10	47
3	100	0	52.10	47.90	0.00	48
4	100	0	46.20	53.80	0.00	26
5	100	0	0.00	100.00	0.00	19
6	0	100	0.00	100.00	0.00	15
7	0	100	0.00	100.00	0.00	45
8	0	100	0.00	0.00	100.00	27
9	100	0	0.00	0.00	100.00	33

Tabla 2: caracterización de los clusters en cuanto al porcentaje de ambientes en fechas de siembra (FS) temprana (previas o iguales al 20 de noviembre) o tardías (posteriores al 20 de noviembre) y campaña agrícola.

Una variable de interés es la distribución de la media de rendimiento de los BCAs contenidos en cada *cluster*. La tabla 3 y la figura 6 muestran las distribuciones para cada *cluster*, ordenados por la media de rendimiento de forma descendente. Los rendimientos observados se dividieron en tres categorías.

Puede observarse que el *cluster* 5 tuvo el mayor rendimiento medio, con valores casi en su totalidad perteneciendo a la categoría superior de rindes, y presentando una baja variación en los mismos. Los *clusters* 2, 3 y 4 tuvieron rendimientos medios a altos, con una variación mayor que el *cluster* 5. Los *clusters* 6 y 7 tuvieron rendimientos intermedios, con una variación baja (solo el *cluster* 5 tuvo variaciones de rendimiento menores). El *cluster* 1 presentó los ambientes de mayor variación en el rendimiento, representando un tipo de ambiente muy heterogéneo en cuanto a los rendimientos medios observados. El *cluster* 8 presentó rendimientos medios, con una variación alta, y el *cluster* 9 contuvo BCAs de rindes bajos y variaciones altas. Estos resultados se resumen en la tabla 3.

Cluster	Rendimiento Medio (qq/ha)	Desvío Estándar (qq/ha)	n (BCAs)
5	143.50	9.50	19
4	137.70	25.20	26
3	135.50	21.30	48
2	134.10	18.80	47
6	125.30	11.30	15
7	122.50	13.00	45
1	117.30	31.90	89
8	107.60	29.90	27
9	78.20	21.00	33

Tabla 3: rendimientos medios y su desvío estándar para cada cluster.

5.2.2 Caracterización de los *clusters* en base a las variables utilizadas para su construcción

El siguiente paso en la caracterización de los *clusters*, fue describir la distribución de valores de las variables climáticas y edáficas con las cuales se construyeron. Los resultados se muestran en orden de media de rendimiento.

La figura 7 muestra los valores de precipitaciones acumuladas en cada *cluster*. Puede observarse que las precipitaciones fueron mayores en los *clusters* de mayor rendimiento medio, y menores en aquellos con ambientes de bajo rendimiento, lo cual es el resultado esperado. El *cluster* 5, de mayores rendimientos, se caracterizó por tener una alta acumulación de milímetros en promedio, mientras que los *clusters* 8 y 9 tuvieron precipitaciones de medias a bajas (8), y bajas en general (9).

Otra de las variables climatológicas medidas fue la cantidad de días con temperaturas mayores a 34 grados, tomado como una representación del posible estrés térmico sufrido por el

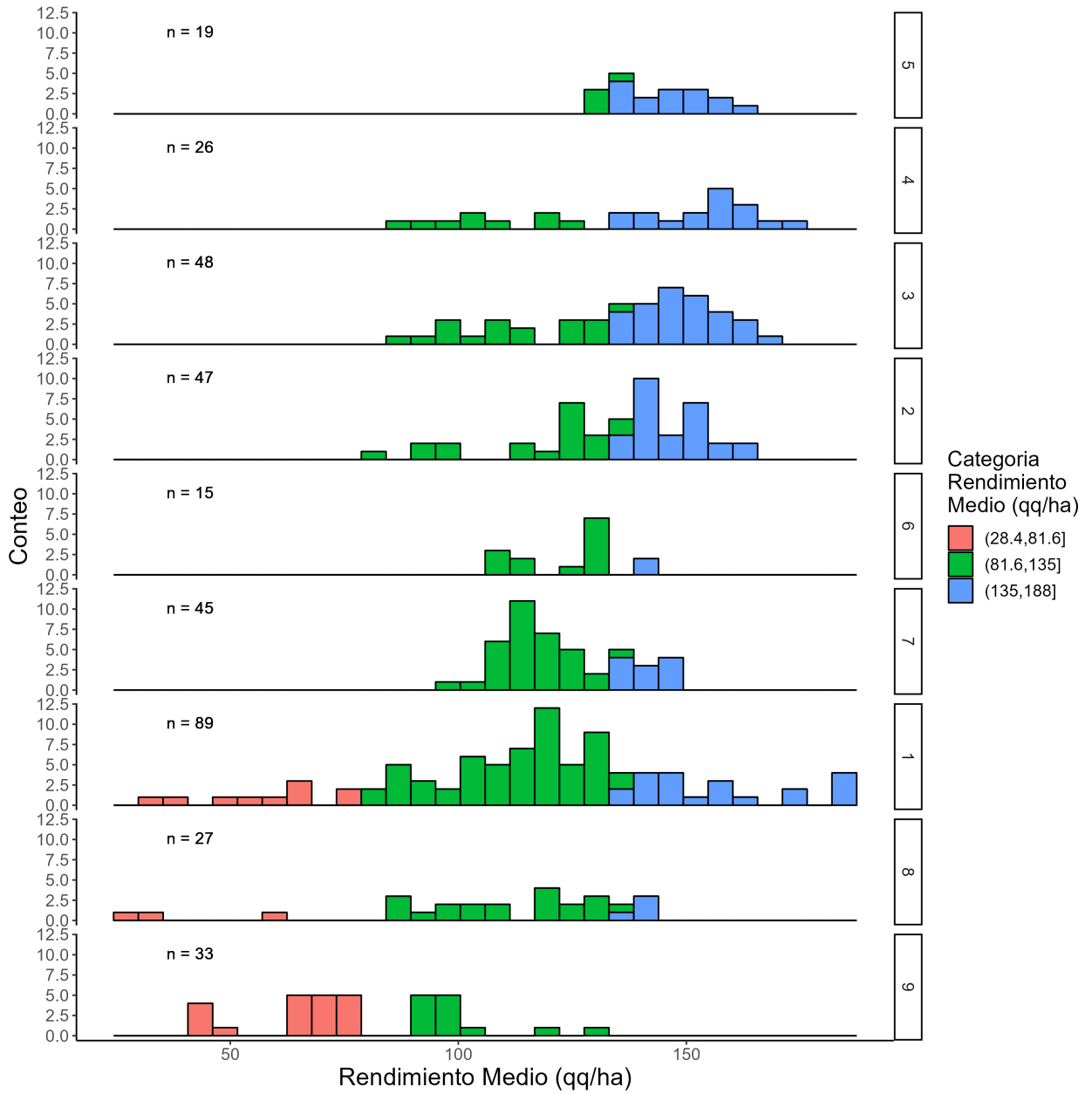


Figura 6: distribución del rendimiento medio de los BCAs (qq/ha) en cada cluster construido, los colores representan las categorías de rendimiento de cada BCA.

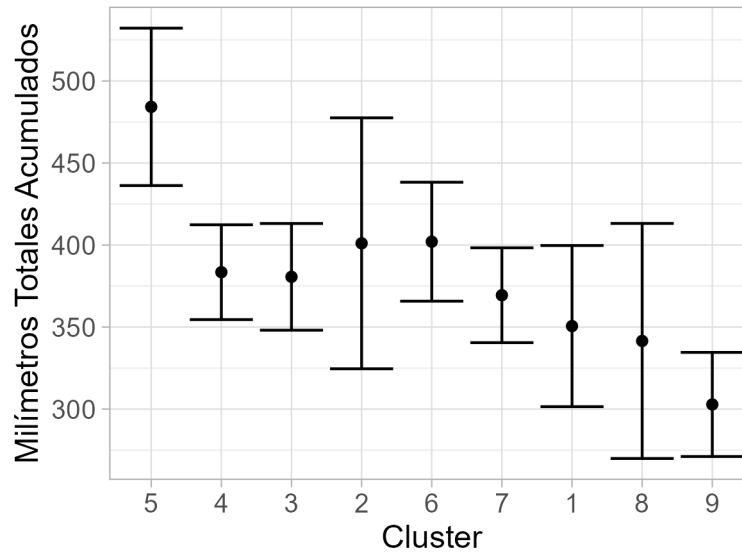


Figura 7: milímetros de lluvia acumulados durante el período de crecimiento del cultivo para cada cluster (ordenados de mayor a menor rendimiento promedio).

cultivo. La figura 8 muestra el conteo de días con dichas temperaturas en cada una de las fases fenológicas del cultivo.

Puede observarse que solo el *cluster* 8 representa ambientes con temperaturas supra-óptimas durante emergencia. Los *clusters* 2, 6 y 7, que representan fechas de siembra tardías, tuvieron un conteo alto de días con temperaturas supra-óptimas en las etapas vegetativos (V1-VT). El *cluster* 6 se caracterizó por tener pocos días con temperaturas estresantes en etapas críticas del cultivo (VT-R2), mientras los *clusters* 1, 3, 8 y 9 tuvieron más de 20 días con estrés térmico en este mismo período. Por último, en las etapas R2 a R6, los *clusters* 6 y 7 tuvieron pocos días con estrés térmico, los *clusters* 2 y 5 se mantuvieron con un conteo bajo, los *clusters* 1, 3 y 4 tuvieron entre 15 y 20 días con estrés térmico en promedio, y los *clusters* 8 y 9 tuvieron la mayor cantidad de días con temperaturas altas, superando los 20 días con temperaturas estresantes para el cultivo en todos los BCAs que los componen.

Una variable que caracteriza de manera importante al ambiente que experimenta un cultivo

de maíz es la evapotranspiración. La figura 9 muestra los resultados de evapotranspiración diaria promedio para los ensayos incluidos en cada uno de los *clusters*, divididos por etapas del cultivo.

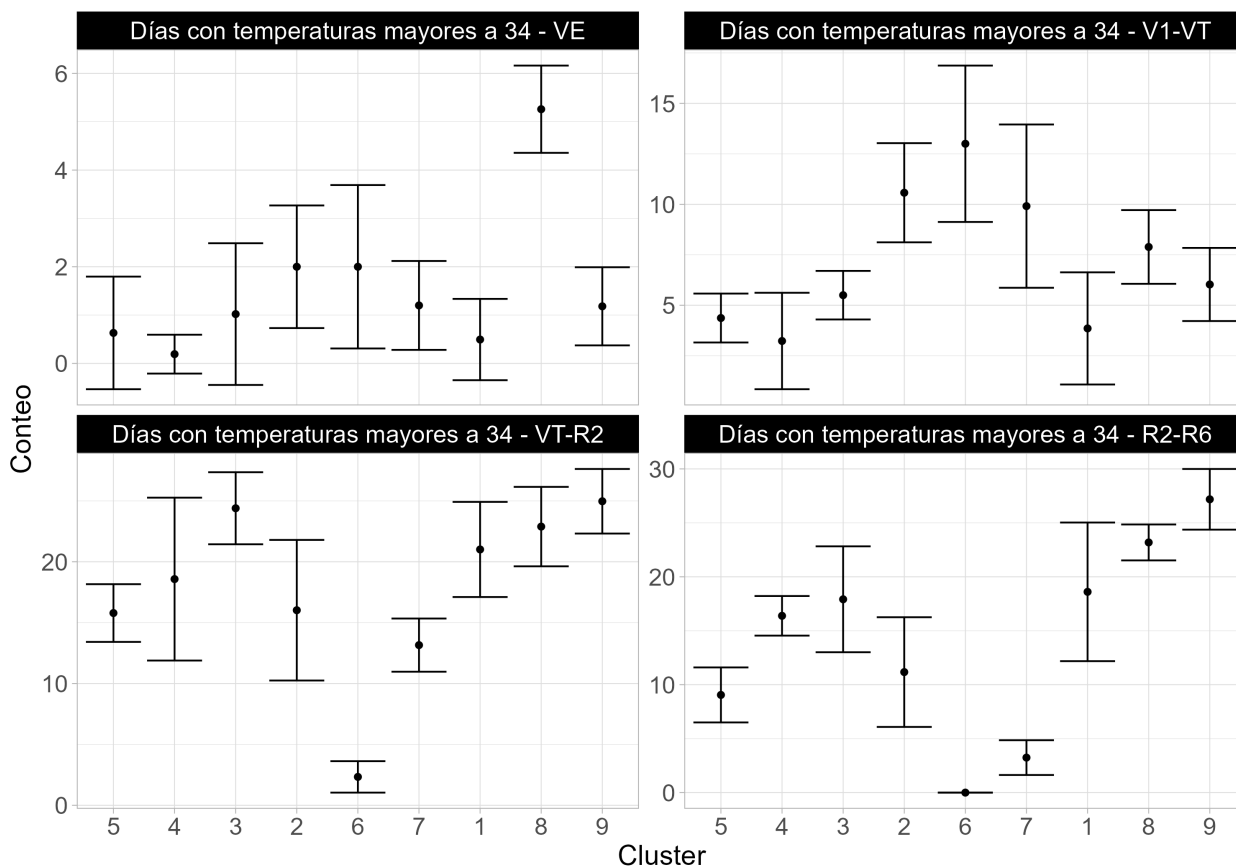


Figura 8: cantidad de días con temperaturas máximas mayores a 34 grados celsius en los diferentes estadios del cultivo, en cada cluster (ordenados de mayor a menor rendimiento promedio).

Los resultados muestran que los *clusters* 3, 4 y 5 tuvieron una tasa de evapotranspiración diaria promedio alta a través de todo el ciclo del cultivo, mientras que los *clusters* 8 y 9 tuvieron bajas tasas en general, y particularmente durante los periodos V1-V6 (ambos), VT-R2 (*cluster* 9) y R2-R6 (*cluster* 8).

Las siguientes figuras resumen los valores tomados por las variables relacionadas a la temperatura durante el ciclo del cultivo. Puede observarse en las figuras 10 y 11 que durante las primeras fases del cultivo (V1-V6 y V6-VT) los *clusters* 5, 4, 3 y 1 tuvieron en general menores

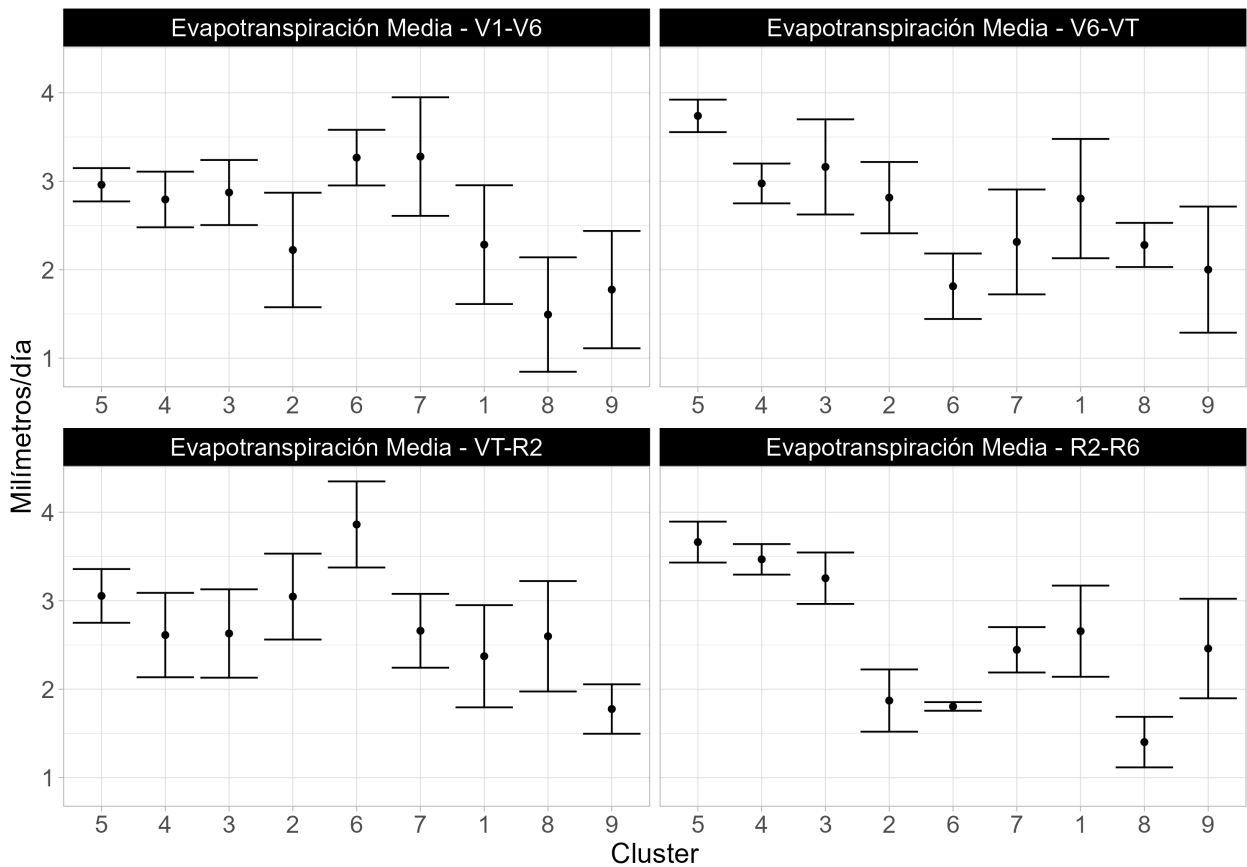


Figura 9: tasa de evapotranspiración diaria promedio en los diferentes periodos del cultivo, en cada cluster (ordenados de mayor a menor rendimiento promedio).

temperaturas medias, mínimas medias y máximas medias, los *clusters* 6 y 7 tuvieron en general las mayores temperaturas medias y los *clusters* 2, 8 y 9 variaron en valores intermedios.

Las temperaturas medias durante la fase VT-R2 se caracterizaron por ser particularmente bajas en el *cluster* 6, altas en los *clusters* 3, 1, 8 y 9 e intermedias en los *clusters* 5, 4, 2 y 7 (figura 12).

Para el intervalo R2-R6, las temperaturas fueron también bajas para los *clusters* 2, 6 y 7, intermedias para los *clusters* 5, 4, 3, 1 y 8, y los valores más altos se observaron en el *cluster* 9. Los resultados se presentan en la figura 13.

Además de las variables meteorológicas, los ambientes fueron definidos por variables

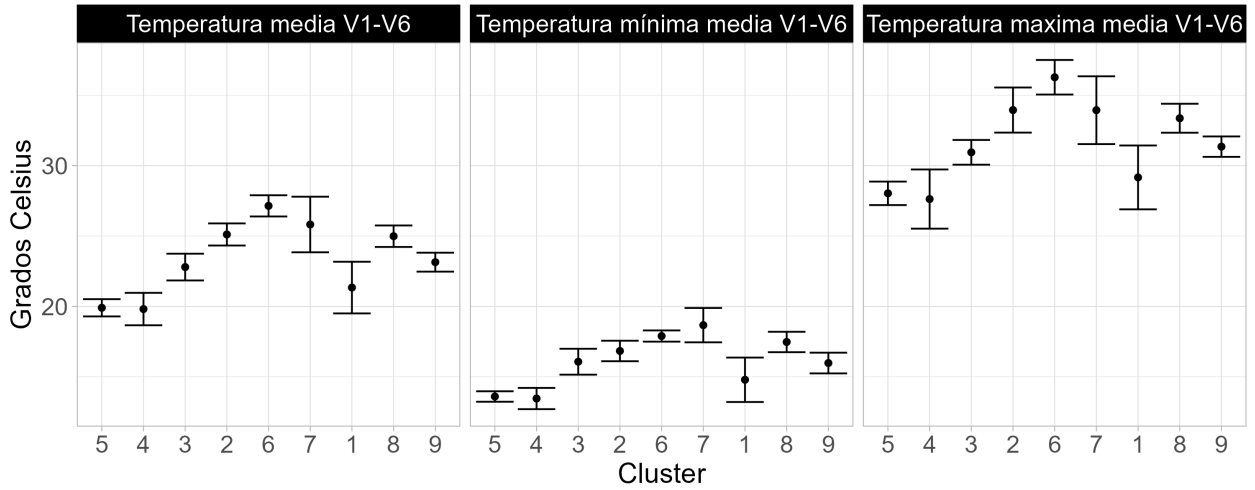


Figura 10: temperatura media, mínima media y máxima media durante las primeras fases (V1-V6) del cultivo, en cada cluster (ordenados de mayor a menor rendimiento promedio).

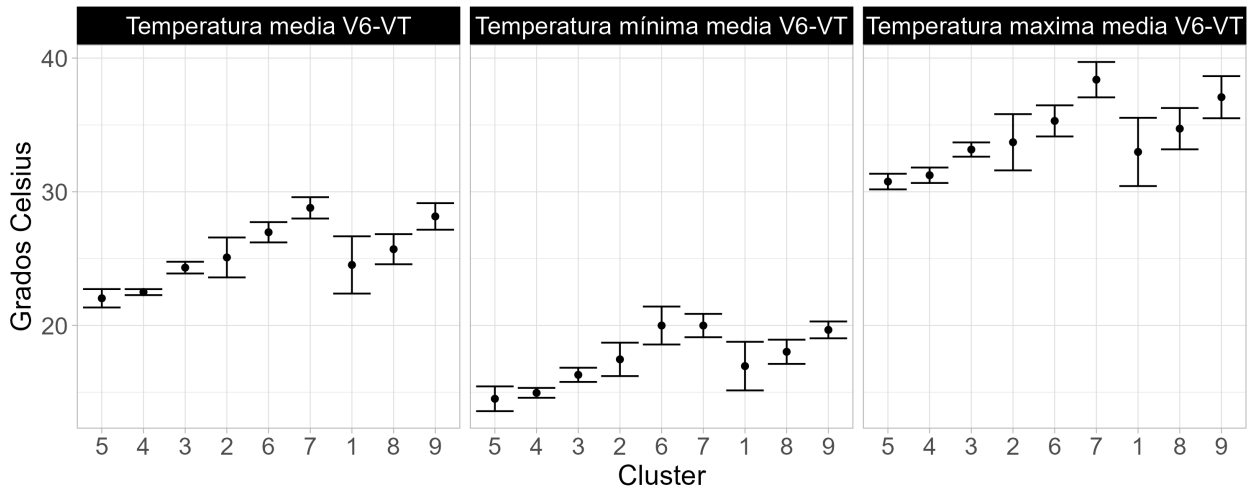


Figura 11: temperatura media, mínima media y máxima media durante las fases V6 a VT del cultivo, en cada cluster (ordenados de mayor a menor rendimiento promedio).

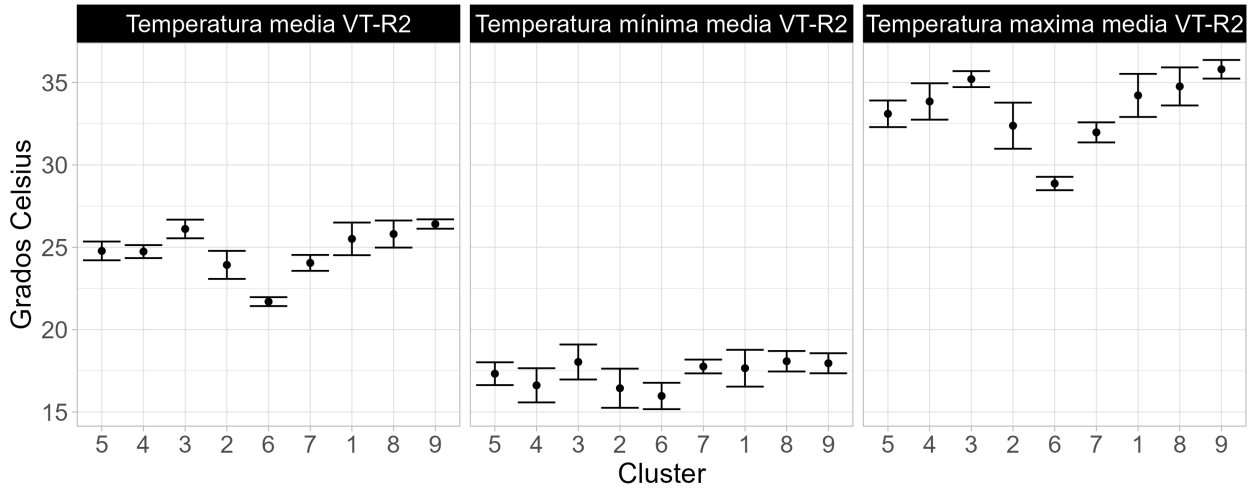


Figura 12: temperatura media, mínima media y máxima media durante las fases VT a R2 del cultivo, en cada cluster (ordenados de mayor a menor rendimiento promedio).

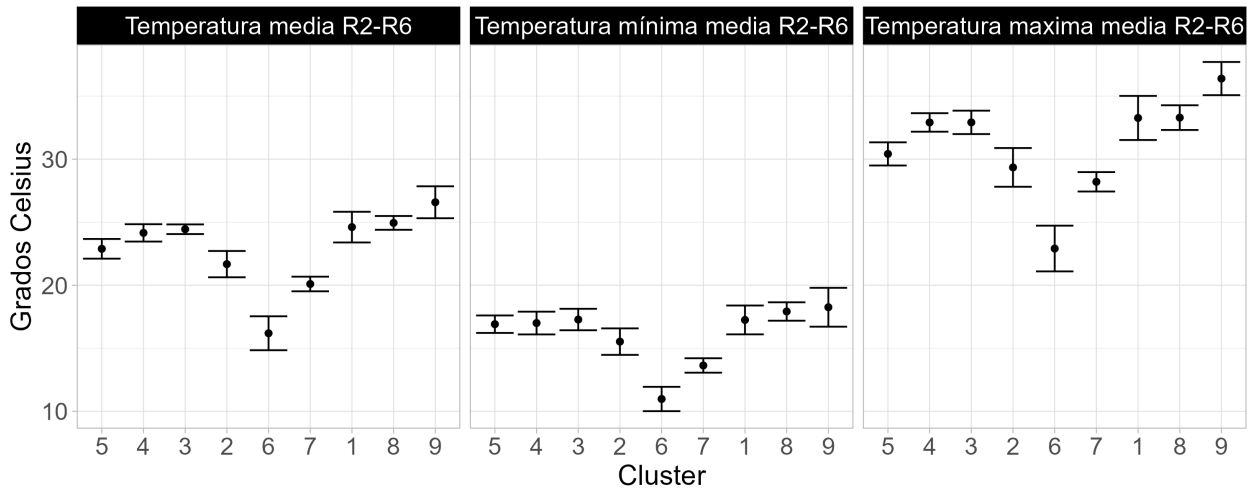


Figura 13: temperatura media, mínima media y máxima media durante las fases R2 a R6 del cultivo, en cada cluster (ordenados de mayor a menor rendimiento promedio).

edafológicas, la figura 14-a resume los valores de materia orgánica adoptados por los diferentes *clusters*. Si bien los valores presentaron un rango acotado, puede destacarse el alto contenido de materia orgánica presente en los ambientes de los *clusters* 4 y 9, y los bajos contenidos de la misma en los *clusters* 2, 7, 1 y 8, presentando los *clusters* 5, 3 y 6 valores intermedios.

La figura 14-b resume los valores de PH promedio para cada *cluster*. Se observa que los *clusters* 5, 4, 3 y 9 contienen ambientes de PH más bajos (entre 5.7 y 6.4) mientras que los ambientes 2, 6, 7, 1 y 8 tuvieron valores de PH mayores (llegando a valores cercanos a 7).

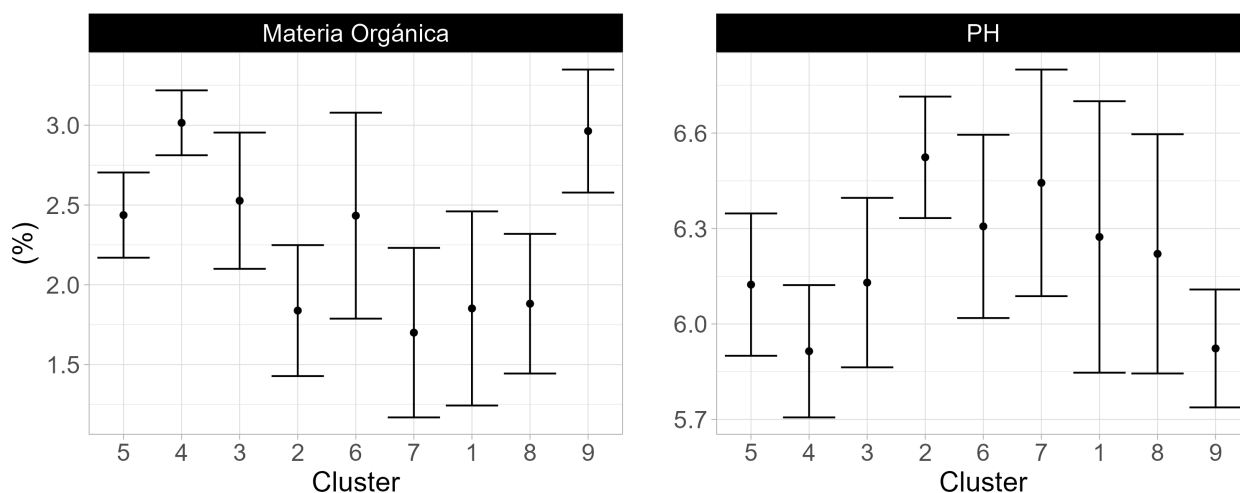


Figura 14-a: contenido de materia orgánica (%) del suelo (izquierda) y figura 14-b: PH del suelo (derecha), en cada *cluster* (ordenados de mayor a menor rendimiento promedio).

En cuanto a las variables de textura del suelo, puede observarse en la figura 15 los diferentes porcentajes de arcilla, limo y arena presentes en cada *cluster*. El *cluster* 5 se caracterizó por ser un suelo de textura arenosa, los suelos de los *clusters* 4, 3 y 9 contienen mayores porcentajes de arcilla y limo (especialmente el *cluster* 9) y menor porcentaje de arena, y los *clusters* 2, 6, 7, 1 y 8 tienen predominantemente texturas franco-arenosas.

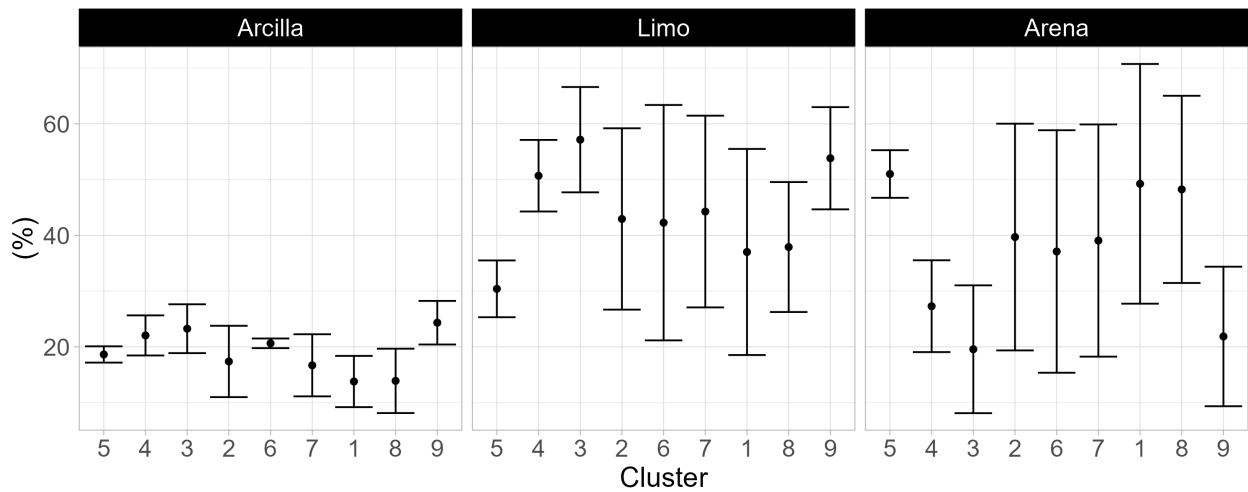


Figura 15: porcentajes de arcilla, limo y arena presente en los ambientes que conformaron los clusters (ordenados de mayor a menor rendimiento promedio).

5.2.3 Resumen de los *clusters* resultantes

Como resumen, las diferencias más importantes en las características climáticas y edáficas entre los *clusters* (presentadas en orden de media de rendimiento) fueron:

- *Cluster 5*: representa ambientes de altas precipitaciones, sin estrés térmico, alta evapotranspiración durante todo el ciclo del cultivo, bajas temperaturas medias durante el periodo vegetativo (V1 a VT) y medias durante el periodo reproductivo (VT a R6), alto contenido de materia orgánica y textura con alto porcentaje de arena.
- *Cluster 4*: representa ambientes de precipitaciones medias, bajo/intermedio estrés térmico, evapotranspiración intermedia a alta durante todo el ciclo del cultivo, bajas temperaturas medias, suelos de alto contenido de materia orgánica, bajo PH y textura arcillo-limosa con bajo contenido de arena.
- *Cluster 3*: representa ambientes de precipitaciones medias, bajo estrés térmico, evapotranspiración intermedia a alta durante todo el ciclo del cultivo, suelos con alto

porcentaje de materia orgánica y texturas de alto porcentaje de arcilla y limo, con muy bajo porcentaje de arena.

- *Cluster 2*: representa ambientes de precipitaciones muy variables, baja evapotranspiración y bajas temperaturas medias durante etapas más importantes para la definición del rendimiento, bajo porcentaje de materia orgánica y alto PH.
- *Cluster 6*: representa ambientes de precipitaciones intermedias a altas, sin estrés térmico y con temperaturas medias a bajas en las etapas de definición del rendimiento.
- *Cluster 7*: representa ambientes de precipitaciones medias, bajo estrés térmico en los principales periodos de definición del rendimiento y evapotranspiración intermedia. Los suelos son de bajo porcentaje de materia orgánica y alto PH.
- *Cluster 1*: representa ambientes promedio, sin características sobresalientes sobre los demás. El rango de valores abarcado en el desvío estándar de la media contiene (en la gran generalidad de los casos) valores de los demás agrupamientos. No presenta valores extremos para ninguna de las variables. Se presenta en todas las campañas agrícolas, en cierto porcentaje del área abarcada por ECRs.
- *Cluster 8*: representa ambientes de precipitaciones bajas a intermedias, alto estrés térmico, baja evapotranspiración durante parte del cultivo, suelos de bajo contenido de materia orgánica y textura limo-arenosa.
- *Cluster 9*: representa ambientes de bajas precipitaciones (alto estrés hídrico), estrés térmico, suelos de alto contenido de materia orgánica y bajo PH, texturas de alto contenido de arcilla y bajo contenido de arena.

Los *clusters* presentados definen para el resto del trabajo el factor ambiente, utilizándose

ambas palabras como sinónimos en lo que resta del escrito.

5.3 Evaluación de las matrices genómicas

Para cada grupo heterótico se construyó una matriz de parentesco a partir de la información genética contenida en el perfil de MMs. Las figuras 16-a y 16-b muestran los resultados para el grupo madres y el grupo padres, en forma de mapas de calor, respectivamente. Colores más oscuros indican mayor similitud genética. Por cuestiones de confidencialidad de los datos, se muestran los nombres de los genotipos codificados en el primer carácter como “M” (madres), “P” (padres) y “H” (híbridos).

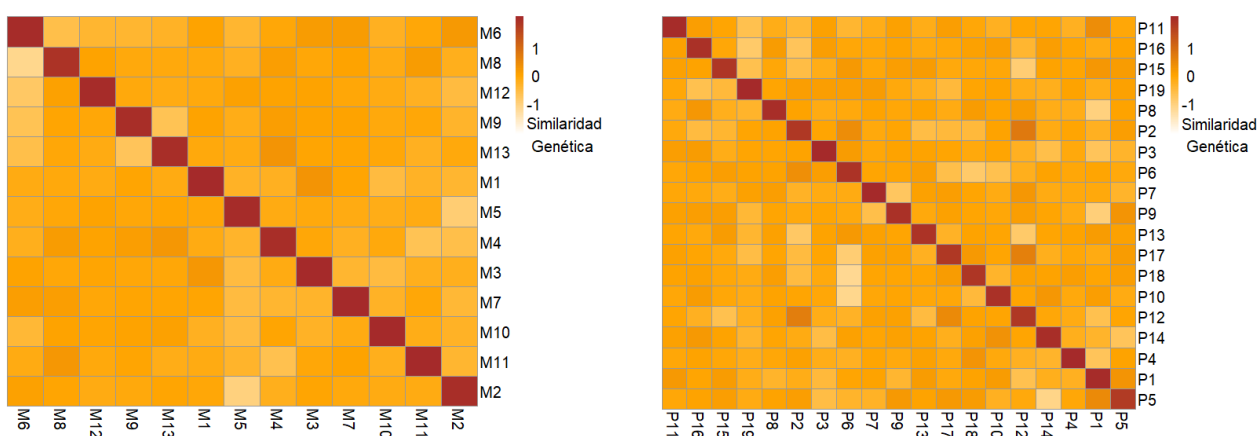


Figura 16-a: relación de parentesco dentro del grupo heterótico madres (izquierda) y 16-b: relación de parentesco dentro del grupo heterótico padres (derecha). Colores más oscuros representan una similitud genética mayor.

Puede observarse que cada grupo heterótico presentó individuos con mayor similitud genética (por ejemplo, las madres 8 y 11, o los padres 2 y 12) e individuos cuyo nivel de parentesco fue menor (madres 2 y 5, padres 6 y 10).

La figura 17 muestra, de la misma forma, la relación de parentesco entre los híbridos resultantes de una serie de cruza seleccionadas entre los grupos parentales. Pueden

observarse grupos de híbridos que presentaron variaciones en la similitud genética, aunque la variabilidad fue relativamente baja. Estos resultados eran esperables, debido a que se trata de un programa de mejoramiento maduro, y se están evaluando híbridos en etapas intermedias y finales del mismo, donde la selección repetida genera similitudes genéticas entre los individuos.

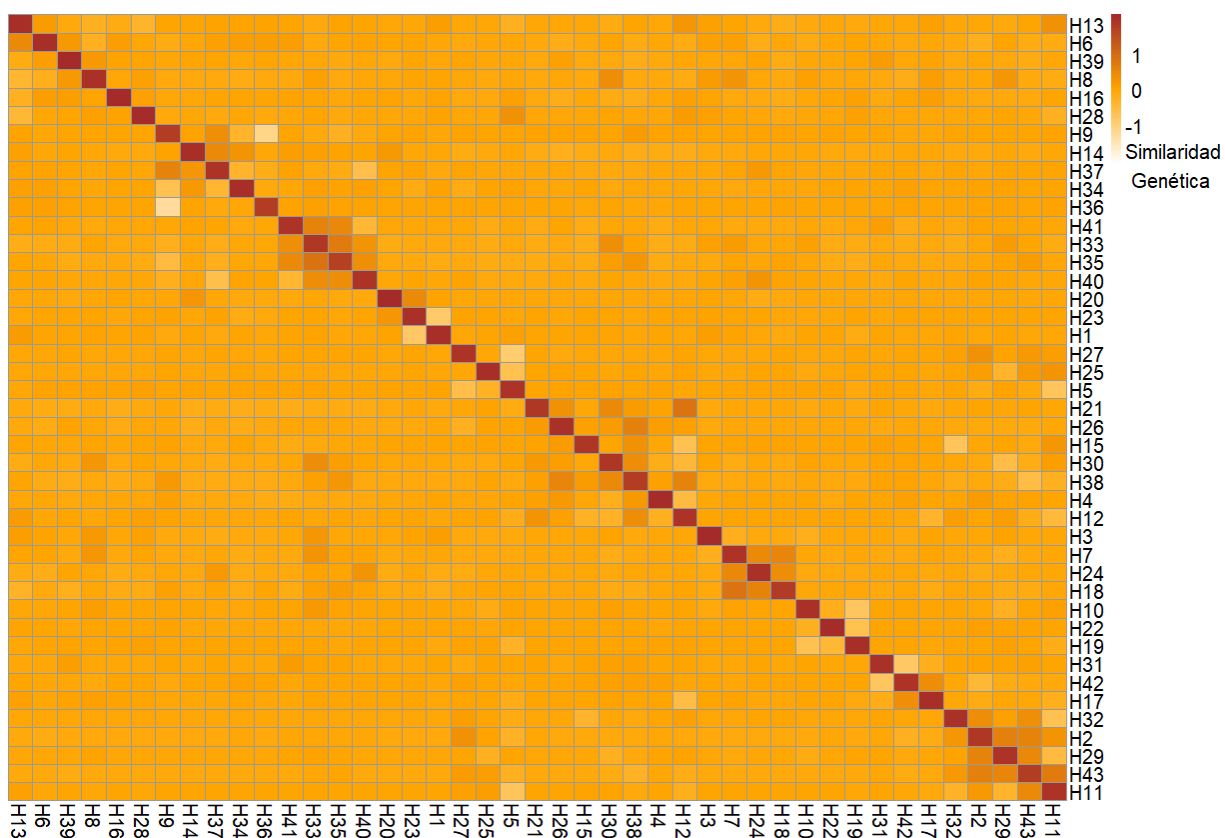


Figura 17: relación de parentesco entre los híbridos incluidos en el estudio. Colores más oscuros representan una similitud genética mayor.

5.4 Incorporación de la estructura de variancia-covariancia entre ambientes

La incorporación de la estructura de variancia-covariancia para el factor ambiente se realizó extendiendo el MLM ajustado, de forma que el efecto de interacción aleatorio genotipo-ambiente contenga una estructura (en nomenclatura simplificada para los términos genotipo en general)

$\mathbf{u} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{D} = \mathbf{\Sigma} \otimes \mathbf{G})$, donde $\mathbf{\Sigma} = \mathbf{\Lambda}\mathbf{\Lambda}' + \mathbf{\Psi}$. Las figuras 18 y 19 muestran las matrices

de correlación entre ambientes resultantes de escalar las respectivas matrices de variancia-covariancia **D** por sus diagonales. Se referirá a éstas como matriz de correlación entre ambientes debida al efecto de madres por ambiente, padres por ambiente o híbridos por ambiente.

En la figura 18, los resultados indican la correlación medida a través del efecto de las 13 madres en cada ambiente. La misma fue menor entre los ambientes 4, 6 y 9 y el resto. A su vez, los ambientes 1, 3, 5 y 8 tuvieron una correlación genética alta entre sí. El ambiente 2 presentó valores que indican ausencia de correlación con algunos de los otros ambientes (-0.08 a 0.05), e intermedias (entre 0.44 y 0.5). El ambiente 7 presento valores que indican ausencia de correlación (-0.14), correlaciones intermedias (0.4) y altas (0.87).

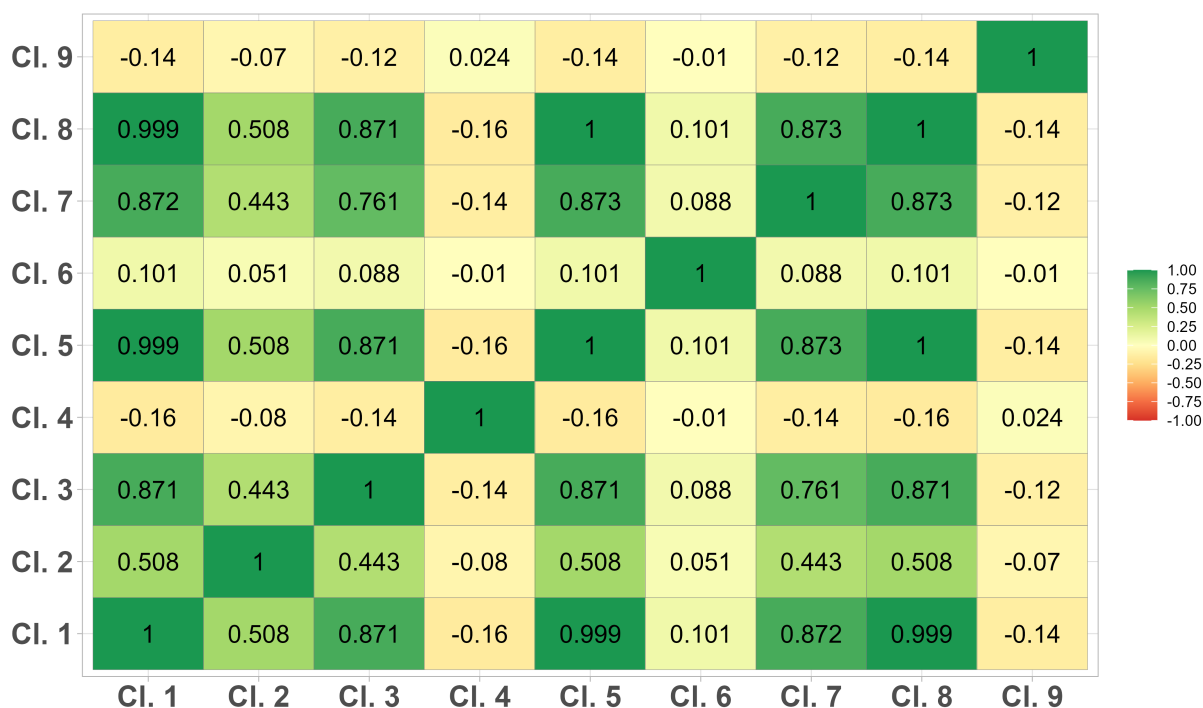


Figura 18: matriz de correlación resultante de la interacción entre madres y ambiente. Los colores indican el nivel de correlación genética entre ambientes.

La correlación del grupo heterótico padres por ambiente fue alta en general, presentando valores de correlación intermedios a fuertes en todos los casos, a diferencia del grupo heterótico

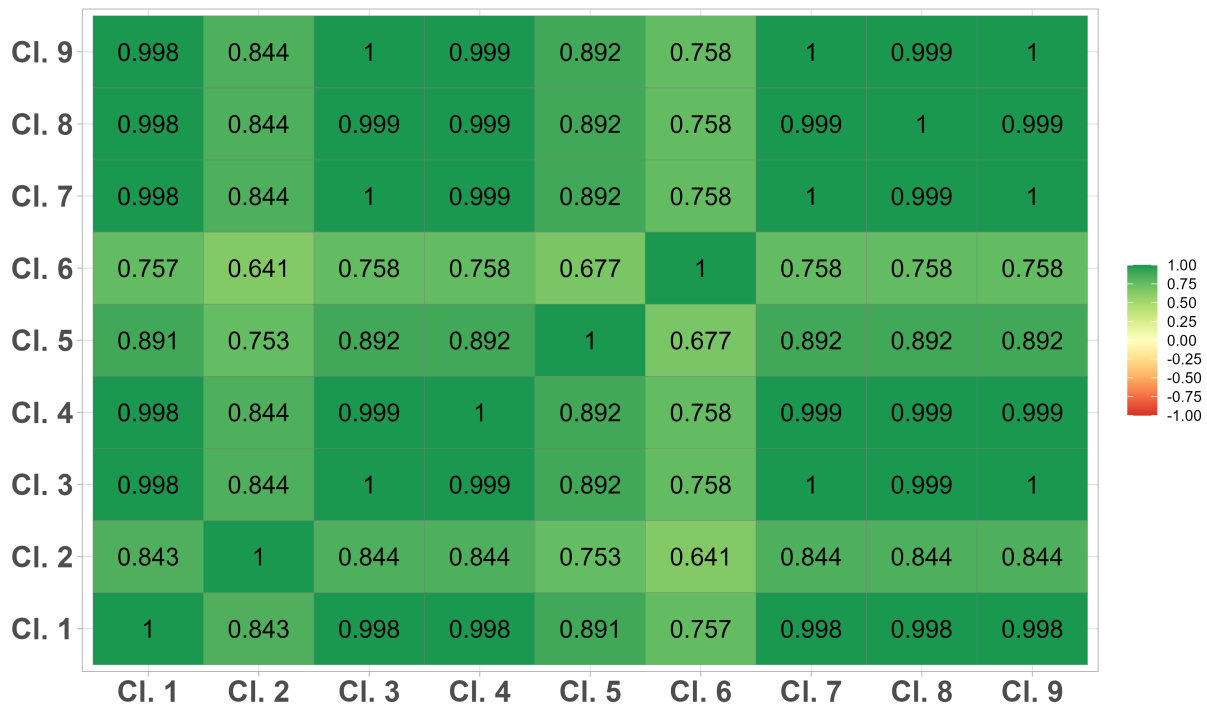


Figura 19: matriz de correlación resultante de la interacción entre padres y ambiente. Los colores indican el nivel de correlación genética entre ambientes.

madres. Los ambientes 2, 5 y 6 tuvieron menor correlación con el resto, aunque sus valores son intermedios a altos (0.64 a 0.89). Se encontró una correlación menor entre los ambientes 2 y 6, y 5 y 6, particularmente.

En cuanto a la correlación debida a los resultados observados en híbridos por ambiente, se puede observar en la figura 20 que los ambientes 1, 2, 4, y 8 presentan una alta correlación entre sí, y presentaron correlaciones altas y negativas con los ambientes 5, 6 y 7. A su vez, estos últimos presentaron una correlación alta entre sí también. El ambiente 9 presentó una baja correlación con todos los demás ambientes.

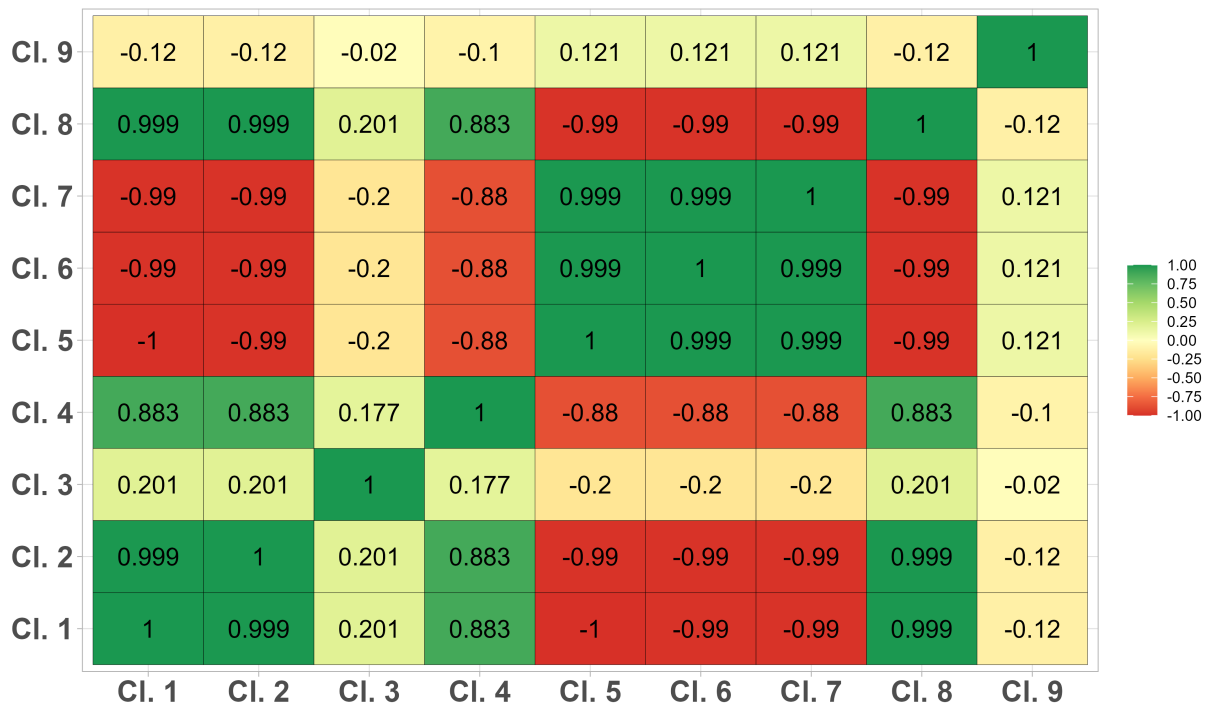


Figura 20: matriz de correlación resultante de la interacción entre híbridos y ambiente. Los colores indican el nivel de correlación genética entre ambientes.

5.5 Evaluación de la capacidad predictiva del modelo lineal mixto

5.5.1 Resultados generales

El MLM propuesto en la ecuación 25 pudo ajustarse sin problemas de convergencia para la totalidad de los datos, para los diferentes escenarios de validación cruzada, y para la predicción de una nueva campaña, utilizando un máximo de 150 iteraciones del algoritmo. Una vez ajustado, mediante las funciones de predicción anteriormente descritas, se obtuvieron los valores predichos de los efectos aleatorios de interés, EBLUPs, y sus errores estándar.

La figura 21 muestra los resultados de las predicciones, incluyendo la totalidad de los datos, y la figura 22 presenta los resultados para cada ambiente en particular. La tabla 4 muestra los datos de forma resumida, presentando el ajuste del modelo como la correlación de Pearson entre

valores observados y predichos, y el sesgo como el coeficiente de regresión entre estos valores.

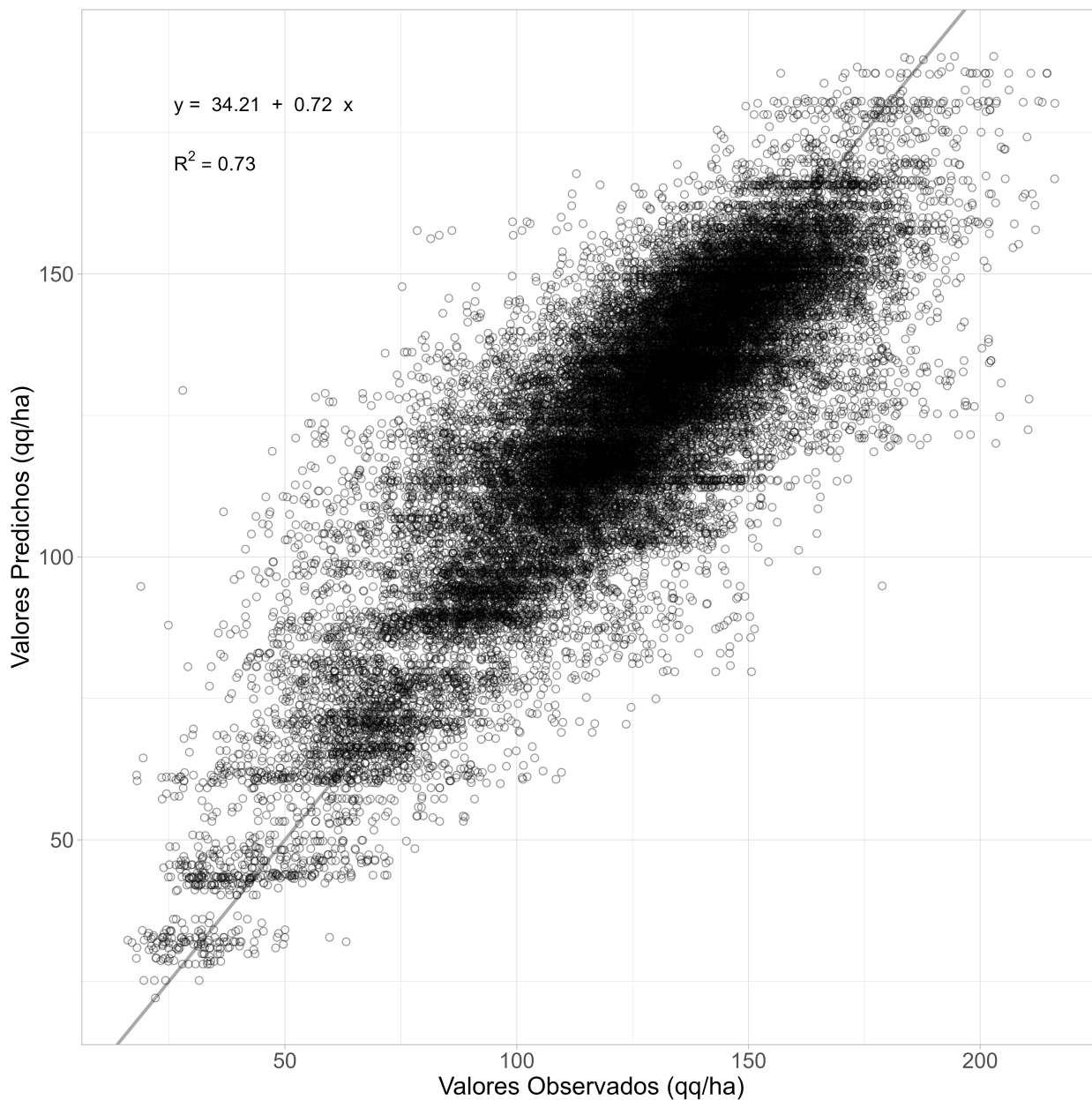


Figura 21: valores observados y valores predichos para la totalidad de los datos. En la esquina superior izquierda se presenta la ecuación de la regresión entre ambos. La línea llena indica la relación 1:1.

Estas figuras muestran los primeros resultados en cuanto al ajuste del modelo, fuera de los escenarios de validación cruzada. Se observa que, a través de los ambientes, dicho ajuste es de 0.85, y el sesgo de 0.72.

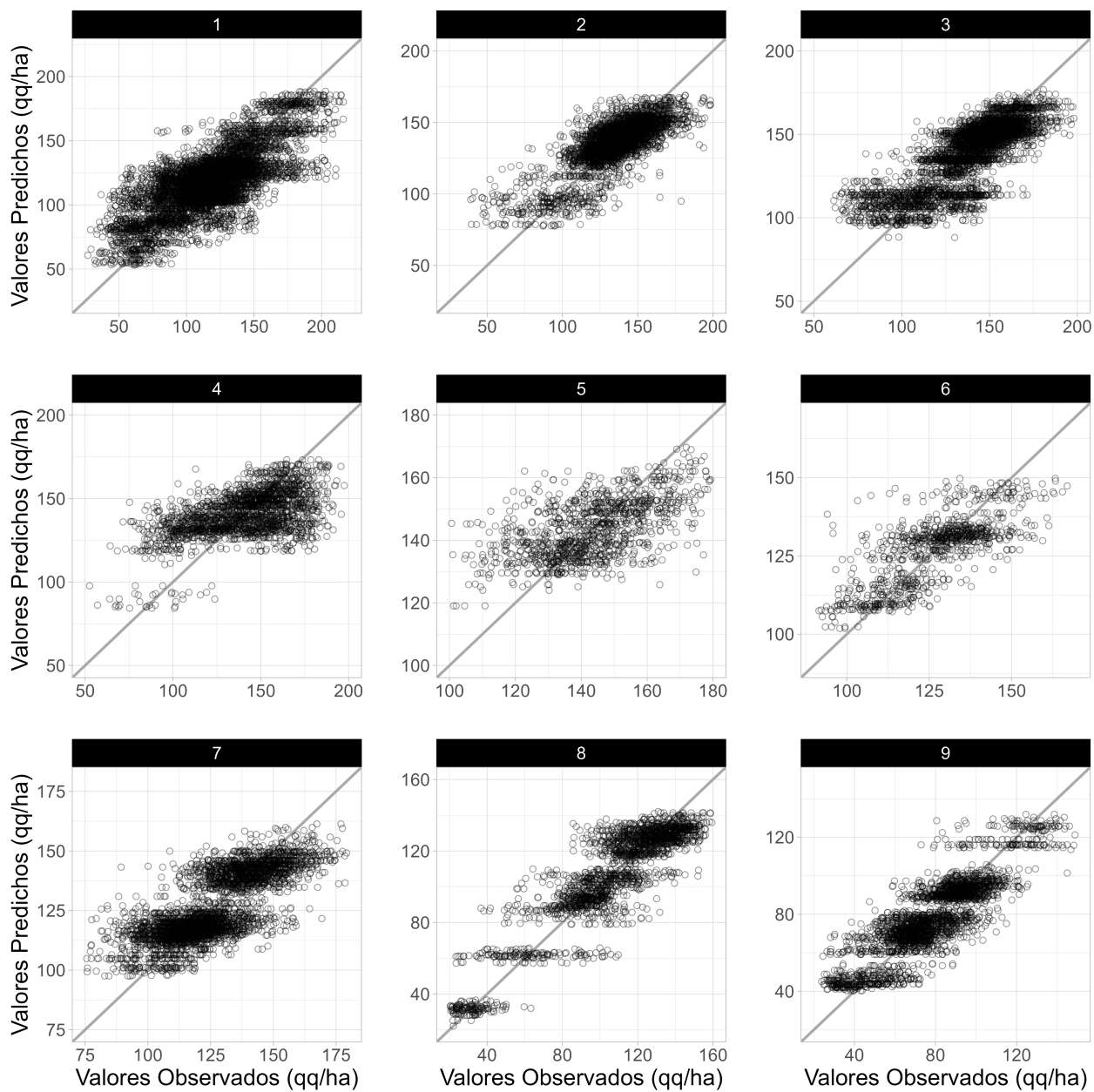


Figura 22: valores observados y valores predichos para la totalidad de los datos. El número en el encabezado de cada cuadro indica el ambiente. La línea llena indica la relación 1:1 en cada uno de estos.

Cuando se evalúa en cada ambiente en particular (tabla 4), puede observarse que los resultados son más variables, el ajuste es alto en los ambientes 8, 9, 3, 1 y 2, intermedio en los ambientes 7 y 6, y bajo en los ambientes 5 y 4. En todos los casos, el coeficiente de regresión fue menor a la unidad, indicando que el modelo tiende a subestimar rendimientos altos y sobreestimar rendimientos bajos, aunque este sesgo es bajo en los ambientes 8, 9 y 3, intermedio en los ambientes 2, 7, 1 y 7, y alto en los ambientes 4 y 5.

Ambiente	Coeficiente de Correlacion	Coeficiente de Regresión
Todos	0.85	0.72
1	0.77	0.56
2	0.77	0.58
3	0.80	0.63
4	0.54	0.28
5	0.58	0.32
6	0.74	0.52
7	0.76	0.56
8	0.90	0.80
9	0.85	0.72

Tabla 4: capacidad predictiva y sesgo del modelo discriminado por ambiente.

5.5.2 Resultados en escenarios de validación cruzada

Los resultados de la validación cruzada en cada uno de los escenarios propuestos se resumen en la tabla 5, detallando los escenarios donde se removió el 20% de los datos de forma completamente aleatoria (E1), se removió la información de los híbridos en alguno de los ambientes (E2) y se removió toda la información de una muestra de híbridos (E3). En el E1, el caso más simple, la capacidad predictiva, promedio fue de 0.56 (nuevamente medida como la correlación de Pearson), y el desvío estándar a través de las repeticiones fue de 0.006. En el

E2, la capacidad predictiva promedio fue de 0.46, con un desvío de 0.14, y en el E3 la capacidad predictiva promedio fue de 0.41, con un desvío de 0.08.

En el E1 la capacidad predictiva fue la mayor de todos los escenarios de validación cruzada propuestos, y la variación en la misma a través de las iteraciones fue la menor, mostrando consistencia a través de cada iteración de la validación cruzada. En el E2, la capacidad predictiva fue menor al E1 y se observó la mayor variabilidad. El E3 mostró la menor capacidad predictiva, correspondiéndose al escenario de validación cruzada más complejo, pero mostró una variación menor que el E2 entre las diferentes iteraciones.

E1		E2		E3	
Iteración	Correlación	Iteración	Correlación	Iteración	Correlación
1	0.56	1	0.58	1	0.42
2	0.56	2	0.59	2	0.47
3	0.57	3	0.22	3	0.43
4	0.55	4	0.38	4	0.28
5	0.56	5	0.47	5	0.51
6	0.56	6	0.53	6	0.48
7	0.58	7	0.41	7	0.48
8	0.56	8	0.72	8	0.31
9	0.57	9	0.36	9	0.35
10	0.57	10	0.35	10	0.43

Tabla 5: capacidad predictiva en cada iteración según el escenario de predicción.

Por lo presentado en esta sección, puede considerarse que el modelo tuvo un buen ajuste, logrando además una capacidad predictiva aceptable. El uso de matrices genómicas de madres, padres e híbridos, y la estructura de variancia-covariancia FA(1) impuesta, permitieron un modelo parsimonioso, sin problemas de convergencia, y flexible, con intercambio de información entre ambientes y entre genotipos.

5.6 Índice de estabilidad I^2

5.6.1 Resultados para los genotipos en estudio

Utilizando los valores de predicción obtenidos como EBLUPs para los términos de interacción genotipo-ambiente y sus errores estándar, se pudo proceder con el cálculo del índice I^2 como estimador de la ER. La figura 23 muestra los resultados para todos los genotipos (híbridos) incluidos en el estudio. Un ejemplo puntual del cálculo para obtener el índice se detalla en el anexo III. Puede observarse que los genotipos presentan una alta variabilidad para la ER, encontrándose un rango de 0 a 0.95 para I^2 .

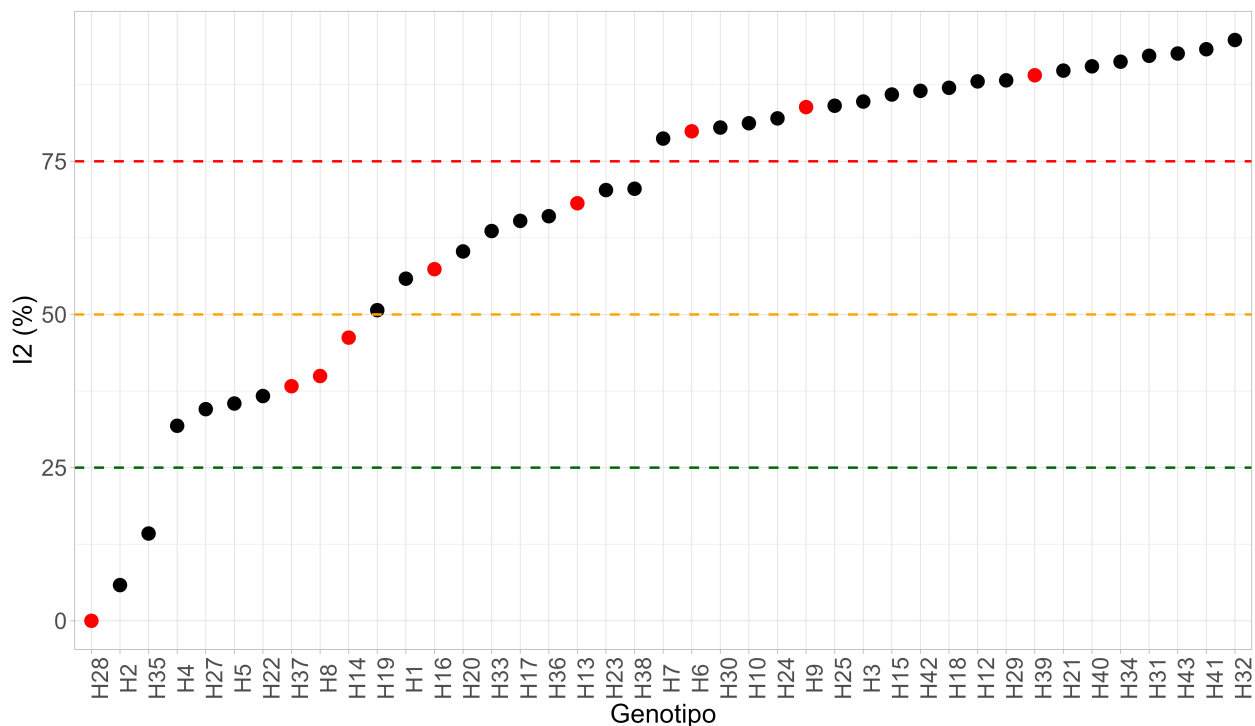


Figura 23: valores de I^2 para el total de los híbridos incluidos en el estudio. Los puntos rojos indican híbridos que fueron incluidos en la figura 24. Las líneas verde (inferior), amarilla (intermedia) y roja (superior) marcan valores de 25%, 50% y 75%, dividiendo zonas (de forma arbitraria) en valores de muy alta, alta, intermedia y baja ER, respectivamente.

A modo de ejemplo, la figura 24 presenta los valores de predicción por ambiente de una

muestra de 9 genotipos, junto a sus errores estándar y valor de I^2 . El gráfico puede ser visto como una aproximación al entendimiento de la IGA, y la ER de cada genotipo, de forma más detallada que en la figura 23, pero todavía suficientemente resumida como para permitir una interpretación sencilla.

La figura incluye los resultados de cada genotipo en los distintos ambientes, donde cada EBLUP muestra cómo se posiciona con respecto a la respuesta promedio del resto de los genotipos en el ambiente particular (desviación del valor cero), la precisión en la predicción de dicho EBLUP en cada ambiente (la amplitud en el rango de valores incluidos en el error) y el valor de I^2 , resumiendo la variabilidad en la respuesta debida a la heterogeneidad entre ambientes. Con la interpretación de las variables que mejor definen cada ambiente o *cluster*, es posible obtener un entendimiento general de la respuesta ante la variación ambiental, y la ER resultante.

La figura 24 presenta algunos ejemplos contrastantes del impacto de la variabilidad del ambiente en los resultados de genotipos (híbridos) de maíz. Por ejemplo, el híbrido H28 (primera columna, primera fila) presenta resultados cercanos al promedio en todos los ambientes, significando que la ER es alta, lo cual se refleja en un valor de cero de I^2 . Es importante mencionar que un valor igual a cero del índice podría reflejar que el híbrido fue probado en pocos ambientes, ya que $I^2 = 0$ si $Q < J - 1$, pero, debido a que el MLM utilizado permite obtener predicciones para todos los genotipos en todos los ambientes, valores del índice iguales a cero significan efectivamente una alta ER. El híbrido H39 (tercera columna, tercera fila), por otro lado, presenta valores de I^2 altos (89.04), mostrando resultados por encima del resto de los genotipos en algunos ambientes, tanto de rindes altos y ausencia de estrés hídrico o térmico (ambiente 5) como de rindes muy bajos, con presencia de estrés tanto térmico como hídrico (ambiente 9), pero

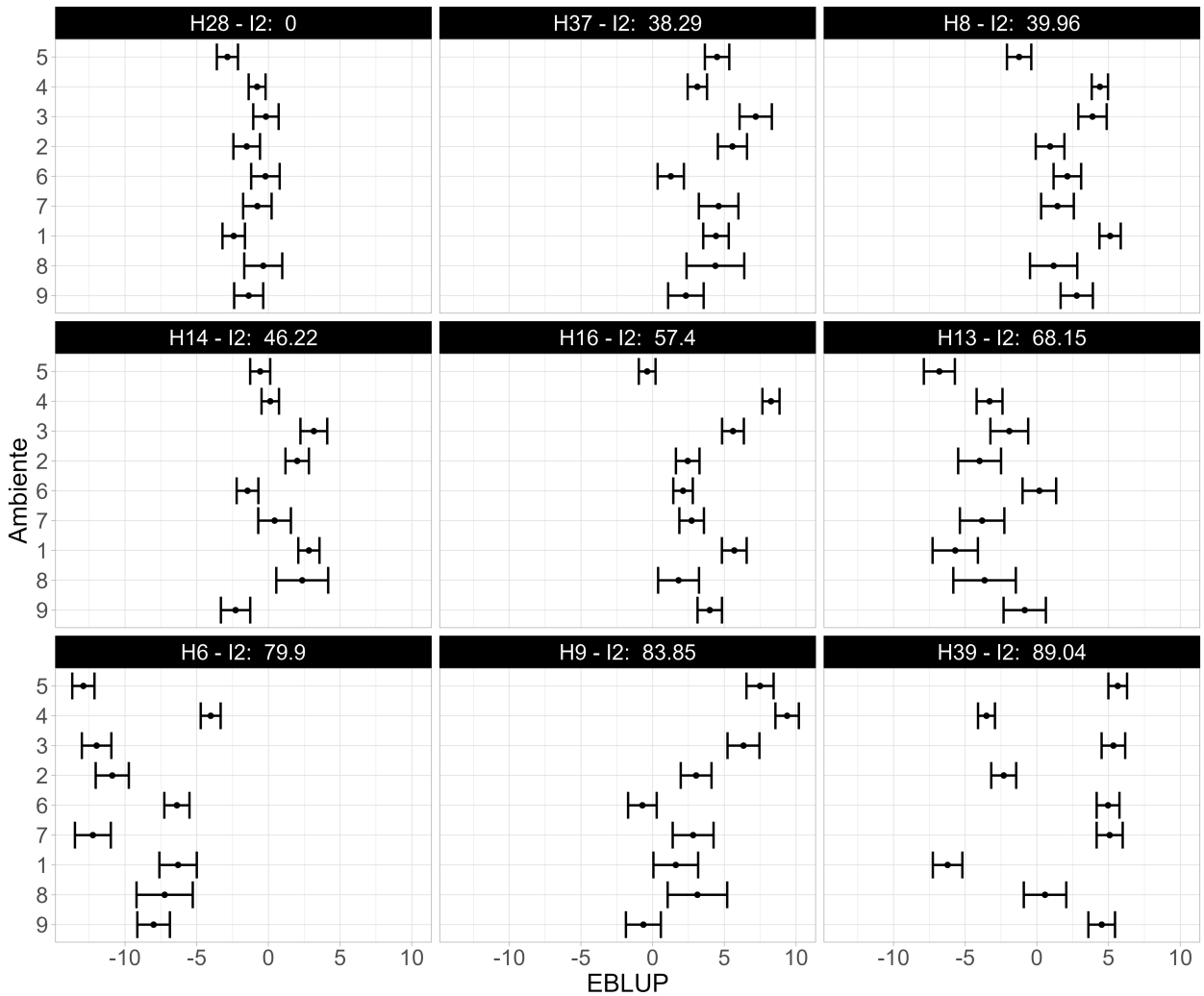


Figura 24: cada cuadro corresponde a los EBLUPs predichos para cada ambiente para un genotipo (híbridos). Se presentan los resultados para una muestra de 9 individuos diferentes.

presenta malos resultados en ambientes promedio, que suelen darse en todas las campañas agrícolas y componen una gran parte de los ambientes esperados (ambiente 1). El híbrido H9 (segunda columna, tercera fila), presenta un valor alto de I^2 , pero muestra rindes por encima del resto de los genotipos, consistentemente, en fechas de siembra tempranas y ausencia de estreses marcados (ambientes 3, 4 y 5), presenta también resultados promedio o levemente superiores en ambientes de fechas de siembra tardías (ambientes 2, 6, 7 y 8) y rinde promedio o levemente inferiores en fechas de siembra tempranas con marcados estreses hídricos y térmicos

(ambiente 9).

5.6.2 Relación del índice I^2 con el rendimiento medio y el desbalance de datos

Reckling et al. (2021) desarrolla el problema de la relación entre la media y la variancia en el contexto de la medición de la ER, explicando que suele encontrarse una relación de dependencia sistemática entre estas. Un tema de interés, por lo tanto, es comprender cuanta información agrega I^2 por sobre el uso del promedio de rendimiento. Si dicha relación es estrecha, el uso del índice no agregaría información sobre la ER que sea de utilidad en el momento de selección. Los resultados para analizar este punto se muestran en la figura 25-a. La figura presenta resultados que indican una baja variabilidad en el índice I^2 explicada por el rendimiento medio de los híbridos, siendo el coeficiente de determinación de $R^2 = 0.068$.

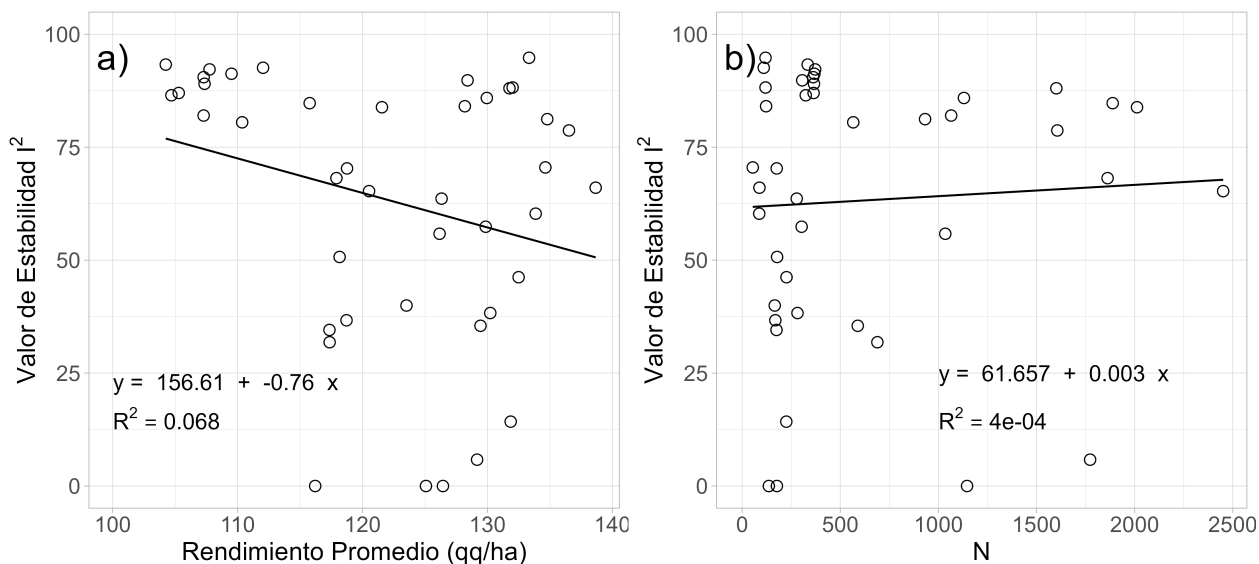


Figura 25: (a) relación entre la media de rendimiento y el índice I^2 para los genotipos (híbridos) en estudio (izquierda) y (b) relación entre el número de datos disponibles por genotipo (n) y el índice I^2 .

Un segundo punto relacionado al uso del índice para seleccionar los mejores genotipos es comprender qué relación existe entre éste y la cantidad de datos disponibles de cada genotipo.

Para analizar este punto, se aprovechó la presencia de genotipos control en los ECRs, para los cuales se tiene una gran cantidad de datos, en contraste con los genotipos en etapas experimentales, para la cual la información es más escasa. Los resultados se presentan en la figura 25-b. Puede observarse que variaciones en los valores del índice I^2 no se debieron a cambios en la cantidad de datos disponibles de cada híbrido, indicado por el valor cercano a cero del coeficiente de determinación.

Los resultados de la regresión entre el índice I^2 y el rendimiento promedio sugieren que el uso del índice adiciona información acerca de los resultados de los genotipos. A su vez, no se encontró relación entre el índice y la cantidad de datos disponibles por genotipo, lo cual indica poder utilizarlo con bases de datos desbalanceadas.

5.6.3 Predicción de la estabilidad del rendimiento a partir de I^2

La figura 26 muestra la relación entre el índice I^2 , basado en datos de las tres campañas agrícolas incluidas inicialmente en este estudio, y el error estándar del rendimiento calculado con datos de una nueva campaña agrícola, para un sub-conjunto de híbridos incluidos en los 4 años. El coeficiente de determinación R^2 indica que el índice I^2 fue capaz de explicar un 61% de la variación en el error estándar de los híbridos en la nueva campaña. Puede observarse que valores bajos del índice indicaron genotipos con rendimientos poco variables, significando que híbridos con bajos valores de I^2 tuvieron baja variabilidad en los rendimientos en la nueva campaña. Los híbridos que presentaron valores altos del índice en las campañas estudiadas, tuvieron valores de intermedios a altos en los errores estándar del rendimiento en la nueva campaña agrícola.

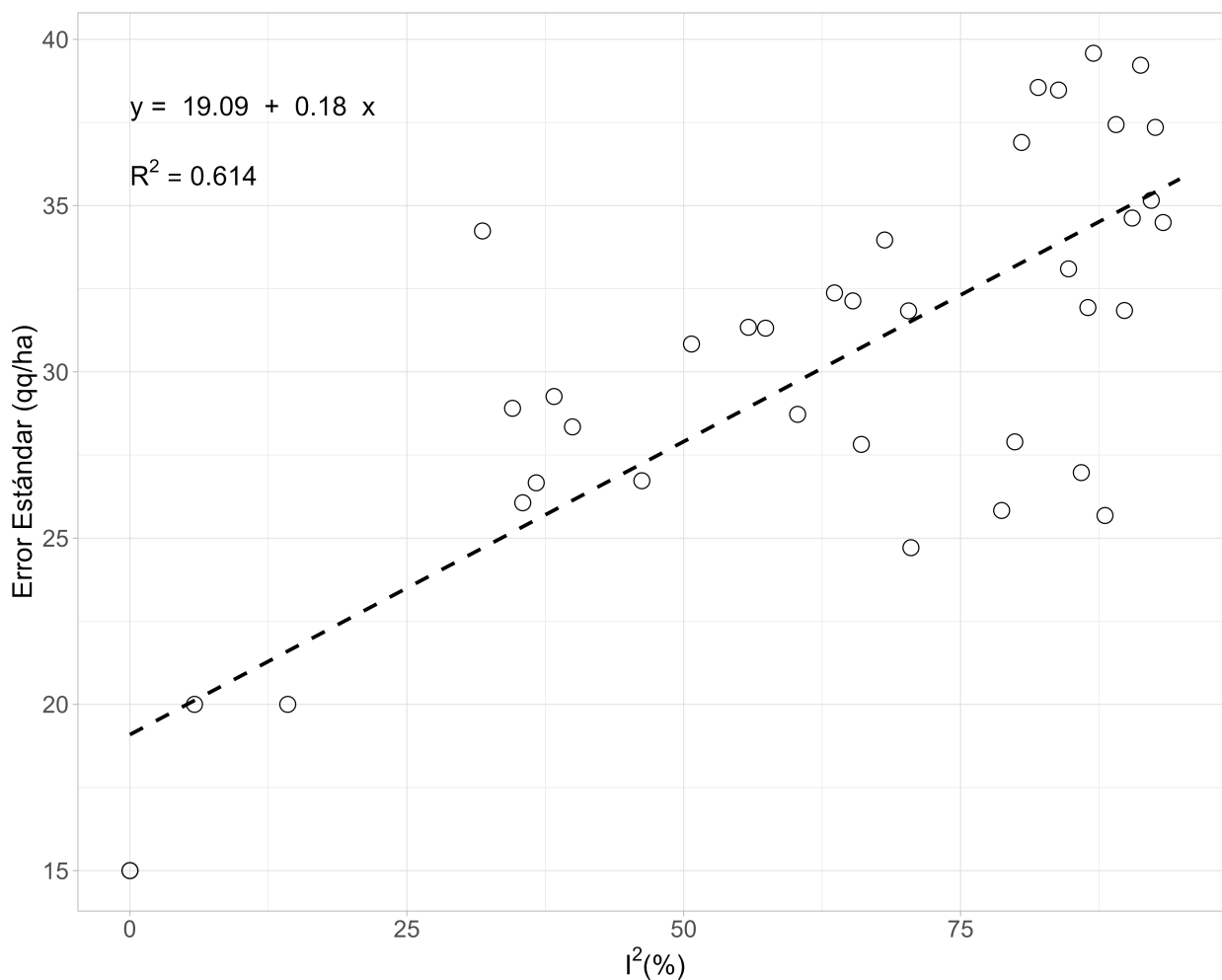


Figura 26: relación entre el índice I^2 y el error estándar del rendimiento en la campaña 2023-2024.

6 DISCUSIÓN

El principal objetivo de este trabajo fue obtener una herramienta de medición de la ER que permita evaluar y seleccionar híbridos de maíz. Para alcanzar dicho objetivo, fue necesario tener en cuenta el impacto que tienen en el modelo estadístico y en el índice de la ER derivado una serie de características inherentes a los datos provenientes de programas de mejoramiento genético. Estas fueron de origen biológico (parentesco entre genotipos, definición del factor ambiente, correlación genética entre ambientes), u operativo (desbalance en los datos por falta

de semilla o recursos para evaluar genotipos en todos los ambientes).

6.1 Definición del factor ambiente

La construcción de *clusters* a partir de variables climáticas y edáficas medidas en cada uno de los BCAs permitió simplificar la definición del factor ambiente a 9 TAs, en los cuales se encontraron diferencias importantes en las distribuciones de las variables causales del rendimiento. Como resultados generales se observó que, en cuanto a las variables climáticas, los ambientes mostraron diferencias en las precipitaciones acumuladas durante el ciclo del cultivo y en las temperaturas observadas en los diferentes intervalos fenológicos. La inclusión de la campaña agrícola 2022/2023 en el estudio añadió ambientes de mucho interés (ambientes 8 y 9), ya que la misma presentó ambientes de estrés hídrico y térmico marcados. En aquellos ambientes donde no se observó estrés térmico o hídrico marcado (ambientes 3, 4 y 5), fue donde se dieron los rendimientos medios superiores. Las variables edáficas, por otro lado, mostraron ciertos patrones de agrupación geográficos. Los ambientes 3, 4 y 9, por ejemplo, incluyeron BCAs con valores similares en las variables edáficas, ubicándose en el centro norte de Buenos Aires y Santa Fé principalmente, mientras que los ambientes 2, 6 y 7 presentaron BCAs con similitudes edáficas entre ellos, conformando ambientes que abarcaron zonas geográficas en el oeste de Buenos Aires y Córdoba.

Un punto importante, consecuencia de la metodología utilizada en este trabajo, es que las distribuciones de rendimiento por ambiente presentados (figura 6) muestran algunos valores de rinde similares en ambientes diferentes. Esto concuerda con la idea planteada anteriormente en este trabajo, la cual propone que un mismo valor de rendimiento puede ser consecuencia de

muchas combinaciones diferentes de variables climáticas y edáficas. La aproximación utilizada podría entonces tener una ventaja en definir el factor de forma realista cuando se considera este punto. Por otro lado, la figura 6 muestra en algunos casos distribuciones de rendimiento muy similares, por ejemplo los ambientes 6 y 7 o 3 y 4. Si las principales variables climáticas y edáficas fueron medidas y utilizadas para la construcción de los ambientes, y el número de ambientes es bajo, se esperarían encontrar mayores diferencias en las medias de las distribuciones de rendimiento. Esto podría deberse a la posible existencia de variables climáticas y edáficas de importancia en la definición del rendimiento que no fueron incluidas en el estudio. Otro punto que podría mejorar la metodología en este sentido, sería lograr una ponderación de la importancia de cada variable en la formación de *clusters*, según su nivel de incidencia en el rendimiento.

6.1.1 Principales implicancias de la agrupación de ensayos para la definición de ambiente

Un primer punto de interés es que los *clusters* construidos muestran agrupaciones divididas según la fecha de siembra de los ensayos. Esto se condice con lo reportado por Otegui y Mercou (2021), quienes encontraron que retrasos en la fecha de siembra del cultivo de maíz lo expone a ambientes que pueden ser muy diferentes a los de fechas más tempranas, en el área templada de Argentina. Estos autores encontraron también menor variabilidad en el rendimiento en fechas de siembra tardías, lo cual puede observarse en particular para los ambientes 6 y 7 de este trabajo.

En segundo lugar, es de interés observar que la distribución geográfica de los BCAs contenidos en cada *cluster* no presentó un patrón regional claro. En algunas ocasiones pudieron distinguirse ensayos agrupados por cercanía geográfica, pero muchas veces ensayos distanciados presentaron mayor similitud que ensayos geográficamente más cercanos. Esto es

congruente con lo reportado por Chapman et al. (2000b), quienes encontraron que, para explicar la variabilidad del rendimiento, la distribución geográfica explicó menos que la similitud climática y edáfica de los ECRs estudiados.

Los dos ambientes de menor rendimiento medio, los representados por los *clusters* 8 y 9, se conformaron únicamente por BCAs provenientes de la campaña agrícola 2022/2023. Los bajos rendimientos observados, altos niveles de estrés hídrico y térmico, y el hecho de que estos ambientes no se hayan repetido en otros años, coinciden con lo reportado en la bibliografía, donde se especifica que los ambientes explorados durante ésta campaña fueron de un nivel de estrés térmico e hídrico alto, representando ambientes atípicos, los cuales se dieron únicamente 3 veces en los últimos 50 años en la región templada Argentina (Ministerio de Economía de la Nación Argentina, 2023).

Otro punto importante es que los ambientes de mayores rendimientos medios, representados por los *clusters* 3, 4 y 5, contienen datos provenientes de BCAs sembrados en fechas tempranas. En el ambiente 5 en particular se dieron los mayores rindes medios y la mayor cantidad de precipitaciones acumuladas. Esto coincide con Otegui y Mercáu (2021), quienes reportan que sin restricciones hídricas, es en las fechas de siembra tempranas donde se observan los rendimientos más altos.

En los resultados presentados pudo observarse que los principales factores generadores de variabilidad en los rendimientos, y posiblemente causantes de la IGA, podrían ser la presencia/ausencia de estreses hídricos y térmicos en cada ambiente. Esto coincide con lo reportado por del Fresno y Confalone (2022) para la región centro de Buenos Aires y por Satorre

et al. (2021) para la región centro-norte de Córdoba, quienes encontraron que las precipitaciones y la temperatura fueron los principales factores afectando el rendimiento de maíz.

6.1.2 Implicancias teóricas/prácticas

Un resultado significativo fue la simplificación del efecto de IGA que se obtuvo a través de la metodología elegida para la definición del factor ambiente. En los casos donde la IGA proviene de factores cuya presencia/ausencia es fácilmente medible, como en el caso de la causada por factores bióticos, como enfermedades, el mejoramiento para tolerancia al factor causante de la IGA (y por lo tanto para ER) es directo. Las variables abióticas, por otro lado, definen el ambiente mediante un complejo entramado de interacciones entre variables climáticas y edáficas, cada una con efectos normalmente menores y no lineales sobre el rendimiento final, limitando el uso de éstas en MPGs (Tolhurst et al. 2022). La propuesta de este trabajo en la definición del factor ambiente permite evitar estas limitantes, simplificando su interpretación a TAs que representan combinaciones de estas variables que ocurren en la región objetivo, siendo útil cuando no se pretenda analizar la sensibilidad de los genotipos a cada una de las variables en particular.

Este proceso de simplificación del factor ambiente podría ser particularmente útil en etapas avanzadas de un programa de mejoramiento. En éstas, el número de combinaciones localidad-año a analizar es alto, lo cual podría complejizar la interpretación de la IGA si se utiliza como definición de ambiente. La reducción del factor ambiente a pocos niveles con diferencias importantes entre sí, podría permitir una interpretación simple e indicar posibles estrategias de mejoramiento para la ER.

La simplificación mediante *clusters* parece proveer una herramienta útil para balancear el

compromiso entre un análisis sobre-detallado, difícil de modelar e interpretar, y un análisis sobre-simplificado, como ignorar la IGA y utilizar únicamente el efecto principal de los genotipos a través de ambientes para la selección. La elección del número de *clusters* a utilizar, debería permitir cierto balance en dicho compromiso.

Uno de los puntos más desafiantes en la metodología utilizada, es establecer este número. Cuando una o unas pocas variables con efectos mayores son conocidas como responsables de la IGA (por ejemplo, en los trabajos de Chapman et al. 2000b, o Velazco et al. 2020), es posible generar pocos niveles para el factor ambiente a analizar, en los cuales se espera observar efectos mayores. En el caso de este estudio, las variables causantes de la IGA fueron desconocidas de antemano, por lo que se asumió una cantidad de niveles que estuvieran representados por un número considerable de observaciones, pero simplificaran el estudio de la IGA.

Una ventaja importante de definir TAs es que las predicciones se realizan sin especificar puntos geográficos o proyecciones del tipo de campaña esperada. Esto evita la necesidad de conocer de antemano las localidades donde se realizarían ECRs a futuro, lo cual es coherente con la propuesta de no “atar” la definición de ambiente a un punto geográfico. También evita utilizar predicciones del tipo de campaña agrícola esperada, eliminando la necesidad de usar escenarios climáticos esperados para hacer predicciones.

En la medida que los TAs construidos representen correctamente los esperados en la región objetivo, los modelos utilizados para evaluar y seleccionar genotipos permitirán obtener estimaciones acertadas de la ER. En los resultados de predicción de la variabilidad del rendimiento mediante el índice I^2 , se observaron evidencias de que no todos los TAs que pueden darse

en la región objetivo fueron muestreados, ya que se observó variabilidad en la respuesta para valores altos del índice. Esto podría indicar que, con más años de datos disponibles, el número de ambientes clasificados debería ser mayor para evitar sobre-simplificaciones en el análisis.

6.1.3 Limitaciones

Además de las ventajas mencionadas, la simplificación en la definición de ambiente utilizada tiene impacto en las predicciones realizadas mediante el MLM. En la medida que se simplifique a un menor número de ambientes, cada uno contiene una mayor cantidad de BCAs. Esto posiblemente signifique una mayor variabilidad en las mediciones climáticas y edáficas, por lo que cada *cluster* construido contiene mayor variabilidad intra-ambiente. Esto se traduce en una menor precisión de las predicciones realizadas, debido a que probablemente genere errores estándar mayores en dichas predicciones. Además, una sobre-simplificación podría enmascarar parte de la IGA, por agrupar ambientes significativamente diferentes entre sí que generen respuestas contrastantes de los genotipos.

Otra limitante en la metodología es la necesidad de contar con datos de todas las variables climáticas y edáficas utilizadas para generar los ambientes. De no contener datos para alguna variable, las opciones restantes serían utilizar algún método de imputación, o tener que excluir ensayos del análisis, con la pérdida de información fenotípica que esto significaría.

6.2 Uso de matrices de variancia-covariancia en modelos lineales mixtos

Para lograr mejoras en la ER, es necesario hacer selección desde las primeras etapas de un programa de mejoramiento. Es común que en estas etapas no se prueben todos los genotipos en

todos los ambientes, limitando la posibilidad de evaluar la ER sin sesgos, debido a que algunos ambientes pueden tener un efecto muy significativo en los rendimientos (ambientes 5 y 9, por ejemplo). En este trabajo, fue posible superar este problema incorporando al MLM ajustado matrices de variancia-covariancia genética derivadas de MMs, que permitan intercambiar información entre genotipos en un ambiente, y matrices de variancia-covariancia del factor ambiente, que permitan intercambiar información entre ambientes para un genotipo.

6.2.1 Matrices genómicas

Las correlaciones debidas al parentesco entre madres y padres presentaron una variabilidad principalmente de media a alta (figuras 16-a y 16-b). En híbridos (figura 17), por otro lado, se encontró una alta correlación general, indicando que la inclusión de estos efectos en el modelo ajustado fue un aspecto positivo. La correlación media a alta entre parentales puede deberse a que se trata de líneas *elite* del programa de mejoramiento, con un número importante de ciclos de selección para el carácter rendimiento, lo cual es posible que lleve a la fijación de muchos alelos (Li, 2022). La alta correlación encontrada entre los híbridos de maíz incluidos en este estudio es consecuencia de la correlación entre sus parentales, y además puede deberse a que una alta proporción de dichos híbridos pertenecen a cohortes similares, en etapas intermedias o avanzadas del programa de mejoramiento, donde la selección suele sesgar las genéticas que se mantienen activas hacia individuos más parecidos entre sí.

6.2.2 Matrices de variancia-covariancia entre ambientes para el término de interacción genotipo-ambiente

La inclusión de la estructura FA(1) como variancia-covariancia del factor ambiente para el término de interacción genotipo-ambiente, permitió ajustar sin problemas de convergencia un modelo parsimonioso pero flexible, con el que se pudieron obtener predicciones para cada genotipo en cada ambiente. Además, ésta estructura juega un rol importante en el modelo ajustado, ya que, al igual que lo mencionado por Tolhurst (2022), contempla las similitudes y diferencias entre ambientes debidas a variables que impactan en el rendimiento de los genotipos, pero que no necesariamente fueron incluidas en el proceso de definición del factor ambiente (variables latentes). Otro impacto de incluir esta estructura de variancia-covariancia en la metodología utilizada es que permite disminuir el posible costo que tendría elegir un número excesivo de *clusters* a utilizar. Por ejemplo, una estructura que asuma covariancia nula entre ambientes (diagonal), y un número de *clusters* alto, podría dar lugar a sobreestimaciones en la ER de los genotipos. Cabe mencionarse que incluir una estructura FA con un mayor orden de factores, podría haber permitido ajustar un modelo más flexible y posiblemente mejorar el ajuste y la capacidad predictiva. Debido a problemas en la convergencia del modelo durante los procesos de validación cruzada, se decidió mantener la estructura FA reteniendo un único factor.

Las matrices de correlación genética entre ambientes mostraron resultados muy variados. Esto puede significar que el número de *clusters* elegido pudo ser acertado. Por otro lado, el agrupamiento en 2 bloques muy similares entre sí en la matriz de correlación debida al efecto de híbridos por ambiente podría estar indicando que se pudo haber reducido el número de ambientes en mayor medida, pero, tal como lo mencionado en párrafos anteriores, debe tenerse en cuenta

que esto tendría un costo en la precisión de las predicciones. Se considera que el número elegido para este trabajo fue aceptable.

Nuevamente, a través de la matriz de correlación entre ambientes debido al rendimiento observado en híbridos, puede confirmarse que el ambiente 9 fue muy diferente al resto. Si bien desde el punto de vista de la ER, es interesante incluir este tipo de ambiente en el análisis, debe tenerse en cuenta que la repetitividad de un clima tan extremo podría ser muy baja. La ponderación por frecuencia de ocurrencia de TAs podría evitar que el peso de este ambiente sea excesivo en la estimación de los EBLUPs por ambiente, y por lo tanto en la ER estimada.

Una limitante en la implementación de las matrices de variancia-covariancia fue la cantidad de parámetros que fue posible estimar evitando problemas de convergencia. Si bien la estructura FA(1) permite el intercambio de información entre ambientes y mejora el ajuste del modelo, otras parametrizaciones FA con mayor número de factores retenidos podrían haber permitido modelos más flexibles y una explicación más detallada de la IGA. Luego de un proceso de selección de modelos evaluando el ajuste mediante la comparación de valores de AIC, la capacidad predictiva mediante el proceso de validación cruzada, y la convergencia de los modelos, se decidió mantener un modelo simple que asegure la convergencia del mismo, sacrificando un mayor ajuste y capacidad predictiva.

6.3 Predicción de EBLUPs por ambiente

6.3.1 Evaluación del modelo ajustado

La capacidad predictiva del modelo ajustado permitió cumplir con los objetivos del trabajo, los valores presentados en general (a través de ambientes) concuerdan con lo reportado por Piepho et al., 2008; Crossa, 2012; Velazco et al. 2020; Burgueño et al. (2007); Burgueño et al. (2011); Acosta-Peach et al. (2017); Heslot et al. (2014); Lopez-Cruz et al. (2015). Sin embargo, los valores fueron menores en la medida que el escenario de predicción se hizo más desafiante, lo cual era un resultado esperable y concuerda con lo reportado por Malosetti et al. (2016).

Los resultados contemplando la totalidad de los datos mostraron variaciones en el coeficiente de correlación de 0.536 a 0.897, indicando un buen ajuste del mismo. En el E1 de validación cruzada, la capacidad predictiva fue buena, 0.56, mostrando además poca variación entre iteraciones, lo cual indica un resultado consistente. Sin embargo, el E2 mostró una variación alta entre iteraciones, donde dependiendo del ambiente en que se hiciera predicción sin datos fenotípicos, la capacidad predictiva fue alta (0.72) o baja (0.22). Cabe mencionarse que para el ambiente 6, donde las correlaciones genéticas a través de ambientes fueron bajas, la capacidad predictiva fue baja también. Sin embargo, en el ambiente 5, donde dichas correlaciones fueron de intermedias a altas, la capacidad predictiva fue también baja en comparación con otros ambientes. La mayor variabilidad en las predicciones encontrada para el E2 de validación cruzada coincide con lo reportado por Heslot et al. (2014), quienes también reportaron cambios en la capacidad predictiva para diferentes ambientes al modelar la IGA.

En el E3 se alcanzó menor capacidad predictiva que en E1 y E2, aunque con menor

variabilidad entre iteraciones que en el E2. Esto puede deberse a que, al predecir híbridos sin datos fenotípicos, la capacidad predictiva de cada iteración no fue dependiente de los ambientes que quedarán incluidos o excluidos en el set de entrenamiento, como sí sucede en el E2. La buena capacidad predictiva encontrada podría estar relacionada a la similitud genética entre los híbridos, lo cual es común de encontrar en etapas avanzadas de programas con muchos ciclos de mejoramiento.

En cuanto a la medición del sesgo, el modelo tendió a subestimar rendimientos en general, siendo más marcado en ambientes donde estos fueron altos. Para los ambientes de mayores rendimientos (ambientes 4 y 5), el modelo predijo sistemáticamente rendimientos menores, presentando además un rango acotado de valores predichos, para un rango amplio de valores observados.

La menor capacidad predictiva lograda en algunos ambientes, podría ser consecuencia del proceso de simplificación del factor ambiente. Variaciones dependientes de factores no incluidos en el proceso de definición de los ambientes, podrían generar la falta de explicación de la variabilidad observada, generando predicciones similares para un rango amplio de valores observados.

Es posible que parte de las variaciones no explicadas por el modelo fueran contempladas si se incluyera el término "localidad" en el proceso de estimación de la ER, pero esto tendría una desventaja en este contexto, ya que modelar el ambiente incluyendo el término localidad, significaría que los resultados estén asociados a un espacio geográfico, y no a un ambiente como resultado de variables climáticas o edáficas. Por lo desarrollado en el trabajo, esto podría tener

implicancias negativas en la repetitividad de la ER.

Una desventaja del uso de MLM para hacer predicciones, es que los EBLUPs predichos en cada ambiente para un individuo dependen no solo de los resultados del genotipo en particular, sino de los resultados del resto de los genotipos incluidos en el estudio. Este punto ha sido motivo de crítica para otras metodologías de estimación de la ER, y podría ser una limitante al comparar genotipos que no estuvieron incluidos en un mismo análisis. Para hacer selección en cohortes de un programa de mejoramiento, por otro lado, esto no presenta una gran limitante, ya que la capacidad de hacer predicción de todos los genotipos en todos los ambientes permite comparar resultados incluyendo todos los individuos de interés.

6.3.2 Espacio inferencial

Un aspecto a discutir en la evaluación del modelo es el espacio inferencial sobre el cual permite predecir. El objetivo principal del modelo ajustado en este trabajo fue poder evaluar a todos los genotipos en todos los ambientes de interés, de forma de poder hacer estimaciones de la ER con el menor sesgo posible. Asumiendo que la región y los años muestreados sean representativos de futuras campañas agrícolas, esto pudo cumplirse. Pero, bajo la metodología adoptada, el espacio inferencial esta limitado a los ambientes que formaron parte de los años y regiones incluidos en el estudio, lo cual es denominado como espacio de inferencia estrecho (McLean et al. 1991).

En modelos donde las variables climáticas y edáficas son modeladas directamente, como los modelos de regresión factorial (Denis, 1988; Piepho et al. 1998), es posible estimar la sensibilidad de cada genotipo a cada variable, abriendo el espacio inferencial a ambientes no incluidos en el estudio. La precisión en las predicciones dependerá del grado de conexión entre los ambientes

incluidos y los que no lo hayan sido. El problema de este tipo de modelos es que el número de variables a incluir está limitado, y discernir entre los efectos principales causantes de la IGA a través de genotipos puede ser difícil. Un avance reciente en este tipo de modelos fue reportado por Tolhurst et al. (2022), quienes mediante un modelo denominado IFA-LMM (por sus siglas en inglés *Integrated Factor Analytic Linear Mixed Model*) combinaron MLMs y estructuras particulares de FA para modelar la IGA en una red de ECRs de algodón, incorporando efectos de covariables ambientales explícitas y latentes.

Para el presente trabajo, se asumió que los principales TAs de la región objetivo fueron muestreados de forma representativa, significando que no fuera necesario hacer inferencia para ambientes desconocidos. Debido a esto, el efecto principal del ambiente fue modelado como efecto fijo. En los términos de interacción, la capacidad de modelar la estructura de variancia-covariancia debido a la inclusión del factor genotipo como un efecto aleatorio, permitió dar flexibilidad en el modelado, lo cual se tradujo en una buena capacidad predictiva.

6.4 Uso del índice de estabilidad I^2 en mejoramiento

Los resultados presentados muestran que fue posible caracterizar los híbridos de un programa de mejoramiento en cuanto a su ER utilizando el índice I^2 . A su vez, fue posible discriminar híbridos de rendimientos variables de aquellos con rendimientos más estables para una campaña agrícola no incluida en el ajuste del modelo. A pesar de las diferencias en la capacidad predictiva según el ambiente evaluado, la posibilidad de obtener predicciones para todos los genotipos en todos los ambientes fue fundamental para lograr una estimación insesgada de la ER. En las etapas tempranas de un programa de mejoramiento genético, la cantidad de genotipos probados es alta,

mientras que la cantidad de ambientes en los cuales éstos pueden probarse es baja. En este escenario, el MLM propuesto brinda la posibilidad de intercambiar información entre ambientes, y entre genotipos, permitiendo obtener predicciones para cada genotipo en cada ambiente.

Los autores del índice I^2 reportan que puede ser calculado con un número de estudios (ambientes) diferente. Si bien es posible el cálculo, bajo el contexto de evaluación de la ER, el no incluir algunos ambientes de efecto mayor (ambientes 5 y 4, de rendimientos altos, ambientes 8 y 9, de rendimientos bajos) para algunos individuos en su cálculo, podría dar resultados sesgados o no comparables entre genotipos. La articulación con el modelo ajustado permite evaluar la ER en etapas tempranas con información en todos los ambientes, permitiendo hacer selección de los mejores individuos con mayor confianza.

En etapas avanzadas de un programa de mejoramiento genético, donde la cantidad de individuos suele ser baja y el detalle en el análisis de cada uno suele ser mayor, podrían ampliarse los resultados de I^2 , utilizando por ejemplo un análisis como el desarrollado en la figura 24. Esta figura muestra el efecto de la IGA de forma simplificada, especificando la respuesta de cada genotipo en cada ambiente evaluado mediante los EBLUPs y su error muestral, y la heterogeneidad en la respuesta debida a la variabilidad entre ambientes mediante el índice I^2 . La figura puede ser de importancia para complementar los resultados aportados por el índice, ya que, en algunos casos, dos valores similares del mismo pueden tener diferentes interpretaciones. Por ejemplo, los híbridos H9 y H39 presentan valores de I^2 aproximadamente similares, pero el primero podría resultar de interés para el mejorador por su comportamiento en los ambientes de menor estrés, mientras que el segundo no parecería un genotipo conveniente para ser seleccionado debido a presentar bajos rendimientos esperados en algunos ambientes,

por ejemplo el ambiente 1.

6.4.1 Predicción utilizando el índice I^2

Un punto importante es que la caracterización para ER a partir de I^2 logró identificar genotipos de menor variabilidad en el rendimiento en una nueva campaña agrícola. Esto podría sugerir que la medición de la ER a partir de un estudio conceptual de la IGA, podría dar resultados prometedores en cuanto a la repetitividad del carácter. Si bien se observó variabilidad en los resultados para aquellos genotipos categorizados como “inestables” (altos valores de I^2), los que tuvieron bajos valores del índice, mostraron efectivamente una baja variabilidad en el rendimiento en la campaña siguiente. Sería de esperarse que el nivel de repetitividad dependa de la representatividad de los ambientes estudiados, y los ocurridos en la nueva campaña a predecir.

6.4.2 Selección utilizando el índice I^2

Los resultados presentados en la figura 23 muestran que hay variabilidad en la ER para los genotipos incluidos en este estudio, indicando que, mediante la evaluación realizada, podría fácilmente seleccionarse genotipos superiores para este carácter. Cabe destacarse nuevamente, que en etapas tardías del programa de mejoramiento, el uso de información como la provista en la figura 24, puede complementar el uso del índice, proporcionando detalle adicional sobre el comportamiento de los genotipos en cada ambiente.

6.4.3 Relación entre el índice I^2 y el rendimiento medio estandarizado

La evaluación de la relación entre I^2 y el rendimiento medio estandarizado (efecto principal del genotipo) muestra resultados que tienen implicancia en el uso de esta metodología en los procesos de selección. La ausencia de relación entre las variables, indica que el uso de I^2 agrega información no contenida en la media de rendimiento. Como consecuencia, la selección de los mejores genotipos no daría los mismos resultados utilizando solo una predicción del rendimiento a través de todos los ambientes, que si se agregara información acerca de la variabilidad de los rendimientos mediante el uso del índice desarrollado.

6.4.4 Comparación del índice desarrollado con algunas de las principales metodologías para la medición de la estabilidad del rendimiento

El uso del índice desarrollado, en conjunto con el complemento gráfico presentado en la figura 24, podría tener ventajas y desventajas con respecto a metodologías utilizadas para la medición del rendimiento y la ER. Comparando la metodología de este trabajo con los modelos AMMI1, se presentan como ventajas que el índice desarrollado toma en cuenta los errores intra-ambiente, lo cual permite ponderar las predicciones según el nivel de precisión que tengan y derivar un valor de ER que contemple dicha precisión. Una segunda ventaja es que al calcular el índice a partir de las predicciones hechas mediante un MLM, el procedimiento permite contemplar las covariancias por parentesco y entre ambientes, lo cual posibilita incluir una estructura de variancia-covariancia que se ajuste a las particularidades de bases de datos de ECRs, y permita además calcular el índice para genotipos que no hayan sido probados en todos los ambientes, algo que no es posible en forma directa utilizando modelos AMMI1. Por otro lado, los modelos AMMI1 presentan algunas

ventajas con respecto al índice propuesto. En primer lugar, permiten ajustar el modelo y deducir un estimador de la ER de forma directa, por ejemplo la distancia Euclídea al origen de coordenadas de un biplot, simplificando el proceso de análisis. En el caso del índice I^2 , es necesario inicialmente ajustar el MLM, luego predecir los valores genéticos, y finalmente calcular los valores del índice. En segundo lugar, los modelos AMMI permiten separar los efectos principales de genotipo y ambiente del efecto de su interacción, mientras que el modelo propuesto considera un efecto principal del ambiente, pero el efecto de los genotipos solo aparece en interacción con el ambiente, similar a lo propuesto en los modelos SREG y SHMM (Gauch, 2006). Un punto en común entre ambas metodologías es que ninguna incluye los efectos de las variables ambientales de forma explícita en el modelo, sino que solo es posible entender su efecto correlacionando o utilizando regresiones sobre los *scores* en modelos AMMI1 (Vargas et al. 1999), o sobre los ambientes generados en la metodología propuesta en este trabajo.

En comparación con los métodos de regresión, una ventaja importante del índice desarrollado es que no posee un supuesto de linealidad en la respuesta de los genotipos a los ambientes. Además, el índice no presenta el sesgo que normalmente se encuentra en los análisis de regresión, donde se utilizan los valores de rendimientos de los fenotipos sobre IAs. Finalmente, es de importancia destacar que en ambos métodos los valores de ER resultantes para un genotipo particular dependen de los demás genotipos incluidos en el experimento.

6.5 Futuras investigaciones

Algunos temas puntuales de interés deberían ser objetivo de futuras investigaciones. El primero es comprender si las variables climáticas y edáficas incluidas fueron suficientes para

explicar el ambiente como factor generador del rendimiento. La baja capacidad predictiva en algunos ambientes puntuales podría indicar una falta de información para la definición de estos.

Un punto relacionado a desarrollar es la dificultad en definir el número de ambientes. Los niveles elegidos deberían permitir explicar la IGA de forma suficientemente sencilla como para permitir una simple interpretación y establecer estrategias de mejoramiento, pero al mismo tiempo no enmascarar efectos mayores que sean de importancia en la explicación de la IGA, ya que de no contemplar correctamente esto, las mediciones de la ER serán demasiado generales, perdiendo utilidad.

Por otra parte, sería interesante contrastar en qué medida la definición de ambiente a partir de variables explicativas genera una mayor repetitividad en las estimaciones de la ER de los genotipos. De ser correcto, esto podría ser un avance importante en el logro de resultados a mediano plazo en el mejoramiento genético para este carácter, que en un contexto de cambio climático continúa ganando relevancia (Reckling et al. 2021) tanto para productores como para programas de mejoramiento.

Desde un punto de vista operativo, para lograr la selección de genotipos superiores en cuanto a la ER de forma sostenida a través de los años, es necesario que los programas de mejoramiento incorporen la captura de información climática y edáfica con un enfoque sistemático, como el logrado para datos fenotípicos o de enfermedades, de forma de permitir su fácil incorporación en los modelos utilizados. De esta forma, el ajuste del modelo presentado y el cálculo del índice I^2 , por ejemplo, podrían proveer la información necesaria para seleccionar exitosamente genotipos de mayor ER.

Finalmente, es de importancia mencionar que el índice I^2 no fue utilizado con anterioridad en el campo del mejoramiento o la agronomía, por lo que no hay resultados en la bibliografía que permitan comparar directamente los resultados obtenidos en este trabajo con antecedentes de la bibliografía. Sin embargo, el amplio uso del índice en otros campos de aplicación provee confianza en la herramienta como medición de la heterogeneidad de conjuntos de datos.

7 CONCLUSIONES

Se considera que el trabajo alcanzó los objetivos propuestos. El índice de estabilidad obtenido a partir del MLM permitió evaluar y seleccionar híbridos de maíz por su ER. La definición de ambiente utilizada permitió simplificar el estudio de la IGA, brindando capacidad de interpretación de la misma. El uso de MPGs basados en MLMs que modelen la IGA utilizando información genómica y una estructura de variancia-covariancia flexible entre ambientes para el término de interacción genotipo-ambiente, articulado con el índice I^2 para la medición de la ER, permitió lograr una herramienta que hace posible la selección de los mejores genotipos para la ER, en todas las etapas de un programa de mejoramiento genético vegetal. En etapas tempranas, la capacidad predictiva por ambiente asegura estimaciones de I^2 comparables para todos los genotipos. Para etapas avanzadas, la definición del factor ambiente utilizada asegura simplicidad en el análisis, basando el cálculo de la ER en los principales factores causales de la IGA.

8 REFERENCIAS

- Acosta-Pech, R., Crossa, J., de Los Campos, G., Teyssèdre, S., Claustres, B., Pérez-Elizalde, S., & Pérez-Rodríguez, P. (2017). Genomic models with genotype× environment interaction for predicting hybrid performance: an application in maize hybrids. *Theoretical and Applied Genetics*, 130, 1431-1440.
- Akaike, H. (1973). Maximum likelihood identification of Gaussian autoregressive moving average models. *Biometrika*, 60(2), 255-265.
- Becker, H. C., & Leon, J. I. (1988). Stability analysis in plant breeding. *Plant breeding*, 101(1).
- Baker, R. J. (1988). Tests for crossover genotype-environmental interactions. *Canadian journal of plant science*, 68(2), 405-410.
- Burgueño, J., Crossa, J., Cotes, J. M., Vicente, F. S., & Das, B. (2011). Prediction assessment of linear mixed models for multienvironment trials. *Crop Science*, 51(3), 944-954.
- Bustos-Korts, D., Boer, M. P., Layton, J., Gehringer, A., Tang, T., Wehrens, R., ... & van Eeuwijk, F. A. (2022). Identification of environment types and adaptation zones with self-organizing maps; applications to sunflower multi-environment data in Europe. *Theoretical and Applied Genetics*, 135(6), 2059-2082.
- Butler, D. G., Cullis, B. R., Gilmour, A. R., Gogel, B. G., & Thompson, R. (2017). ASReml-R Reference Manual Version 4. Hemel Hempstead, UK: VSN International Ltd
- Calviño, P. A., Andrade, F. H., & Sadras, V. O. (2003). Maize yield as affected by water availability, soil depth, and crop management. *Agronomy Journal*, 95(2), 275-281.

- Chapman, S. C., Cooper, M., Butler, D. G., & Henzell, R. G. (2000). Genotype by environment interactions affecting grain sorghum. I. Characteristics that confound interpretation of hybrid yield. *Australian Journal of Agricultural Research*, 51(2), 197-208.
- Chapman, S. C., Hammer, G. L., Butler, D. G., & Cooper, M. (2000). Genotype by environment interactions affecting grain sorghum. III. Temporal sequences and spatial patterns in the target population of environments. *Australian Journal of Agricultural Research*, 51(2), 223-234.
- Chernoff, H. (1975). Cluster analysis for applications (Michael R. Anderberg). *SIAM Review*, 17(3), 580-582.
- Comstock, R. E., & Moll, R. H. (1963). Genotype-environment interactions. *Statistical genetics and plant breeding*, 982, 164-196.
- Crossa, J., Burgueño, J., Cornelius, P. L., McLaren, G., Trethowan, R., & Krishnamachari, A. (2006). Modeling genotype × environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. *Crop science*, 46(4), 1722-1733.
- Crossa, J., Campos, G. D. L., Pérez, P., Gianola, D., Burgueño, J., Araus, J. L., ... & Braun, H. J. (2010). Prediction of genetic values of quantitative traits in plant breeding using pedigree and molecular markers. *Genetics*, 186(2), 713-724.
- Crossa, J. (1990). Statistical analyses of multilocation trials. *Advances in agronomy*, 44, 55-85.
- De La Vega, A. J., & Chapman, S. C. (2000). Environmental attributes underlying environmental main-effects and genotype by environment interactions in sunflower. In *Proc. 15th. Int. Sunflower Conf. Toulouse France. pp D.*

- De Los Campos, G. U. S. T. A. V. O., Gianola, D., Rosa, G. J., Weigel, K. A., & Crossa, J. (2010). Semi-parametric genomic-enabled prediction of genetic values using reproducing kernel Hilbert spaces methods. *Genetics research*, 92(4), 295-308.
- del Fresno, M. C. M., & Confalone, A. (2022). Influence of climate on corn (*Zea mays*) yield in the center of Buenos Aires province, Argentina. *Cuban Journal of Agricultural Science*, 56(4).
- Denis, J. B., Piepho, H. P., & van Eeuwijk, F. A. (1997). Modelling expectation and variance for genotype by environment data. *Heredity*, 79(2), 162-171.
- De Resende, M. D. V., & Thompson, R. (2004). Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. *Revista de Matemática e Estatística, São Paulo*, 22(2), 31-52.
- Duarte, J. B., & Vencovsky, R. (1999). Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise "AMMI". *Série Monografias. Sociedade Brasileira de Genética*, (9).
- Eberhart, S. T., & Russell, W. (1966). Stability parameters for comparing varieties 1. *Crop science*, 6(1), 36-40.
- Echarte, Laura; Otegui, Maria Elena; Consumo y eficiencia en el uso de agua; Maizar; 2023; 221-244
- Elias, A. A., Robbins, K. R., Doerge, R. W., & Tuinstra, M. R. (2016). Half a century of studying genotype× environment interactions in plant breeding experiments. *Crop Science*, 56(5), 2090-2105.

- FAO. (2023). Datos sobre alimentación y agricultura. [Consultado el [17 de Marzo de 2024]]. [https:// www.fao.org] Licencia: CC-BY-4.0". Roma, Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación.
- Fasahat, P., Rajabi, A., Mahmoudi, S. B., M. A., & Rad, J. M. (2015) An overview on the use of stability parameters in plant breeding. *Biometrics & Biostatistics International Journal*, 2(5), 00043.
- Fernando, R. L., & Grossman, M. (1989). Marker assisted selection using best linear unbiased prediction. *Genetics Selection Evolution*, 21(4), 467-477.
- Finlay, K. W., & Wilkinson, G. N. (1963). The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Australian journal of agricultural research*, 14(6), 742-754.
- Freeman, G. H., & Perkins, J. M. (1971). Environmental and genotype-environmental components of variability. VIII. Relations between genotypes grown in different environments and measures of these environments.
- Funk, C., Peterson, P., Landsfeld, M., Pedreros, D., Verdin, J., Shukla, S., ... & Michaelsen, J. (2015). The climate hazards infrared precipitation with stations—a new environmental record for monitoring extremes. *Scientific data*, 2(1), 1-21.
- Gezan S, de Oliveira AA, Galli G, Murray D (2022). ASRgenomics: An R package with complementary genomic functions. *VSN International, Hemel Hempstead, United Kingdom*.
- Gauch Jr, H. G. (2006). Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop science*, 46(4), 1488-1500.

- Gauch Jr, H. G., & Zobel, R. W. (1997). Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop science*, 37(2), 311-326.
- Hästbacka, J., de la Chapelle, A., Kaitila, I., Sistonen, P., Weaver, A., & Lander, E. (1992). Linkage disequilibrium mapping in isolated founder populations: diastrophic dysplasia in Finland. *Nature genetics*, 2(3), 204-211.
- Habier, D., Fernando, R. L., & Dekkers, J. (2007). The impact of genetic relationship information on genome-assisted breeding values. *Genetics*, 177(4), 2389-2397.
- Henderson, C. R. (1973). Sire evaluation and genetic trends. *Journal of Animal Science*, 1973(Symposium), 10-41.
- Heslot, N., Akdemir, D., Sorrells, M. E., & Jannink, J. L. (2014). Integrating environmental covariates and crop modeling into the genomic selection framework to predict genotype by environment interactions. *Theoretical and applied genetics*, 127, 463-480.
- Higgins, J. P., & Thompson, S. G. (2002). Quantifying heterogeneity in a meta-analysis. *Statistics in medicine*, 21(11), 1539-1558.
- Holland, J. B., Nyquist, W. E., Cervantes-Martínez, C. T., & Janick, J. (2003). Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. *Plant breeding reviews*, 22(9-112).
- Huang L (2024). *leaflet.providers: Leaflet Providers*. R package version 2.0.0.9000, <https://github.com/rstudio/leaflet.providers>.
- Huedo-Medina, T. B., Sánchez-Meca, J., Marín-Martínez, F., & Botella, J. (2006). Assessing heterogeneity in meta-analysis: Q statistic or I² index?. *Psychological methods*, 11(2), 193.

- Isik, F., Holland, J., & Maltecca, C. (2017). *Genetic data analysis for plant and animal breeding* (Vol. 400). Cham, Switzerland: Springer International Publishing.
- Kang, M. S. (2020). Genotype-environment interaction and stability analyses: an update. *Quantitative genetics, genomics and plant breeding*, 9, 140-61.
- Kang, M. S. (Ed.). (2020). *Quantitative genetics, genomics and plant breeding*. CABI.
- Lawley, D. N., & Maxwell, A. E. (1973). Regression and factor analysis. *Biometrika*, 60(2), 331-338.
- Lin, C. S., Binns, M. R., & Lefkovich, L. P. (1986). Stability analysis: where do we stand? 1. *Crop science*, 26(5), 894-900.
- Li, Y., Kaur, S., Pembleton, L. W., Valipour-Kahrood, H., Rosewarne, G. M., & Daetwyler, H. D. (2022). Strategies of preserving genetic diversity while maximizing genetic response from implementing genomic selection in pulse breeding programs. *Theoretical and Applied Genetics*, 135(6), 1813-1828.
- Löffler, C. M., Wei, J., Fast, T., Gogerty, J., Langton, S., Bergman, M., ... & Cooper, M. (2005). Classification of maize environments using crop simulation and geographic information systems. *Crop Science*, 45(5), 1708-1716.
- Lush, J. L. (1943). Animal breeding plans. *Animal breeding plans.*, (Edn 2).
- Lynch, M., & Ritland, K. (1999). Estimation of pairwise relatedness with molecular markers. *Genetics*, 152(4), 1753-1766.

- Malosetti, M., Bustos-Korts, D., Boer, M. P., & van Eeuwijk, F. A. (2016). Predicting responses in multiple environments: issues in relation to genotype \times environment interactions. *Crop science*, 56(5), 2210-2222.
- Mardia, K. V., Kent, J. T., & Taylor, C. C. (2024). *Multivariate analysis* (Vol. 88). John Wiley & Sons.
- McLean, R. A., Sanders, W. L., & Stroup, W. W. (1991). A unified approach to mixed linear models. *The American Statistician*, 45(1), 54-64.
- Meuwissen, T. H., Hayes, B. J., & Goddard, M. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157(4), 1819-1829.
- Ministerio de Economía de la Nación Argentina (2023). *Panorama agroindustrial: Octubre - Noviembre 2023* [Presentación PowerPoint]. Gobierno de Argentina. https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/2021/12/panorama_agroindustrial_-_octubre-noviembre_2023_pdf
- Mumford, M. H., Forknall, C. R., Rodriguez, D., Eyre, J. X., & Kelly, A. M. (2023). Incorporating environmental covariates to explore genotype \times environment \times management (G \times E \times M) interactions: A one-stage predictive model. *Field Crops Research*, 304, 109133.
- Otegui, M. E., & Mercau, J. L. (2021). Fecha de siembra y rendimiento de maíz en ambientes con provisión hídrica contrastante de la región central de Argentina. *Anales de la ANAV*, 71.
- Orthoefer, F. T., & Eastman, J. (2004). Corn processing and products. Corn: Origin, History, Technology, and Production. *John Wiley and Sons*, pp. 867e896.
- Perkins, J. M., & Jinks, J. L. (1968). Environmental and genotype-environmental components

of variability. *Heredity*, 23(3), 339-356.

- Piepho, H. P. (1998). Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor-analytic variance-covariance structures. *Theoretical and Applied Genetics*, 97, 195-201.
- Piepho, H. P. (1998). Methods for comparing the yield stability of cropping systems. *Journal of Agronomy and crop science*, 180(4), 193-213.
- Podlich, D. W., Cooper, M., Basford, K. E., & Geiger, H. H. (1999). Computer simulation of a selection strategy to accommodate genotype environment interactions in a wheat recurrent selection programme. *Plant Breeding*, 118(1), 17-28.
- Pour-Aboughadareh, A., Khalili, M., Poczai, P., & Olivoto, T. (2022). Stability indices to deciphering the genotype-by-environment interaction (GEI) effect: An applicable review for use in plant breeding programs. *Plants*, 11(3), 414.
- Rathjen AJ (1994) The biological basis of genotype by environment interaction—its definition and management. In 'Proceedings of the Seventh Assembly of the Wheat Breeding Society of Australia'. (Eds J Paull, IS Dundas, KJ Shepherd, GJ Hollamby) pp. 13–17. (Wheat Breeding Society of Australia, The Australian National University: Canberra)
- R Core Team (2019). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>
- Reckling, M., Ahrends, H., Chen, T. W., Eugster, W., Hadasch, S., Knapp, S., ... & Döring, T. F. (2021). Methods of yield stability analysis in long-term field experiments. A review. *Agron Sustain Dev* 41 (2): 27.

- Ripley, B., Venables, B., Bates, D. M., Hornik, K., Gebhardt, A., Firth, D., & Ripley, M. B. (2013). Package 'mass'. *Cran r*, 538(113-120), 822.
- Ritchie, S. W., Hanway, J. J., & Benson, G. O. (1986). How a corn plant develops. Iowa State Univ. Coop. Ext. Serv. Spec. Rep, 48, 21.
- Ritland, K. (1996). Estimators for pairwise relatedness and individual inbreeding coefficients. *Genetics Research*, 67(2), 175-185.
- Satorre, E. H., & Andrade, F. H. (2021). Cambios productivos y tecnológicos de la agricultura extensiva argentina en los últimos quince años.
- Satorre, E. H., Tronfi, E., Costamagna, C., Iturrez, T., & Arinci, A. (2021). Factores ambientales y de manejo determinantes del rendimiento de maíz en la Región Centro-Norte de la provincia de Córdoba. *Agronomía & Ambiente*, 41(2).
- Smith, A., Cullis, B., & Thompson, R. (2001). Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. *Biometrics*, 57(4), 1138-1147.
- Smith, A. B., & Cullis, B. R. (2018). Plant breeding selection tools built on factor analytic mixed models for multi-environment trial data. *Euphytica*, 214(8), 143.
- Smith, A. B., Cullis, B. R., & Thompson, R. (2005). The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. *The Journal of Agricultural Science*, 143(6), 449-462.
- Technow, F., Schrag, T. A., Schipprack, W., Bauer, E., Simianer, H., & Melchinger, A. E.

- (2014). Genome properties and prospects of genomic prediction of hybrid performance in a breeding program of maize. *Genetics*, 197(4), 1343-1355.
- Tolhurst, D. J., Gaynor, R. C., Gardunia, B., Hickey, J. M., & Gorjanc, G. (2022). Genomic selection using random regressions on known and latent environmental covariates. *Theoretical and Applied Genetics*, 135(10), 3393-3415.
 - Uribe Larrea M., F. Izzo, J. Roig, M. Melani y G. Van Becelaere. (2022). Análisis de los efectos del mejoramiento genético sobre el rendimiento y estabilidad en híbridos de maíz desarrollados entre 1993 y 2021. *XII Congreso Nacional de Maíz*. Pergamino, Argentina.
 - Van Becelaere, G., & Vartorelli, F. (2023). Mejoramiento genético-mirada de la industria. *Fernando Andrade, María Elena Otegui, Alfredo Cirilo, Sergio Uhart*, 467.
 - VanRaden, P. (2007). Genomic measures of relationship and inbreeding. *INTERBULL bulletin*, (37), 33-33.
 - Velazco, J. G., Jordan, D. R., Hunt, C. H., Mace, E. S., & van Eeuwijk, F. A. (2020). Genomic prediction for broad and specific adaptation in sorghum accommodating differential variances of SNP effects. *Crop Science*, 60(5), 2328-2342.
 - Verbeke, G., & Molenberghs, G. (2000). Estimation of the marginal model. *Linear mixed models for longitudinal data*, 41-54.
 - Vargas, M., Crossa, J., van Eeuwijk, F. A., Ramírez, M. E., & Sayre, K. (1999). Using partial least squares regression, factorial regression, and AMMI models for interpreting genotype × environment interaction. *Crop science*, 39(4), 955-967.

- West, B. T., Welch, K. B., & Galecki, A. T. (2022). Linear mixed models: a practical guide using statistical software. *Chapman and Hall/CRC*.
- Wickham H (2016). *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York. ISBN 978-3-319-24277-4, <https://ggplot2.tidyverse.org>.
- Yates, F.; Cochran, W.G. The analysis of groups of experiments. *J. Agric. Sci.* 1938, 28, 556–580.

9 ANEXO I

Las mediciones de las variables climáticas incluidas en este trabajo se realizaron diariamente durante todo el ciclo del cultivo (de siembra a cosecha). Los valores de cada variable fueron luego separados en cuatro intervalos de fases de desarrollo del cultivo y promediados en cada intervalo. Esto se lleva a cabo debido a que cada variable climática puede tener diferentes efectos en el rendimiento según la etapa fenológica del cultivo en que adopte determinados valores (por ejemplo, no es lo mismo un suceso de altas temperaturas en las primeras etapas de desarrollo del cultivo que en las intermedias o finales).

Los 4 intervalos se corresponden con las etapas fenológicas V1-V6, V6-VT, VT-R2 y R2-R6. Cada una de estas etapas puede ser descrita según la escala de Ritchie y Hanway (1986) para identificar el estado de desarrollo de una planta de maíz. Esta escala divide al ciclo del cultivo de maíz en etapas vegetativas, designadas según el número de hojas desarrolladas (V1, V2, Vn) hasta que emerge la inflorescencia masculina (VT), y etapas reproductivas, designadas R1 a R6, cada etapa es definida por un evento morfológico puntual, detallado en la tabla 6 y en la figura 27.

Etapa Fenológica	Etapa en la Escala
Emergencia	VE
Primera hoja expandida	V1
Segunda hoja expandida	V2
n hojas expandidas	Vn
Panojamiento (floración masculina)	VT
Emergencia de Estigmas (floración femenina)	R1
Periodo de Cuaje	R2
Llenado de Granos: grano lechoso	R3
Llenado de Granos: grano pastoso	R4
Llenado de Granos: grano indentado	R5
Madurez Fisiológica	R6

Tabla 6: resumen de estadios fenológicos del cultivo según la escala de Ritchie y Hanway.

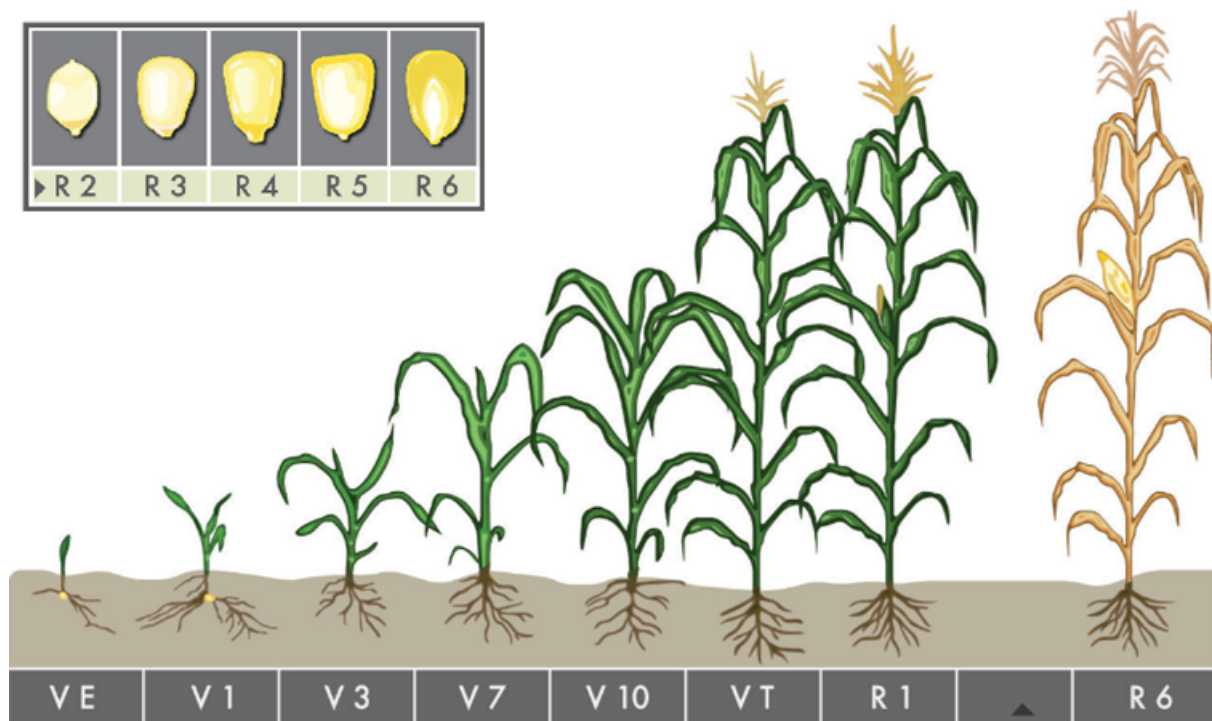


Figura 27: resumen de etapas fenológicas del cultivo según la escala de Ritchie y Hanway.

Las variables climáticas utilizadas para la construcción de los clusters fueron:

- Temperatura Media - [V1 – V6] (°C)

- Temperatura Media - (V6 – VT) (°C)
- Temperatura Media - [VT – R2] (°C)
- Temperatura Media - (R2 – R6] (°C)
- Temperatura Máxima Media - [V1 – V6] (°C)
- Temperatura Máxima Media - (V6 – VT) (°C)
- Temperatura Máxima Media - [VT – R2] (°C)
- Temperatura Máxima Media - (R2 – R6] (°C)
- Temperatura Mínima Media - [V1 – V6] (°C)
- Temperatura Mínima Media - (V6 – VT) (°C)
- Temperatura Mínima Media - [VT – R2] (°C)
- Temperatura Mínima Media - (R2 – R6] (°C)
- Cantidad de días con temperaturas mayores a 34 °C - [VE] (Conteo)
- Cantidad de días con temperaturas mayores a 34 °C - (V1 – VT) (Conteo)
- Cantidad de días con temperaturas mayores a 34 °C - [VT – R2] (Conteo)
- Cantidad de días con temperaturas mayores a 34 °C - (R2 – R6] (Conteo)
- Humedad del suelo en los primeros cinco centímetros - [V1 – V6] (mm)
- Humedad del suelo en los primeros cinco centímetros - (V6 – VT) (mm)
- Humedad del suelo en los primeros cinco centímetros - [VT – R2] (mm)
- Humedad del suelo en los primeros cinco centímetros - (R2 – R6] (mm)
- Humedad del suelo en los primeros cien centímetros - [V1 – V6] (mm)
- Humedad del suelo en los primeros cien centímetros - (V6 – VT) (mm)
- Humedad del suelo en los primeros cien centímetros - [VT – R2] (mm)
- Humedad del suelo en los primeros cien centímetros - (R2 – R6] (mm)
- Evapotranspiración Media - [V1 – V6] (mm/día)
- Evapotranspiración Media - (V6 – VT) (mm/día)
- Evapotranspiración Media - [VT – R2] (mm/día)

- Evapotranspiración Media - (R2 – R6] (mm/día)
- Precipitaciones Acumuladas (mm)

10 ANEXO II

En cuanto a la distribución geográfica de los *clusters* formados, puede observarse que: el *cluster* 1 quedó conformado por ensayos principalmente en el oeste de Buenos Aires y sur de Córdoba en las campañas 2020-2021 y 2022-2023, y por ensayos en el sur de Córdoba en la campaña 2021-2022 (figura 28).

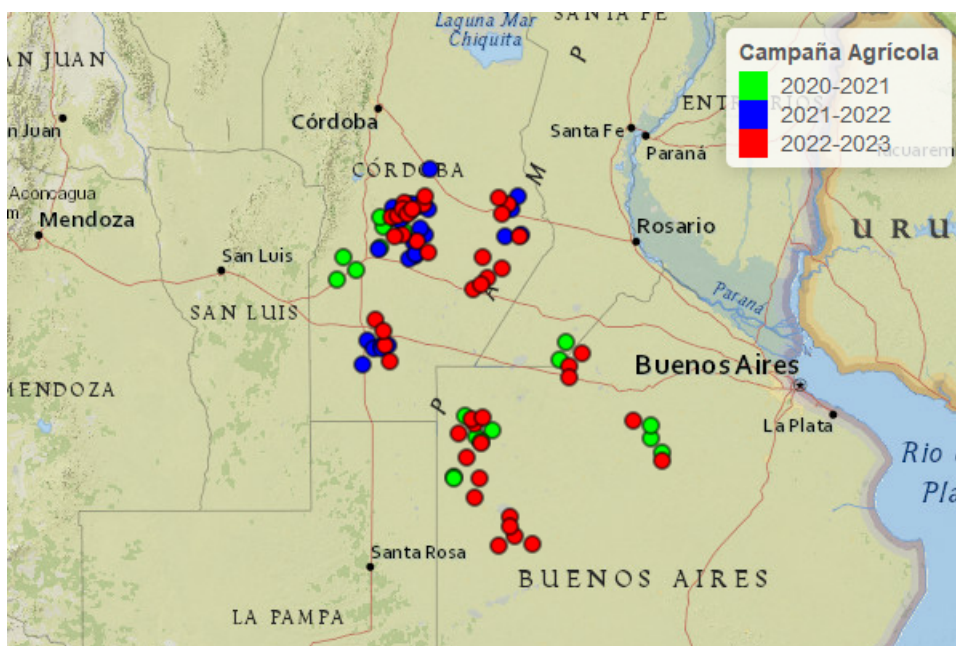


Figura 28: posición geográfica de los ensayos contenidos en el cluster 1.

El *cluster* 2 (figura 29) estuvo conformado por ensayos del sur de Córdoba y oeste de Buenos Aires en la campaña 2020-2021, y del centro de Córdoba en la campaña 2022-2023. El *cluster* 3 incluyó principalmente por ensayos del sur y centro de Santa Fe y este de Córdoba, tanto en la campaña 2020-2021 como la campaña 2021-2022 (figura 30). El *cluster* 4 fue conformado por ensayos del centro-norte de Buenos Aires en las campañas 2020-2021 y 2021-2022 y algunos realizados en el sur de Santa Fe en la campaña 2020-2021 (figura 31).

El *cluster* 5 incluyó únicamente ensayos del centro-norte y oeste de Buenos Aires de la

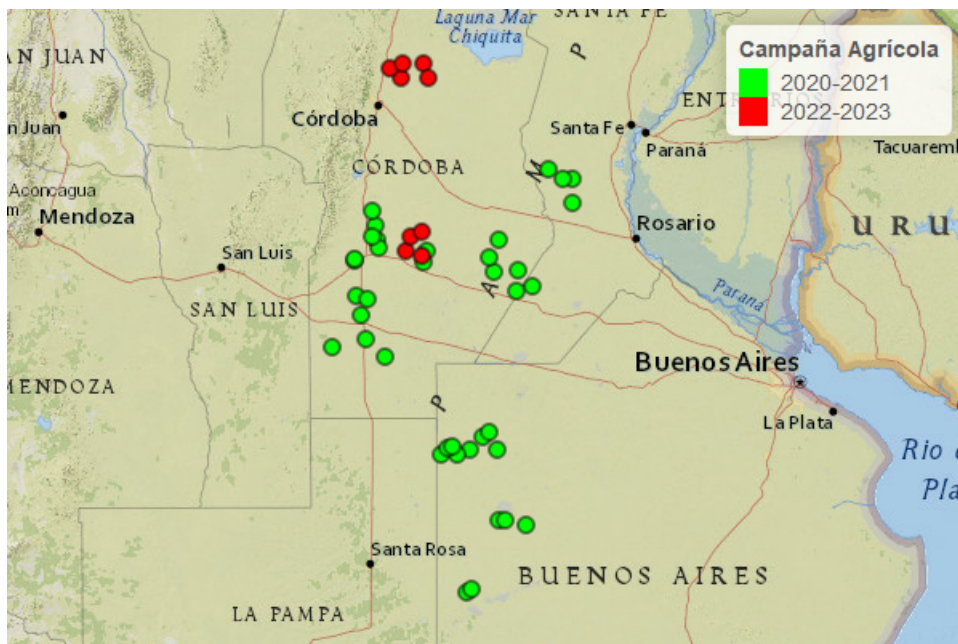


Figura 29: posición geográfica de los ensayos contenidos en el cluster 2.

campaña 2021-2022 (figura 32).

El *cluster* 6 (figura 33) quedó conformado por ensayos del centro de Córdoba y oeste de Buenos Aires de la campaña 2021-2022. El *cluster* 7 incluyó localidades principalmente del centro y sur de Córdoba, y en menor medida del oeste de Buenos Aires, para la campaña 2021-2022 (figura 34).

El *cluster* 8 (figura 35) quedó conformado por ensayos de la campaña 2022-2023, ubicados geográficamente en el sur de Córdoba y oeste de Buenos Aires. Por último, el *cluster* 9 incluyó también ensayos únicamente de la campaña 2022-2023 (figura 36), de la zona centro-norte de Buenos Aires, centro y sur de Santa Fe y sudeste de Córdoba.

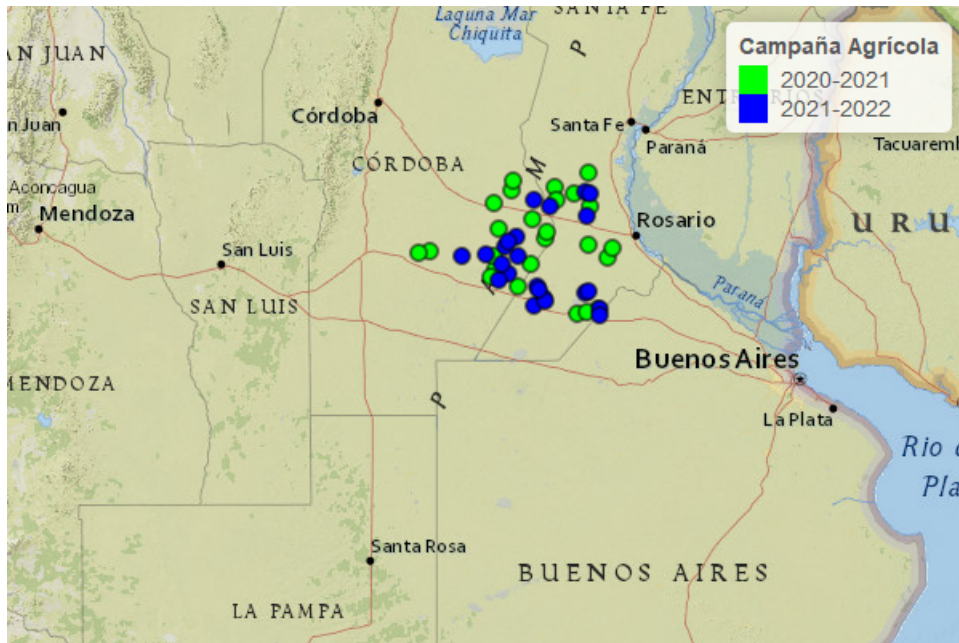


Figura 30: posición geográfica de los ensayos contenidos en el cluster 3.

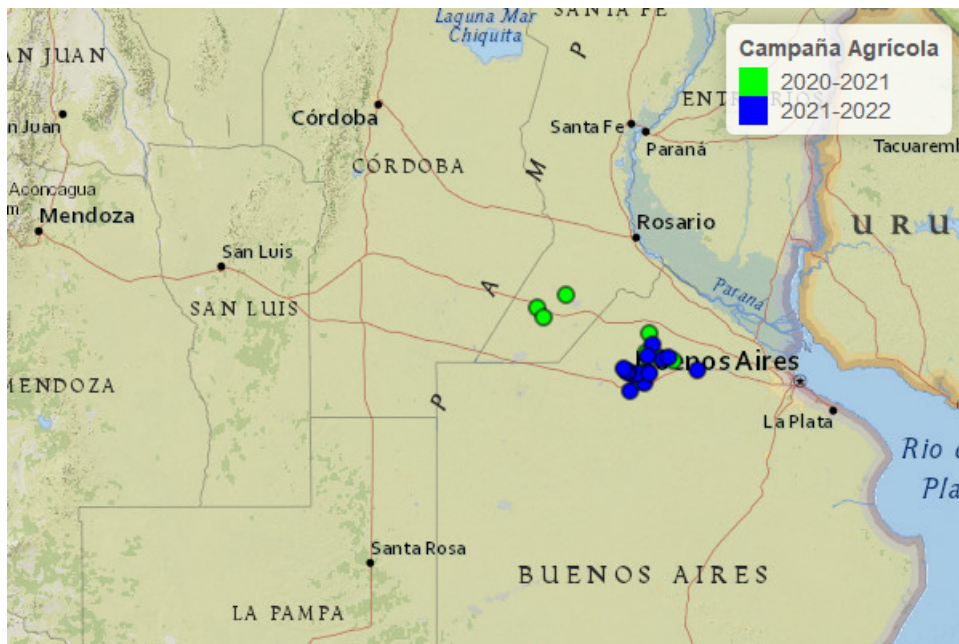


Figura 31: posición geográfica de los ensayos contenidos en el cluster 4.

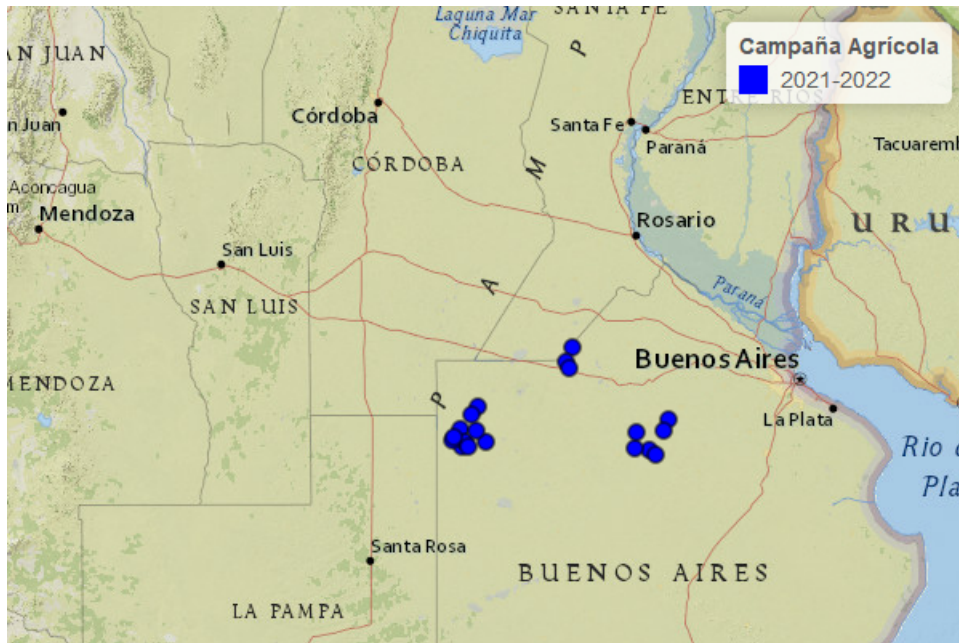


Figura 32: posición geográfica de los ensayos contenidos en el cluster 5.

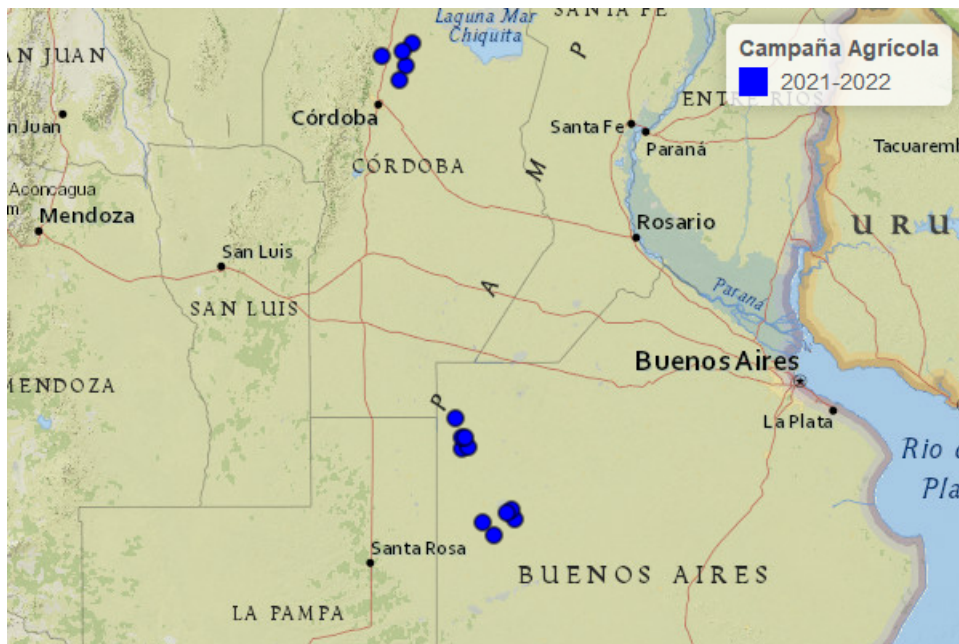


Figura 33: posición geográfica de los ambientes contenidos en el cluster 6.

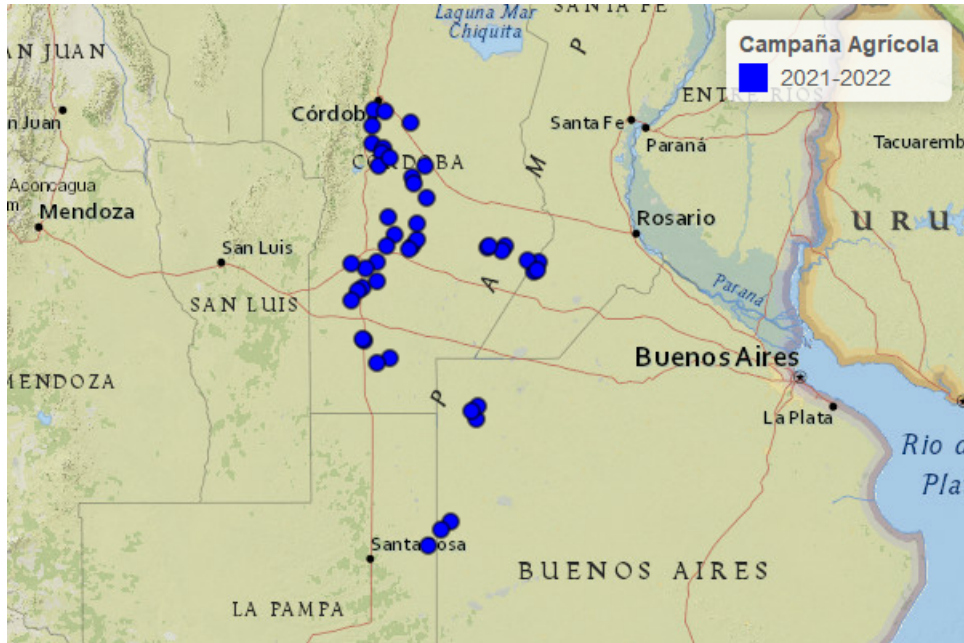


Figura 34: posición geográfica de los ambientes contenidos en el cluster 7.

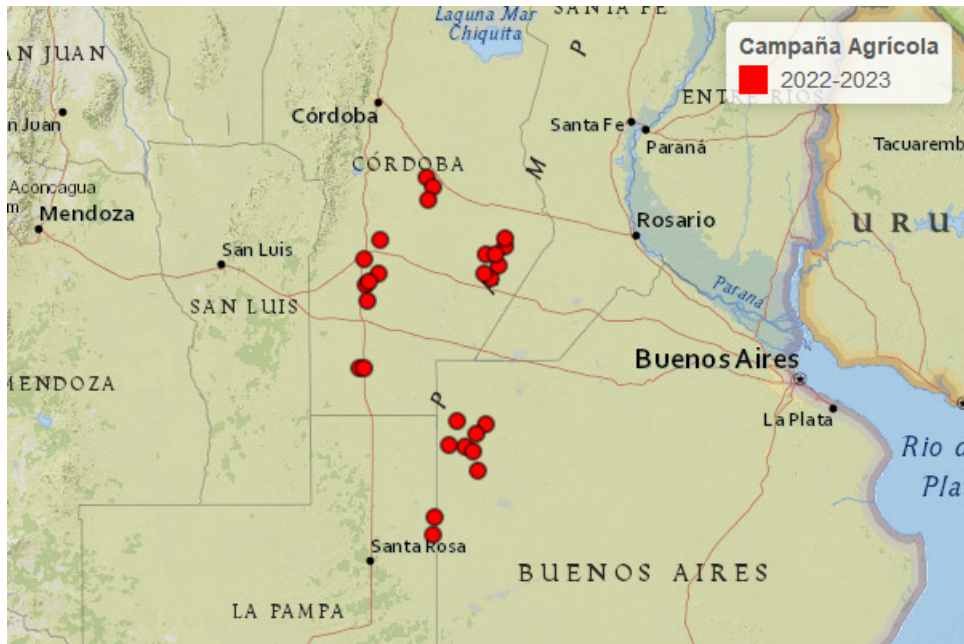


Figura 35: posición geográfica de los ambientes contenidos en el cluster 8.

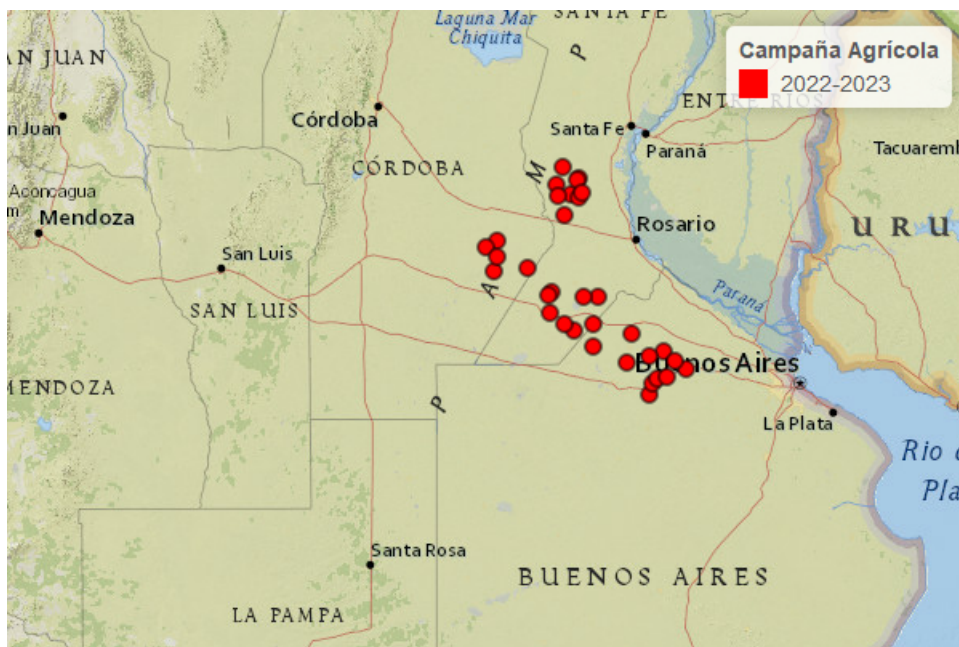


Figura 36: posición geográfica de los ambientes contenidos en el cluster 9.

11 ANEXO III

A modo de ejemplo, se presenta el cálculo de I^2 para un híbrido cuyas predicciones por ambiente se presentan en la tabla 7. Los datos utilizados en este ejemplo provienen de un proceso aleatorio, debido a cuestiones de confidencialidad de los datos.

Híbrido	Ambiente	EBLUP HxA	ERROR STD HxA	EBLUP MxA	ERROR STD MxA	EBLUP PxA	ERROR STD PxA
MxPx	1	-2.14	1.55	0.16	0.22	0.97	0.18
MxPx	2	3.16	1.31	0.19	0.23	-0.44	0.16
MxPx	3	4.74	0.97	1.17	0.19	0.15	0.25
MxPx	4	2.97	1.36	1.14	0.22	-0.60	0.28
MxPx	5	-0.06	0.79	-0.89	0.19	0.64	1.26
MxPx	6	0.51	0.71	-0.20	1.28	2.35	1.73
MxPx	7	1.09	0.91	-0.21	0.93	-1.03	0.90
MxPx	8	-0.19	0.93	0.82	1.07	-1.62	1.05
MxPx	9	-0.96	0.74	-0.63	1.22	-3.04	1.26

Tabla 7: datos necesarios para el cálculo del índice I^2 .

El cálculo de I^2 , según lo desarrollado en (27), (28) y (29):

$$w_{h|j=1} = \frac{1}{\sqrt{\widehat{\sigma}_h^2}} = \frac{1}{\sqrt{1.55^2 + 0.22^2 + 0.18^2}} = 0.63 \quad (29)$$

Los pesos correspondientes para $j = 1, \dots, 9$ son: 0.63, 0.75, 0.98, 0.71, 0.67, 0.44, 0.63, 0.57, 0.53

$$\begin{aligned}\bar{T}_h &= \frac{\sum_j w_{jh} T_{jh}}{\sum_j w_{jh}} = & (30) \\ &= \frac{0.63 \times (-2.14 + 0.16 + 0.97) + \dots + 0.53 \times (-0.96 - 0.63 - 3.04)}{0.63 + \dots + 0.53} = 1.32\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}Q_h &= \sum w_{jh} (T_{jh} - \bar{T}_h)^2 = 0.63 \times (-2.14 + 0.16 + 0.97 - 1.32)^2 & (31) \\ &+ \dots + 0.53 \times (-0.96 - 0.63 - 3.04 - 1.32)^2 = 56.33\end{aligned}$$

$$I_h^2 = \frac{Q_h - (k_h - 1)}{Q_h} = \frac{56.33 - (9 - 1)}{56.33} \times 100 = 85.79 \quad (32)$$