

UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA
FACULTAD DE AGRONOMÍA

DISEÑO DE EXPERIMENTOS Y TÉCNICAS DE CONTROL LOCAL EN UN
PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE TRIGO

por

Paulina SIRI PÉREZ

TESIS presentada como uno de
los requisitos para obtener el
título de Ingeniera Agrónoma.

MONTEVIDEO
URUGUAY
2019

Tesis aprobada por:

Director: _____

Ing. Agr. Alejandra Borges

Bioq. Clin. Bettina Lado

Ing Agr. Martín Quincke

Fecha: 15 de mayo de 2019

Autora: _____

Paulina Siri Pérez

AGRADECIMIENTOS

En primer lugar a mi familia y especialmente a mi madre, por estar siempre y acompañar tanto en los momentos de flaqueza o desmotivación como en los momentos de más empuje.

A mis amigas y hermanas de la vida que caminaron a mi lado todo el tiempo, y especialmente a les de FAGRO que hicieron este camino más ameno y divertido, siempre trabajando en conjunto para sortear las dificultades que podían presentarse.

A mis tutoras Ale y Betti, siempre dispuestas y tirando para adelante, un apoyo y soporte fundamental tanto académicamente como a nivel personal.

A todo el equipo DBEC por estar siempre y acompañar los procesos con alegría y motivación.

TABLA DE CONTENIDO

	Página
PÁGINA DE APROBACIÓN.....	II
AGRADECIMIENTOS.....	III
LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES.....	VI
1. <u>INTRODUCCIÓN</u>	1
2. <u>REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA</u>	3
2.1. <u>TRIGO</u>	3
2.1.1. <u>Importancia del trigo en el mundo</u>	4
2.1.2. <u>Importancia del trigo en Uruguay</u>	5
2.2. <u>MEJORAMIENTO GENÉTICO</u>	6
2.2.1. <u>Mejoramiento genético del trigo</u>	6
2.3. <u>DISEÑO DE EXPERIMENTOS</u>	8
2.3.1. <u>Principios fundamentales del diseño de experimentos</u>	9
2.3.1.1. <u>Repetición</u>	9
2.3.1.2. <u>Aleatorización</u>	9
2.3.1.3. <u>Control local</u>	9
2.3.2. <u>Diseños experimentales</u>	10
2.3.2.1. <u>Diseño completamente al azar</u>	10
2.3.2.2. <u>Diseño en bloques completamente al azar</u>	11
2.3.2.3. <u>Diseño en bloques incompletos</u>	11
2.4. <u>MODELOS LINEALES GENERALES</u>	13
2.4.1. <u>Características y supuestos</u>	13
2.4.2. <u>Verificación de supuestos</u>	14
2.5. <u>MODELOS LINEALES MIXTOS</u>	15
2.6. <u>TÉCNICAS DE CONTROL LOCAL</u>	16
2.6.1. <u>Incluir el efecto fila y/o columna</u>	16
2.6.2. <u>Reducir el tamaño de los bloques incompletos</u>	16
2.6.3. <u>Analizar los datos con un DBCA</u>	17
2.7. <u>EVALUACIÓN Y COMPARACIÓN DE MODELOS</u>	17
2.7.1. <u>Indicadores de ajuste</u>	17
2.7.1.1. <u>Akaike Information Criterion</u>	17
2.7.1.2. <u>Bayesian Information Criterion</u>	18
2.7.2. <u>Indicadores de precisión</u>	18
2.7.2.1. <u>Error estándar (EE)</u>	18
2.7.2.2. <u>Diferencia mínima significativa</u>	19
2.7.2.3. <u>Error estándar de la diferencia de dos medias</u>	19
2.7.3. <u>Indicadores de exactitud</u>	19
2.7.3.1. <u>Correlación</u>	19

2.7.3.2. Recuperación de los mejores genotipos y ranking.....	20
2.8. HIPÓTESIS DEL TRABAJO.....	21
3. <u>MATERIALES Y MÉTODOS</u>	22
3.1. BASE DE DATOS.....	22
3.2. DISEÑO EXPERIMENTAL.....	22
3.3. ANÁLISIS DESCRIPTIVO DE LOS DATOS.....	25
3.4. MODELO DE ANÁLISIS.....	25
3.5. INDICADORES PARA LA COMPARACIÓN DE MODELOS....	25
4. <u>RESULTADOS Y DISCUSIÓN</u>	27
4.1. RESULTADOS.....	27
4.1.1. <u>Rendimiento de los ensayos en el campo</u>	27
4.1.2. <u>Comparación de modelos</u>	28
4.1.2.1. Coeficiente de correlación de Pearson.....	28
4.1.2.2. Akaike information criterion.....	29
4.1.2.3. Error estándar.....	30
4.1.2.4. Coincidencias y coeficiente de correlación de Spearman.....	31
4.1.2.5. Distribución espacial de los residuales.....	33
4.2. DISCUSIÓN.....	36
5. <u>CONCLUSIONES</u>	40
6. <u>RESUMEN</u>	41
7. <u>SUMMARY</u>	42
8. <u>BIBLIOGRAFÍA</u>	43
9. <u>ANEXOS</u>	50

LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES

Cuadro No.	Página
1. Número de genotipos, bloques completos e incompletos en todos los ensayos.....	23
2. Modelos estadísticos de los diseños propuestos.....	25
3. Coeficiente de correlación lineal de Pearson en valores observados y predichos de rendimiento para cada modelo en todos los ensayos.....	29
4. Valores promedio de error estándar para todos los modelos probados en todos los ensayos.....	31
5. Número de coincidencias entre el 30% superior de los genotipos (n=20 para el ensayo final de ciclo intermedio, n=12 para el ensayo final de ciclo largo) seleccionados por cada modelo en todos los ensayos.....	32
6. Coeficiente de correlación de Spearman y número de coincidencias entre el 15% superior de los genotipos según cada modelo en los ensayos elite (n=4 y n=3 para elite de ciclo corto intermedio y ciclo largo respectivamente).....	33
Figura No.	
1. Etapas del ciclo del cultivo de trigo y generación de componentes numéricos del rendimiento.....	4
2. Esquema en el campo de los ensayos a campo.....	24
3. Distribución de la variable rendimiento por ensayo.....	28
4. Valores AIC para todos los modelos en todos los ensayos	30
5. Distribución espacial de los residuales obtenidos por parcela con los distintos modelos evaluados en los ensayos.....	35

ABREVIATURAS

FCL: final ciclo largo.

FCI: final ciclo intermedio.

ECCL: elite ciclo corto intermedio.

ECL: elite ciclo largo.

DBCA: diseño en bloque completamente al azar.

DBCA+COL: diseño en bloques completamente al azar con efecto columna.

DBI: diseño en bloques incompletos con 8 unidades experimentales por bloque incompleto.

DBI2: diseño en bloques incompletos con 4 unidades experimentales por bloque incompleto.

DBI+COL: diseño en bloques incompletos con efecto columna.

AIC: Criterio de información Akaike.

1. INTRODUCCIÓN

La agricultura es una actividad que se ha desarrollado desde el año 10000 a.C. y luego de 3000 años se convirtió en la principal forma de obtener alimentos en todo el mundo. Los primeros cultivos, trigo y cebada, se domesticaron en Medio Oriente entre los años 9600 y 8500 a. C. El trigo ha sido históricamente uno de los cultivos más importantes a nivel mundial en términos de área cultivada y fuente de alimento. Además de cumplir un rol fundamental en la alimentación, también se utiliza para otros fines como la producción de alimentos para animales, almidón y etanol.

La domesticación de plantas y más específicamente el mejoramiento genético tiene como objetivos: generar, seleccionar y adaptar distintos genotipos a diferentes características de las zonas habitadas por el hombre. Ha cobrado cada vez más importancia debida, por un lado, a la disminución de los lugares propicios para el crecimiento de los cultivos provocada por el creciente fenómeno de urbanización, y por otro lado, a la aceleración en el desarrollo de diferentes variedades de distintas especies, que hace imperativa su descripción y adaptación para el consumo de la humanidad. Particularmente, el mejoramiento genético del trigo tiene gran relevancia, dada la importancia que tiene el cultivo a nivel mundial y el preocupante estancamiento de los niveles de rendimiento en muchos países, que no acompaña la creciente demanda de alimento por parte de la población.

El mejoramiento genético de las plantas implica generar experimentos a campo que permitan determinar qué genotipos son mejores en términos de rendimiento o cualquier característica deseada. En este sentido, al trabajar con la naturaleza y en campos que suelen ser grandes, el ambiente de trabajo es heterogéneo y esto dificulta extraer conclusiones precisas. Es por esto que el diseño de experimentos, definido como la acción de aplicar uno o más tratamientos a un conjunto de unidades experimentales para valorar sus respuestas, es sumamente importante para que esas respuestas no estén afectadas por factores externos a los tratamientos que se quieren probar. En el mismo sentido, también es importante la aplicación de técnicas a posteriori para comprobar que el diseño realizado en primer lugar efectivamente logró captar todos los posibles efectos que puedan interferir en la conclusión.

El objetivo general de este trabajo es encontrar un modelo aplicado al diseño actual de un programa de mejoramiento que aumente la precisión en las estimaciones de las medias de rendimiento. Como objetivos específicos se plantea, en primer lugar encontrar técnicas de control ocal a posteriori que mejoren la eficiencia, exactitud y la precisión en la estimación de las medias de

rendimiento; y en segundo lugar comparar modelos estadísticos en términos de eficiencia en ensayos de diferentes tamaños.

2. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1. TRIGO

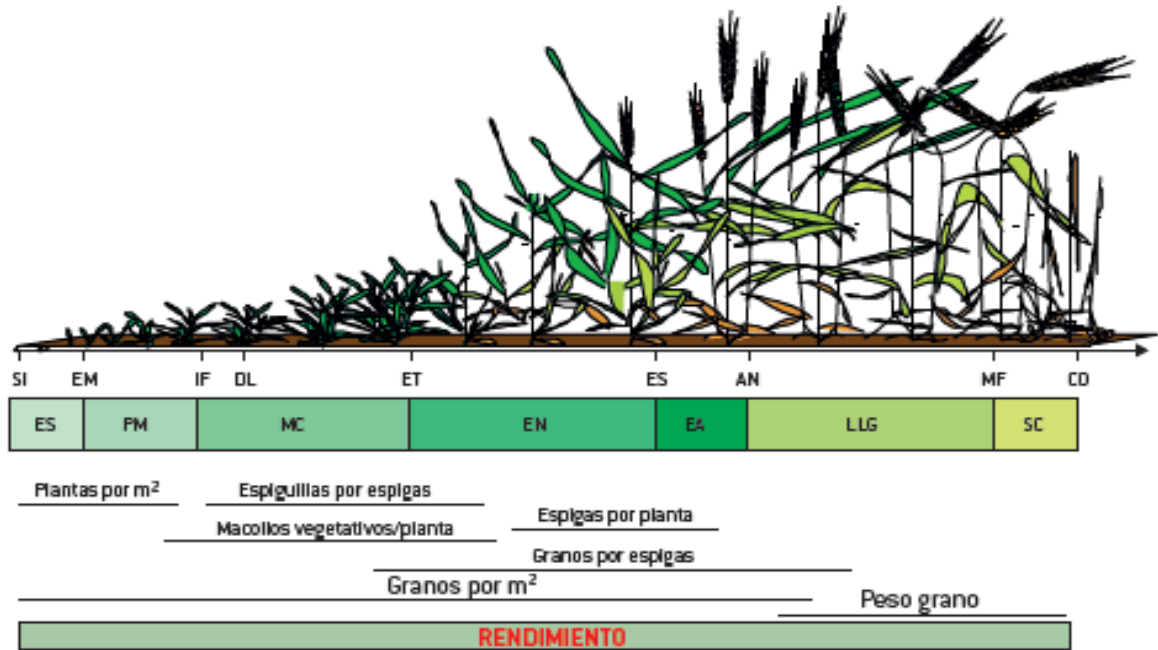
“Estudiar el trigo desde sus orígenes en el corazón de la ‘Media Luna Fértil’, y su subsecuente diseminación en olas a todos los continentes (excepto Antártida), es evocar la épica de la colonización de estos diferentes territorios por la humanidad con la que el trigo continuó co-evolucionando desde el Neolítico” (Bonjean y Angus, 2001).

La agricultura, entendida como la explotación de recursos naturales para uso humano, comenzó hace unos 10000 años en la zona del mediterráneo occidental, coincidiendo con el comienzo del Holoceno. Desde ese momento hasta la actualidad, los cereales C3 como el trigo (*Triticum spp*), la cebada (*Hordeum vulgare* L.) y el arroz (*Oryza sativa* L.), han permanecido entre los cultivos más importantes en términos de área cultivada y fuente de alimento, manteniéndose hoy en día como un elemento central en la dieta occidental (Araus et al., 2001).

El origen del trigo es un ejemplo clásico de cómo especies de parentesco muy cercano se combinan en la naturaleza para formar una serie poliploide (Poehlman y Allen, 2003). Las especies de *Triticum* presentan 7 cromosomas provenientes de 3 genomios distintos (A, B y D), se agrupan en tres clases de ploidía: diploides (poseen un genomio diploide, $1 \cdot 2n = 2n = 14$ cromosomas), tetraploides (poseen dos genomios diploides, $2 \cdot 2n = 4n = 28$ cromosomas) y hexaploides (poseen los 3 genomios diploides, $3 \cdot 2n = 6n = 42$ cromosomas). Solo dos especies de *Triticum* son importantes desde el punto de vista comercial: la especie hexaploide (AABBDD), *T. aestivum* que se utiliza principalmente para panificación, y la especie tetraploide (AABB) *T. turgidum*, el trigo duro que se utiliza principalmente para elaborar pastas (Poehlman y Allen, 2003).

Es una gramínea autógama (Poehlman y Allen, 2003), de ciclo otoño-inverno-primaveral, por lo que en Uruguay se siembra en los meses de mayo-junio y se cosecha durante los meses de noviembre-diciembre. Su ciclo de crecimiento puede dividirse en tres grandes etapas: vegetativa, reproductiva y llenado de granos (Figura 1). La etapa vegetativa involucra la producción de hojas y finaliza con la diferenciación del primer órgano reproductivo, es decir, la primera espiguilla que tendrá la espiga. Comienza la etapa reproductiva que involucra la espigazón y anthesis y es la más importante en términos de generación de rendimiento dado que queda definido el número de espigas/m² y el número de granos por espiga, ambos componentes centrales del número de granos por unidad de área (Satorre et al., 2010). El rendimiento del cultivo de

trigo se define como $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ de grano seco, que es resultado de dos componentes: número de granos y peso de grano. El número de grano se concreta a lo largo de todo el ciclo mientras que el peso de grano se define durante la última etapa de llenado de granos (Miralles, 2003).



En la línea de tiempo (flecha) se indican los siguientes momentos: SI= siembra; EM= emergencia; IF= iniciación floral; DL= doble lomo; ET= espiguilla terminal; ES= espigazón; AN= antesis; MF= madurez fisiológica; CO= cosecha. Con distinta intensidad de verde se indican las siguientes etapas: ES= establecimiento; PM= pre-macollaje; MC= macollaje; EN= encañazón; EA= espigazón/antesis; LLG= llenado de grano.

Figura 1. Etapas del ciclo del cultivo de trigo y generación de componentes numéricos del rendimiento

Fuente: Miralles et al. (2014).

2.1.1. Importancia del trigo en el mundo

El trigo se cultiva en todo el mundo bajo diversas condiciones climáticas ya que, además de cumplir un importante rol como alimento básico para el humano— debido a su alto valor nutritivo y propiedades de almacenamiento - es utilizado en gran variedad de productos como ser alimentos para animales, almidón y etanol (FAO, 2018).

La producción mundial actual es aproximadamente de 750 millones de toneladas (FAO, 2016), alrededor del 60% se usa para la alimentación humana y se prevé que para el 2050 la demanda de trigo aumentará 70% sobre el nivel actual debido al crecimiento de la población, los cambios en sus hábitos alimenticios, mayores ingresos per cápita, entre otros factores (Bonjean y Angus 2001, CIMMYT 2018).

Asimismo, luego de un período de crecimiento de la producción aproximadamente lineal hasta los 90' (producto de mejoramiento genético y mejoras en el manejo del cultivo), los niveles de rendimiento están estancándose en varios países y regiones (Calderini y Slafer 1998, Ladha et al. 2003, Brisson et al. 2010, Finger 2010, Deepak et al. 2012). Por ejemplo en Asia del Sur que proporciona granos básicos para aproximadamente el 8% de la población mundial (Ladha et al., 2003). Esto se debe a fenómenos coyunturales como la urbanización que llevan a que no haya tanta tierra disponible para aumentar la producción y la productividad por unidad de área aún no ha logrado compensar este fenómeno (Ladha et al., 2003). En este sentido contar con buenos experimentos que permitan obtener conclusiones útiles es clave en los estudios de investigación actuales (Smith et al. 2005, Ray et al. 2012, Michel y Makowski 2013).

2.1.2. Importancia del trigo en Uruguay

El sector agropecuario constituye uno de los pilares fundamentales de la economía nacional dada la importancia que tiene en el total de las exportaciones y también en las fuentes de trabajo directas e indirectas (MGAP. OPYPA, 2005). Dentro del sector agropecuario, el complejo agrícola y particularmente la agricultura de secano tiene un rol central y la superficie agrícola ha presentado un aumento en los últimos años ubicándose en torno a 2 millones hectáreas (MGAP. OPYPA, 2015). Junto con este proceso de desarrollo, se ha expandido la producción de cultivos estivales (principalmente de soja) desplazando a la producción y el área sembrada de trigo desde el 2010 hasta la actualidad, las cuales pasaron de 1300 ton a 757 ton de producción por año y 404 mil a 215 mil hectáreas sembradas (FAO, 2018). La reducción en la producción fue parcialmente compensada por el aumento en la productividad de 3.2 ton.ha⁻¹ en el 2010 a aproximadamente 3.5 ton.ha⁻¹ en la actualidad.

La disminución de la producción de trigo obliga a continuar avanzando en el incremento del rendimiento y la calidad de las variedades disponibles a través de programas de mejoramiento que permitan sostener mejores resultados económicos del rubro y aseguren así la sustentabilidad económica de la agricultura invernal. En este sentido, el mejoramiento genético cumple un rol clave en la obtención de variedades más estables y resilientes frente a los cambios ambientales y más resistentes a las enfermedades (Ernst, 2011).

2.2. MEJORAMIENTO GENÉTICO

El mejoramiento genético de plantas es una de las actividades más antiguas del ser humano. Se inició con la domesticación de las plantas bajo condiciones controladas y la selección de aquellas capaces de proporcionar una mejor fuente de alimento. Permaneció como un arte hasta principios del siglo XX, momento en el cual las leyes de Mendel permitieron elucidar los mecanismos de herencia genética (Briggs y Knowles, 1967). A partir de este momento, el mejoramiento genético se integra como una disciplina de la agricultura que se enfoca en desarrollar plantas mejoradas mediante la manipulación de la herencia de los caracteres (Acquaah, 2012); esto implica la selección de variedades cultivadas localmente para ser cruzadas entre sí, con plantas de otras regiones, y/o con plantas silvestres que tengan los genes deseados (Gutiérrez et al., 2002).

Uno de los principales propósitos del mejoramiento genético de plantas es incrementar su rendimiento y calidad a través de la combinación de genes favorables para las características de interés, mediante la selección de las líneas a cruzar (Gutiérrez et al., 2002). El éxito del mejoramiento ha sido clave en la segunda mitad del siglo XX, período en el cual el mayor rendimiento logrado en los cultivos ha sido resultado principalmente del potencial genético de las nuevas variedades (generadas por el fitomejoramiento; Poehlman y Allen, 2003).

2.2.1. Mejoramiento genético del trigo

La especie humana comenzó a mejorar genéticamente el trigo a principios del siglo XIX. Desde entonces, se han logrado mejoras en el rendimiento y calidad del grano, modificaciones en la estructura de la planta, y mayor resistencia a la sequía, las plagas y los fitopatógenos (Poehlman y Allen, 2003). Dentro de estas modificaciones se encuentra el descubrimiento de los genes de semi-enanismo y su asociación con otras características de interés (Villaseñor, 2015), el manejo del ciclo del cultivo para cubrir el amplio período de siembra utilizado en Uruguay, la obtención de trigos doble propósito (grano y forraje, Verges, 2006), mayor resistencia a las royas del tallo y de la hoja (*Puccinia graminis* y *Puccinia triticina* respectivamente), entre otras (Sierra, 1988).

Los principales métodos de mejoramiento genético incluyen: 1) introducción y colecta de germoplasma, 2) selección de líneas puras, 3) hibridación, y 4) obtención de variedades híbridas (Poehlman y Allen, 2003). Dentro de estos, la hibridación es el principal método de mejoramiento en trigo (Slafer y Calderini, 2001) y su función es cruzar diversos genotipos y crear poblaciones híbridas a partir de las cuales se podrían seleccionar nuevas

combinaciones de genes. El retrocruzamiento también se utiliza con frecuencia para añadir genes deseables a genotipos establecidos (Poehlman y Allen, 2003).

Hay tres fases principales en un programa de fitomejoramiento independientemente de la especie (Dudley y Moll, citados por Bernardo, 2010). Primero, se crea variabilidad genética para obtener una “población reproductora. Luego, se desarrolla y selecciona genotipos de élite. Y por último se sintetizan esos genotipos elite en un cultivar. El tipo de cultivar y los procedimientos utilizados para desarrollar un cultivar dependen en gran medida del modo de reproducción de la especie (Bernardo, 2010).

Particularmente, un programa de mejoramiento genético de trigo se inicia con un gran número de cruzamientos. La generación F1 de cada cruzamiento pasa inmediatamente a F2 dado que no existen variaciones, por ser todos los individuos genéticamente idénticos. Esta segunda generación (F2) es clave para la selección de genotipos dado que es cuando ocurren las mayores variaciones entre individuos (Bernardo, 2010). A continuación, los diferentes individuos se auto-fecundan hasta la generación F6 y en cada una de las generaciones se selecciona por caracteres simples de observar en el campo y con alta heredabilidad (ej. vuelco, altura de planta, enfermedades), dado que hay poco material genético homogéneo y no es posible evaluar las líneas experimentales adecuadamente. En las generaciones F5 y F6 es cuando se comienza a seleccionar por rendimiento ya que el material disponible permite hacer ensayos con diseños de experimentos. Los que efectivamente tengan mejores rendimientos y no presenten ninguna característica indeseable, son seleccionados y denominados “Elite”. Este proceso puede variar según el programa, en Uruguay particularmente las variedades Elite son evaluadas durante 3 años en un programa de evaluación de cultivares antes de ser liberadas (Lado, 2012).

En Uruguay, debido a la caída de precios internacionales del trigo, sumado a los múltiples problemas que ha sufrido el agro uruguayo en los últimos años, la rentabilidad del cultivo ha decaído, poniendo en peligro la propia viabilidad del cultivo como alternativa productiva. En este marco y teniendo presente que es una de las alternativas productivas principales del país, se presenta como un desafío imperante para la investigación desarrollar variedades que, junto con mejores prácticas de manejo, le den al cultivo una mayor y más estable capacidad competitiva, tanto desde el punto de vista productivo como del posterior uso del grano de las industrias (Arbeletche y Gutiérrez, 2003). Tanto Casler y Undersander (2000) como Smith et al. (2005) destacan la importancia de contar con diseños de experimentos que permitan controlar la variabilidad local, para poder estimar y diferenciar medias

fenotípicas, que cada vez están más próximas (por la cantidad de variedades que hay y que siguen surgiendo), con mayor precisión.

2.3. DISEÑO DE EXPERIMENTOS

Un experimento es una búsqueda planificada con el fin de obtener nuevos conocimientos y poder tomar decisiones. Realizar un experimento implica organizar el material experimental disponible de forma tal de obtener información válida y poder responder hipótesis previamente formuladas (Steel y Torrie, 1995). Asimismo, Di Rienzo et al. (2009) describen el diseño de experimentos como la acción de aplicar uno o más tratamientos a un conjunto de unidades experimentales para valorar sus respuestas. Y agrega que bajo el diseño experimental, las alteraciones en las respuestas se atribuyen solamente a la acción de los tratamientos excepto por variaciones aleatorias (usualmente pequeñas) debidas a errores experimentales y/o falta de homogeneidad de las unidades experimentales. Esto permite que los datos recabados puedan analizarse con métodos estadísticos cuyas conclusiones sean válidas; lo cual es importante porque las respuestas sobre diferencias entre tratamientos conllevan un proceso de inferencia estadística que supone la asignación de una probabilidad de error a ese resultado.

Bailey (1981) señala que hay cuatro componentes principales dentro del diseño de experimentos: el **modelo** que usualmente se supone lineal (junto con otras suposiciones); la **aleatorización** a realizar; el **diseño** en un sentido más específico de asignación de tratamientos a unidades experimentales y el **análisis de la varianza** de los resultados. Cada uno de estos componentes es esencial para el proceso general, y depende de los demás para su correcta interpretación.

Una característica de todo material experimental es la variabilidad y la varianza del error experimental es una medida de esa variabilidad existente entre observaciones sobre unidades experimentales homogéneas. Dicha variabilidad proviene de dos fuentes principales: (1) la inherente al material experimental al cual se aplican los tratamientos y (2) la resultante de cualquier falta de uniformidad en la realización física del experimento (Steel y Torrie, 1995); una vez realizado, las fuentes son indistinguibles y conforman un único error que se designa genéricamente como error experimental. Di Rienzo et al. (2009) resaltan la importancia de hacer todo lo posible para reducir este error, ya que esto garantiza una mayor potencia del experimento.

Asociado a esto, Duarte y Vencovsky (2005) sostienen que generar técnicas de análisis alternativas a los modelos utilizados comúnmente (como por ejemplo análisis de covarianza, técnicas de post-bloqueo, técnicas de análisis espacial, entre otras) permite una mejor discriminación entre

tratamientos y por ende una selección menos influenciada por la variabilidad local y las distintas fuentes de error; esto puede llevar a un ranking de genotipos diferente en comparación con los análisis originales, y estas diferencias pueden tener importantes consecuencias en el resultado de los programas de mejoramiento. Por estas razones tanto el diseño experimental como los procedimientos analíticos apropiados son importantes para obtener alta eficiencia y precisión en los ensayos (Qiao, 1999).

2.3.1. Principios fundamentales del diseño de experimentos

Cuando se habla de diseño de experimentos se impone mencionar a Ronald Aylmer Fisher (1890-1962), estadístico y biólogo británico que introdujo la noción de modelo estadístico y los conceptos de consistencia, eficiencia, precisión, validación y verosimilitud; además del análisis de la varianza y los principios del diseño de experimentos. El diseño de experimentos es la principal herramienta que se tiene hoy en día para disminuir la probabilidad de fallar en la detección de diferencias entre efectos de los tratamientos. Y en este sentido Fisher (1951) menciona que la potencia de un experimento se puede aumentar mediante un buen entendimiento y aplicación de los principios fundamentales del diseño experimental: repetición, aleatorización y control local.

2.3.1.1. Repetición

Es la práctica de aplicar cada tratamiento a múltiples e independientes unidades experimentales (Fisher, 1951). Permite obtener una estimación del error experimental, en la medida que se aumenta el número de repeticiones también se pueden obtener estimaciones más precisas del efecto de un factor en el experimento, así como aumentar el alcance de la inferencia del experimento (Steel y Torrie 1995, Poehlman y Allen 2003).

2.3.1.2. Aleatorización

Este concepto es introducido por Fisher (1935) y consiste en la asignación aleatoria tanto de los tratamientos al material experimental como del orden en que se realizan los ensayos individuales del experimento, de forma tal que ningún tratamiento resulte favorecido (o desfavorecido) de forma consistente en repeticiones sucesivas. Permite obtener una estimación válida e insesgada del error experimental, de las medias de los tratamientos y de las diferencias entre las mismas (Montgomery, 2004).

2.3.1.3. Control local

Se utiliza para mejorar la precisión de las comparaciones entre factores de interés creando grupos o bloques de unidades experimentales más homogéneas de lo que ocurriría si la aplicación de tratamientos se hiciera

completamente al azar (Fisher, 1951). Casler (2015) menciona que el bloque puede ser pensado como una política de seguro contra las perturbaciones que pueden surgir o no durante el curso del experimento. Duarte y Vencovsky (2005) expresan que el grado de influencia de la variación espacial del terreno en la selección de genotipos está determinado por el control local; en este sentido, la formación de bloques aporta a disminuir los errores asociados a las unidades experimentales.

El principio de control local es particularmente importante en la experimentación agrícola debido a la dependencia de las propiedades del suelo que suelen afectar la detección de diferencias entre tratamientos. Del mismo modo, cuando la heterogeneidad local está estructurada espacialmente, la aleatorización y la repetición por sí solas no garantizan que todas las comparaciones de tratamientos se realicen con la misma precisión (López y Arrúe, 1994).

2.3.2. Diseños experimentales

2.3.2.1. Diseño completamente al azar (DCA)

Este diseño es el más simple y se utiliza cuando las parcelas experimentales son homogéneas o no se puede anticipar respuestas diferenciales de cada una de ellas. Cuando esto ocurre la mejor opción es asignar los tratamientos de manera completamente al azar (Di Rienzo et al., 2009). El modelo estadístico asociado a este diseño es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \varepsilon_{ij}$$

$$\forall i = 1, \dots, t; j = 1, \dots, r$$

Supuestos:

$$\varepsilon_{ij} \text{ v.a iid } \sim N(0; \sigma^2)$$

Siendo Y_{ij} la respuesta del i -ésimo tratamiento en la j -ésima repetición, μ la media general, τ_i efecto relativo del i -ésimo tratamiento y ε_{ij} es la discrepancia entre lo efectivamente observado en la unidad experimental j -ésima del tratamiento i -ésimo y la respuesta esperada para ese tratamiento. Estas discrepancias, conocidas como errores, se suponen aleatorias con esperanza cero, varianza σ^2 , estadísticamente independientes y normalmente distribuidos (Di Rienzo et al., 2009).

2.3.2.2. Diseño en bloques completamente al azar

El diseño en bloques completamente al azar es uno de los diseños experimentales más utilizados cuando es posible agrupar las unidades experimentales más homogéneas (Montgomery, 2004). La variabilidad entre las mismas se controla de tal forma que se maximice la variación entre bloques, mientras que la variación dentro de ellos se minimiza (Steel y Torrie, 1995). El objetivo de los bloques es incrementar la precisión tomando en cuenta que los tratamientos sean evaluados y comparados en condiciones ambientales homogéneas dentro de los bloques (Brownie et al., 1993)

El modelo lineal estadístico asociado a este tipo de diseño experimental es:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

$$\forall i = 1, \dots, t; j = 1, \dots, r$$

Supuestos:

$$\varepsilon_{ij} \text{ v.a iid } \sim N(0; \sigma^2)$$

Siendo Y_{ij} , μ , τ_i , ε_{ij} igualmente definidos que en el modelo anterior y β_j el efecto del j-ésimo bloque completo. Se asume que no existe interacción entre bloques y tratamientos.

2.3.2.3. Diseño en bloques incompletos (DBI)

En aquellos experimentos donde no es posible evaluar todas las combinaciones de tratamientos en cada bloque, se puede utilizar un diseño de bloques aleatorizados en el que no están presentes todos los tratamientos en cada bloque. Estos diseños se conocen como **diseños de bloques incompletos aleatorizados** y se caracterizan por un mayor control local de la variación en experimentos grandes como son los experimentos comúnmente usados en el mejoramiento genético de plantas, donde se evalúan muchas líneas avanzadas (Montgomery, 2004).

El modelo lineal estadístico asociado a este diseño es el siguiente:

$$y_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + \gamma_{k(j)} + \varepsilon_{ijk}$$

$$\forall i = 1, \dots, t; j = 1, \dots, r; k = 1, \dots, b$$

Supuestos:

$$\varepsilon_{ijk} \text{ v.a iid } \sim N(0; \sigma^2)$$

Siendo Y_{ij} , μ , τ_i , β_j , ε_{ij} igualmente definidos que en los modelos anteriores y $\gamma_{k(j)}$ el efecto aleatorio del k-ésimo bloque anidado en el j-ésimo bloque completo, que se asume independiente y con distribución normal centrada en cero y con varianza constante (σ^2). Se asume que los factores aleatorios son independientes del término de error ε_{ij} .

Los DBI se pueden clasificar en balanceados o parcialmente balanceados, pudiendo ser resolubles y no resolubles. Por un lado, que sean balanceados significa que dos pares de tratamientos cualesquiera aparecen conjuntamente el mismo número de veces en los bloques incompletos (Montgomery, 2004), aunque un diseño balanceado puede construirse con cualquier número de tratamientos y unidades experimentales, el número de repeticiones queda definido por estas dos variables y en general es demasiado grande para las condiciones comunes de experimentación. Es por esto que para permitir más libertad de elección en el número de repeticiones, en general se utilizan diseños de tipo parcialmente balanceados, lo cual implica que haya pares de tratamientos que se comparan más precisamente que otros y esta dificultad aumenta a medida que el diseño se aparta más del diseño balanceado (Cochran y Cox, 1983). Los resolubles son aquellos en los que los bloques incompletos se agrupan en repeticiones completas, es decir que cada repetición compuesta por bloques incompletos contiene a todos los tratamientos una sola vez (Federer y Nguyen, 2002).

Steel y Torrie (1988) hacen énfasis en el tamaño y forma tanto de las unidades experimentales como de los bloques en los DBI. Sostienen que las parcelas individuales deben ser relativamente largas y angostas para lograr máxima precisión; mientras que el bloque (completo o incompleto) debe ser aproximadamente cuadrado ya que este proceder tiende a maximizar la variación entre parcelas de distintos bloques a la vez que minimiza la variación entre parcelas dentro de bloques.

Patterson y Hunter (1983) estudiaron la eficiencia relativa media (EFM) de un diseño en bloques incompletos comparado con los datos analizados como si fuera un diseño en bloques completos, en 244 ensayos de cereales

plantados entre 1975 y 1982 -la eficiencia relativa media se calcula haciendo la diferencia entre los resultados del análisis de los datos con un modelo y los resultados de análisis con el modelo alternativo-. Lo que obtuvieron fue una EFM de 1.23 con los datos analizados con el diseño en bloques incompletos respecto al análisis como si fuera un diseño en bloques completos, el aumento fue aun mayor (1.29) en los ensayos donde había más de 20 variedades. Tal asociación con el tamaño es lo que se esperaría del uso de bloques incompletos ya que el objetivo es mitigar los efectos de la heterogeneidad en grandes áreas de tierra. Asimismo, Casler (2015) asevera que cuando el número de tratamientos es mayor a 20 se debería tener presente el principio general de que más bloques y más chicos son casi siempre más eficientes que un diseño en bloques completos al azar. En el trabajo de Van Es et al. (1989) se obtuvo una reducción en el promedio del error estándar del 44% y una ganancia de eficiencia del 21% aplicando un diseño de bloques incompletos en relación con el diseño de bloques completos, comparando datos de rendimiento de trigo en una prueba de uniformidad y así demostraron que la precisión de los experimentos a largo plazo, en ensayos más grandes y en campos heterogéneos puede mejorarse utilizando diseño de bloques incompletos (respecto a DCA o DBCA) sin necesariamente aumentar el costo de la experimentación (López y Arrúe 1994, Casler 2015).

De todas formas, Brownie et al. (1993) sostienen que no hay una forma completamente objetiva de determinar qué análisis o qué modelo es el más apropiado para un único conjunto de datos, por lo que siempre es informativo comparar los resultados de los distintos análisis teniendo en cuenta lo que se sabe sobre las propiedades de cada uno de ellos. Es decir que de tener un análisis ya realizado, analizar los datos con diferentes criterios puede llevar a obtener conclusiones más útiles y exactas.

2.4. MODELOS LINEALES GENERALES

2.4.1. Características y supuestos

Según Littel et al. (2006), los modelos lineales generales están compuestos por dos partes: (1) una fórmula que relaciona la variable de respuesta con la(s) variable(s) explicativas y (2) una descripción de la distribución de probabilidad que se asume para caracterizar la variación aleatoria que afecta la respuesta observada. Mediante este tipo de modelos se cuantifica la variación de la variable de respuesta debida a factores controlables y no controlables (Patterson et al., 1978). Los modelos lineales generales son lineales en sus parámetros y usan una función general para describir el valor esperado de las observaciones. Dicha función general (que puede ser lineal o no lineal) es sugerida por la distribución de probabilidad de la variable de respuesta (Littel et al., 2006).

Un modelo lineal típico expresado en forma matricial es el siguiente:

$$Y = X\beta + \varepsilon$$

Donde Y es un vector $n \times 1$ que contiene a las variables de respuesta, X es una matriz $n \times p$ con constantes conocidas (coeficientes), β es un vector $p \times 1$ de parámetros desconocidos, y ε es un vector $n \times 1$ con errores aleatorios. Tanto Y como ε son vectores aleatorios. Se asumen ciertos supuestos sobre ε : que se distribuye normal, con $E(\varepsilon) = 0$ y que la matriz de varianzas y covarianzas de los errores R se puede escribir como $R = \sigma^2 I$, donde σ^2 es un parámetro desconocido, e I es una matriz identidad (Christensen, 2001).

2.4.2. Verificación de supuestos

Para poder validar el modelo, de manera de determinar formalmente si hay o no diferencias entre los tratamientos que se están evaluando, se requiere que se satisfagan ciertos supuestos. Por un lado, se asume que el modelo propuesto describe de manera adecuada las observaciones. Y por otro, que los residuales, que se definen como la diferencia entre el valor observado y el valor predicho por el modelo, siguen una distribución normal, con media cero y varianza (σ^2) constante, y que son independientes entre las observaciones (Montgomery, 2004).

Es posible que estos supuestos no se satisfagan, por lo que es necesaria su verificación antes de poder confiar en las conclusiones extraídas a partir del modelo. La forma de verificación es a través de un examen de los residuales. Un procedimiento útil para verificar el supuesto de normalidad, es construir una gráfica de probabilidad normal de dichos valores (qqplot), que consiste en graficar los cuantiles observados versus los cuantiles de la distribución normal (Balzarini et al., 2008); si la distribución de los errores es normal, esta gráfica tendrá la apariencia de una línea recta. Por otra parte, los residuales no deberían estar relacionados con ninguna variable, incluyendo la respuesta predicha, para verificar esto se puede graficar los residuales en función de los valores predichos y esta gráfica no debería mostrar ningún patrón (Montgomery, 2004).

2.5. MODELOS LINEALES MIXTOS

Los modelos mixtos son aquellos que tienen tanto efectos aleatorios como efectos fijos y el modelo estadístico genérico es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_j + \beta_i + \varepsilon_{ij}$$

Supuestos:

$$\varepsilon_{ijk} \text{ v.a iid } \sim N(0; \sigma^2)$$

$$\beta_i \text{ v.a iid } \sim N(0; \sigma_\beta^2)$$

Donde μ representa la media general, α_j son los efectos fijos, β_i son los efectos aleatorios que se asumen independientes con distribución normal media cero y varianza σ_β^2 constante; se asume que los efectos aleatorios son independientes del término de error, siendo ε_{ij} variables aleatorias independientes idénticamente distribuidas (Littel et al., 2006). La varianza de cualquier observación es la suma de la varianza del(los) factor(es) aleatorios y la varianza de los errores; a estas dos varianzas se les llama componentes de la varianza (Montgomery, 2004).

Los efectos fijos son aquellos donde los niveles usados por el experimentador son niveles de interés específico. Ello implica que las inferencias estadísticas que se hacen acerca de estos factores se restringen a los niveles específicos estudiados (Littel et al., 2006) y se deben estimar cada uno de estos efectos.

Por otro lado, los factores aleatorios son aquellos de los que el experimentador quiere extraer conclusiones acerca de la población completa de niveles y no solo de los que se evaluaron en el diseño experimental. El modelo asume que los niveles de los factores que explican la variable de respuesta provienen de una población más grande de niveles posibles que tienen una distribución normal con media cero y una varianza estimada por el modelo a partir de los datos (Montgomery, 2004). Por lo que se estima únicamente un componente de varianza y no los niveles de cada factor como en el caso de los efectos fijos.

En el caso de experimentos en el campo, al definir algún efecto como aleatorio lo que se busca es representar la variación que está presente en el terreno, ya que no son de interés los niveles que son probados, ni los efectos de esos componentes, ni tampoco hacer inferencias sobre las medias de los efectos aleatorios (Pinheiro y Bates, 2000).

2.6. TÉCNICAS DE CONTROL LOCAL

En ensayos de rendimiento, la variación en el potencial de rendimiento del suelo puede generar heterogeneidad dentro de los bloques y, por lo tanto, mayor imprecisión en las estimaciones de los efectos de los tratamientos. La precisión puede mejorarse utilizando un análisis estadístico posterior al experimento, que tenga en cuenta esta heterogeneidad (Brownie, 1993). Las técnicas a posteriori permiten evaluar si hubiera sido mejor otro sistema de bloqueo para un determinado ensayo, y consisten en superponer un arreglo alternativo al diseño experimental original y re-analizarlo para evaluar la eficiencia en relación con el mismo. Tiene la ventaja de que permiten saber qué tan precisas hubieran sido las predicciones de las medias de los tratamientos si se hubiera utilizado otro diseño (Ainsley et al., 1987). La localización de las distintas variedades en el “nuevo diseño” se determina al azar como resultado de la aleatorización en el diseño original. Por ejemplo Speed et al. (1984) mencionan que el análisis de bloques completos aleatorios es válido para el análisis de cualquier diseño resoluble, y si no se encuentran ventajas desde el punto de vista de la eficiencia del modelo, siempre se puede “volver” al original una vez analizado el arreglo alternativo.

2.6.1. Incluir el efecto fila y/o columna

Consiste en agregar un efecto como factor aleatorio al modelo correspondiente al diseño original. El objetivo es captar y medir una posible variabilidad en el sentido de las filas y/o columnas y de esta forma erradicarla del término de error (no controlable por el experimentador), por lo que colaboraría para que las predicciones de las medias y diferencias entre medias sean más precisas. Esta estrategia a posteriori, permite estimar las ventajas de su introducción al modelo, comparándolo con los resultados del modelo original.

2.6.2. Reducir el tamaño de los bloques incompletos

Consiste en subdividir cada bloque incompleto en bloques incompletos más pequeños, que contengan menos unidades experimentales. Posteriormente, los datos se analizan como si las subdivisiones impuestas fueran reales (Ainsley et al., 1987). El objetivo es controlar el error experimental, haciendo que las unidades experimentales dentro de los bloques incompletos sean más parecidas entre sí y menos parecidas a las unidades experimentales de los demás bloques. Paterson (1988) sostiene que cambiar el tamaño de los bloques incompletos es una práctica muy útil para obtener ganancias en eficiencia y precisión del experimento.

2.6.3. Analizar los datos con un diseño en bloques completos al azar

Es el análisis del diseño de bloques incompletos resolubles como si fuera un DBCA, ignorando los bloques incompletos y considerando a las repeticiones como los bloques completos. Esto proporciona una estimación imparcial de la varianza que se habría obtenido si se hubiera utilizado un diseño de bloques completos en primer lugar (Patterson, 1988). Respecto a esto Yates, citado por Patterson et al. (1978) señala que cuando los diseños en bloques incompletos son resolubles, no pueden ser nunca menos eficientes que un diseño en bloques completos al azar. De hecho, si se demuestra que los diseños de bloques incompletos no son eficaces, éstos se pueden analizar mediante el análisis de bloques completos aleatorizados convencional.

2.7. EVALUACIÓN Y COMPARACIÓN DE MODELOS

Una vez probadas las distintas técnicas a posteriori es importante su evaluación y comparación para poder decidir si efectivamente hay alguna que mejore la calidad de las conclusiones. A continuación se describen ciertos indicadores que permiten comparar la eficiencia de los modelos ajustados luego de realizado el experimento en términos de grado de ajuste, precisión y exactitud.

2.7.1. Indicadores de ajuste

2.7.1.1. Akaike Information Criterion (AIC)

Este indicador es una medida de la calidad relativa de ajuste de un determinado modelo estadístico y solamente se utiliza si el método de estimación usado es el de máxima verosimilitud restringida (Pinheiro y Bates, 2000). Se calcula según la siguiente forma:

$$AIC = 2k - 2\ln(L)$$

Siendo k número de parámetros del modelo estadístico y L el máximo valor de la función de verosimilitud.

AIC penaliza por la cantidad de parámetros que tenga el modelo y no genera un valor absoluto de comparación entre modelos, sino que el criterio está dado por los valores relativos. Cuando más bajo sea su valor, mejor grado de ajuste del modelo, y se toma como criterio de diferencia entre dos valores una distancia mínima de dos unidades (Burnham y Anderson, 2002). Permite compr diferentes modelos (que tengan los mismos efectos fijos) para los mismos datos; lo que hace es medir la distancia entre un modelo en particular y la realidad, por lo que tiene sentido que se quiera seleccionar el modelo en el

conjunto de modelos que minimice la pérdida de información (Burnham et al., 2010).

2.7.1.2. Bayesian Information Criterion (BIC)

Este indicador es similar al AIC, permite comparar modelos en términos de la información que brindan. La diferencia que presenta con el anterior es que la penalización por cantidad de parámetros es mayor. Asimismo, el criterio de utilización es el mismo en tanto se selecciona el modelo que presente menor valor de BIC (Pinheiro y Bates, 2000). Se calcula según lo indicado en (1).

$$BIC = k \log(n) - 2 \ln(L) \quad (1)$$

Siendo n el número de observaciones.

Littel et al. (1996) señalan que los modelos que presentan más parámetros generalmente exhiben mejor ajuste que aquellos con una estructura más firme. Por esta razón, debería ser utilizado un criterio de comparación que penalice los modelos más parametrizados, como ser el AIC o el BIC.

2.7.2. Indicadores de precisión

2.7.2.1. Error estándar (EE)

Los estimadores puntuales son variables aleatorias, y por lo tanto, no se puede esperar que una realización cualquiera dé un valor idéntico al parámetro que estiman. Por ello, se desea que una estimación puntual esté acompañada de alguna medida del posible error de esa estimación, lo que puede hacerse indicando el error estándar del estimador (Di Rienzo et al., 2009). Es así, que la desviación estándar de las medias de muestras de tamaño n , recibe el nombre de error estándar y es definida como:

$$EE = \sqrt{\frac{\sigma^2}{n}}$$

Siendo n el tamaño de la muestra y σ^2 el cuadrado media del error, en este caso el rendimiento.

Idealmente, las comparaciones de precisión entre los análisis deberían basarse en las varianzas o errores estándar de los efectos. Para cada conjunto de datos y análisis, se puede calcular una estimación de varianza basada en el modelo para cada media estimada. La raíz cuadrada de estas varianzas

proporciona una medida de precisión para comparar los análisis. Cuanto más chico es su valor, más precisa es la estimación.

2.7.2.2. Diferencia mínima significativa (DMS)

Permite comparar pares de medias de tratamientos para saber si son estadísticamente diferentes, se encuentra dentro de una serie de procedimientos llamados métodos de comparaciones múltiples. Con este procedimiento se prueba la hipótesis: $\mu_i = \mu_j$. DMS tiene la particularidad de que al usarla, simplemente se compara la diferencia observada entre un solo par de promedios. Si $|\bar{y}_i - \bar{y}_j| > DMS$, se concluye que las medias poblacionales μ_i y μ_j difieren (siendo la estimación del promedio poblacional para los tratamientos i y j respectivamente). El valor de la diferencia mínima significativa se calcula según lo indicado en (2, Montgomery, 2004).

$$DMS = t_{(\alpha/2, n-1)} \sqrt{\frac{2CME}{r}} \quad (2)$$

Siendo CME (cuadrado medio del error) una estimación de la varianza dentro de tratamientos; r el número de repeticiones; $t_{(\alpha/2, n-1)}$ un valor del estadístico de prueba T de Student con $n-1$ grados de libertad que deja $\alpha/2$ de probabilidad hacia cada extremos de la distribución.

2.7.2.3. Error estándar de la diferencia de dos medias

Este valor es una medida de dispersión y por ende, de precisión. Cuanto menor sea la desviación estándar de la diferencia entre dos medias de tratamiento, mayor precisión tendrá el estimador, y por lo tanto las conclusiones tendrán mayor confiabilidad. El error de la diferencia de dos medias, se calcula como se indica en (3; Montgomery, 2004).

$$\sigma_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2} = \sqrt{\frac{2CME}{r}} \quad (3)$$

2.7.3. Indicadores de exactitud

2.7.3.1. Coeficiente de correlación lineal de Pearson

Es una medida del grado en que dos variables varían conjuntamente, es decir de la intensidad de asociación. El mejor indicador para medirla, en el caso de que la distribución conjunta sea normal bivariada, es el coeficiente de correlación lineal de Pearson (ρ). Este coeficiente es independiente de las unidades de medida, es una cantidad absoluta y sin dimensión, además, el uso

de X o Y no implica una variable independiente o dependiente. Cuando las variables están afectadas en forma conjunta por causas externas, la correlación puede ofrecer un enfoque lógico para analizar los datos. El estimador de ρ (r) siempre toma valores entre -1 y +1 por la forma en que es calculado (4). Los valores de +1 y -1 indican una perfecta correlación lineal entre las dos variables (Steel y Torrie, 1995), mientras que el signo indica el sentido de esa asociación.

$$r = \frac{\sum(x - \bar{x})(y - \bar{y})}{\sqrt{\sum(x - \bar{x})^2 \sum(y - \bar{y})^2}} \quad (4)$$

Siendo \bar{X} la media de la variable aleatoria X e \bar{Y} la media de Y, en este caso particular, una de las variables corresponde a los valores reales de rendimiento y la otra a los valores predichos por cada modelo probado.

También se puede estimar el coeficiente de correlación de Spearman – se calcula como se indica en (5) -, que es una medida no paramétrica de asociación basada en rangos (Steel y Torrie, 1988). Esta medida se puede utilizar con el fin de observar la medida en que dos rangos de medias presentan coincidencias.

$$S_{r_{jk}} = \frac{\sum_{i=1}^n R(X_{ij}) R(X_{ik}) - n\left(\frac{n+1}{2}\right)^2}{\sqrt{\left(\sum_{i=1}^n R(X_{ij})^2 - n\left(\frac{n+1}{2}\right)^2\right)\left(\sum_{i=1}^n R(X_{ik})^2 - n\left(\frac{n+1}{2}\right)^2\right)}} \quad (5)$$

Siendo $R(X_{ij})$ es el rango correspondiente a la i-ésima observación de la variable j, $R(X_{ik})$ es el rango correspondiente a la i-ésima observación de la variable k, con $i = 1, \dots, n$ y n el número de observaciones.

2.7.3.2. Recuperación de los mejores genotipos y ranking de genotipos

Luego de haber ajustado un modelo para los datos se procede a utilizarlo para poder seleccionar los genotipos con los mejores rendimientos. Es por esto que el nivel de ajuste y precisión del modelo es importante, dado que cuanto mejor ajuste y precisión tenga, más exactas serán las conclusiones y genotipos seleccionados. En este sentido, Qiao et al. (1999) probaron modelos alternativos al diseño de bloques completos aleatorizados en treinta y tres ensayos de mejoramiento de trigo llevados a cabo desde 1994 a 1996 en el norte de Australia, y ninguno mostró un total acuerdo con el modelo original en términos de selección de los mejores genotipos. Lo que demuestra que distintas

metodologías de análisis de los datos luego de realizado el experimento tendrían un impacto en las decisiones de selección en fitomejoramiento. Por otro lado, Brownie et al. (1993) compararon las estimaciones de las medias ajustadas entre distintos análisis que realizaron a un conjunto de datos para demostrar que los diferentes métodos de contabilización de la variación espacial, así como los diferentes modelos probados, pueden dar lugar a un ranking de genotipos diferente. Mencionan también que es imposible determinar qué análisis produce el ranking más preciso para un ensayo, por eso hay que mirar estos resultados como complemento de indicadores. Por otro lado, Borges et al. (2018) simularon datos de rendimiento de cultivares de trigo utilizando la verdadera variabilidad del campo y los efectos genotípicos en diferentes ubicaciones. Por lo que, teniendo los (verdaderos) mejores genotipos, intentaron recuperarlos mediante distintos diseños y modelos de análisis; encontraron mayores coincidencias entre los genotipos seleccionados por los modelos asociados a diseños más complejos y los verdaderos, particularmente en los ensayos de mayor tamaño (tanto en tamaño como en tratamientos probados) y con mayor variabilidad espacial.

La conclusión sobre todos los factores de eficiencia es que ningún criterio debe ser tomado como la verdad absoluta, cada medida es especialmente apropiada para un contexto científico particular (Paterson, 1988). A su vez, Qiao et al. (1999) enfatizan que el uso tanto de diferentes metodologías así como los distintos análisis que puedan hacerse, puede tener un impacto en las decisiones de selección en fitomejoramiento.

2.8. HIPÓTESIS DEL TRABAJO

A partir de una serie de ensayos ya realizados, correspondientes al programa de mejoramiento de trigo de INIA La Estanzuela, donde el diseño experimental en todos los casos fue un diseño en bloques incompletos resoluble y parcialmente balanceado, se propone el uso alternativo de diferentes modelos estadísticos. Los datos de base corresponden a cuatro ensayos pertenecientes a las etapas final y elite del programa de mejoramiento. Se proponen las siguientes hipótesis:

1. Los modelos estadísticos con mayor control local aumentan la precisión en la estimación de los efectos de los tratamientos.
2. Los modelos estadísticos con mayor control local afectan la selección de genotipos.
3. El aumento en la exactitud y precisión en las estimaciones del efecto de los tratamientos está relacionado con el tamaño de los ensayos.

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. BASE DE DATOS

Los ensayos se realizaron en el marco de un programa de mejoramiento de trigo (*Triticum aestivum* L.) en Estación Experimental “La Estanzuela” del Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA, LE) ubicada en el Departamento de Colonia (34° 20´S, 57° 42´W). Dicho programa de mejoramiento tiene como objetivo la comparación y selección de distintas líneas experimentales (genotipos).

En este trabajo se analizó el rendimiento (kg.ha⁻¹) de genotipos provenientes de cuatro ensayos de las etapas más avanzadas del programa de mejoramiento evaluados en el año 2010. Dos de la etapa Final (F_{7,8}) del programa y dos de la etapa Elite (F₉) del programa. Los ensayos se sembraron según el ciclo de crecimiento de los genotipos: Final ciclo largo (FCL), Final ciclo intermedio (FCI), Elite de ciclo largo (ECL) y Elite de ciclo corto intermedio (ECCI).

En cada ensayo las unidades experimentales fueron parcelas de 5 m x 1.02 m separadas un surco de 0.4 m. Los tratamientos fueron las distintas líneas experimentales que están siendo evaluadas y la variable de respuesta el rendimiento. Por lo que cada parcela fue sembrada con una variedad y pasado el período de crecimiento se midió el rendimiento en cada una.

3.2. DISEÑO EXPERIMENTAL

Para todos los ensayos se planteó originalmente un diseño de bloques incompletos (DBI) resoluble y parcialmente balanceado, cuyo modelo estadístico es:

$$y_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + \gamma_{k(j)} + \varepsilon_{ijk}$$

$$\forall i = 1, \dots, t; j = 1, \dots, r; k = 1, \dots, b$$

Supuestos:

$$\varepsilon_{ijk} \text{ v.a iid } \sim N(0; \sigma^2)$$

Siendo y_{ijk} la respuesta del i -ésimo tratamiento en el k -ésimo bloque incompleto dentro del j -ésimo bloque completo; μ la media general; τ_i el efecto fijo del i -ésimo tratamiento; β_j el efecto fijo del j -ésimo bloque completo; $\gamma_{k(j)}$ el efecto aleatorio del k -ésimo bloque incompleto que está en el j -ésimo bloque completo que se distribuye normal centrada en cero y varianza constante (σ^2); y

ε_{ijk} variables aleatorias independientes idénticamente distribuidas. Se asume que no existe interacción entre bloques y tratamientos.

Cuadro 1. Número de genotipos, bloques completos e incompletos en todos los ensayos

	Genotipos	Bl. completo	Bl. incompleto*
FCI	64	3	8
FCL	36	3	6
ECCI	25	4	5
ECL	16	4	4

FCI = final ciclo intermedio; FCL= final ciclo largo; ECCI= elite ciclo corto-intermedio; ECL= elite ciclo largo.

*Número de bloques incompletos por cada bloque completo.

FINAL CICLO INTERMEDIO



FINAL CICLO LARGO



ELITE CICLO CORTO INTERMEDIO



ELITE CICLO CORTO



Los rectángulos con contornos rojos corresponden a los bloques completos, los rectángulos grises corresponden a los bloques incompletos (que cambian de tamaño según cada ensayo) y los cuadrados de colores representan las unidades experimentales.

Figura 2. Esquema de los ensayos a campo

3.3. ANÁLISIS DESCRIPTIVO DE LOS DATOS

Se describe la variable rendimiento por ensayo utilizando indicadores estadísticos y gráficos de cajas que se construyeron en base a la mediana y el rango intercuartílico.

3.4. MODELO DE ANÁLISIS

Los datos fueron analizados utilizando cuatro modelos estadísticos (Cuadro 2). Excepto para el ensayo final de ciclo intermedio, en el cual se incluyó un modelo adicional (DBI2) en el que los bloques incompletos cuentan con 4 unidades experimentales en vez de 8 como era originalmente. Los parámetros de los modelos fueron estimados por el método de Máxima Verosimilitud Restringida (REML, por su sigla en inglés).

Cuadro 2. Modelos estadísticos de los diseños propuestos

Diseños experimentales	Modelo estadístico
DBCA	$y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$
DBCA con efecto columna	$y_{ijc} = \mu + \tau_i + \beta_j + \delta_c + \varepsilon_{ijc}$
DBI y DBI2	$y_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + \gamma_{k(j)} + \varepsilon_{ijk}$
DBI con efecto columna	$y_{ijkc} = \mu + \tau_i + \beta_j + \gamma_{k(j)} + \delta_c + \varepsilon_{ijkc}$

Siendo y_{ijkc} la respuesta del i -ésimo tratamiento en el k -ésimo bloque incompleto dentro del j -ésimo bloque completo en la c -ésima columna, μ la media general, τ_i el efecto del i -ésimo tratamiento, β_j el efecto del j -ésimo bloque completo, $\gamma_{k(j)}$ el efecto aleatorio del k -ésimo bloque incompleto que está anidado j -ésimo bloque completo que se asume con distribución normal $\gamma_{k(j)} \sim N(0; \sigma_\gamma^2)$, δ_c el efecto aleatorio de la c -ésima columna que se asume con distribución normal $\delta_c \sim N(0; \sigma_\delta^2)$, y ε_{ijkc} variables aleatorias independientes e idénticamente distribuidas. Se asume que el efecto aleatorio es independiente del término de error ε_{ijkc} y que no existe interacción entre bloques y tratamientos.

3.5. INDICADORES PARA LA COMPARACIÓN DE MODELOS

En cada ensayo se comparó la exactitud, la precisión y el grado de ajuste de los cuatro modelos planteados. Se utilizaron diferentes indicadores para realizar las comparaciones: AIC, coeficiente de correlación lineal de Pearson entre valores predichos y observados y el error estándar promedio de las medias. A su vez, los cuatro modelos se compararon utilizando las coincidencias del 30% de los mejores genotipos en términos de rendimiento seleccionados por cada modelo para los ensayos finales (FCI, $n = 20$; FCL, $n = 12$). Mientras que para los ensayos elite se utilizaron las coincidencias y las correlaciones Spearman del 15% de los genotipos con mayores rendimientos

(ECL, $n = 4$; ECCI, $n = 3$), dado que en el programa de mejoramiento el número de genotipos seleccionados en estos ensayos es menor.

Por último, se guardaron los residuales obtenidos por cada modelo y se graficaron espacialmente, según su posición en el campo.

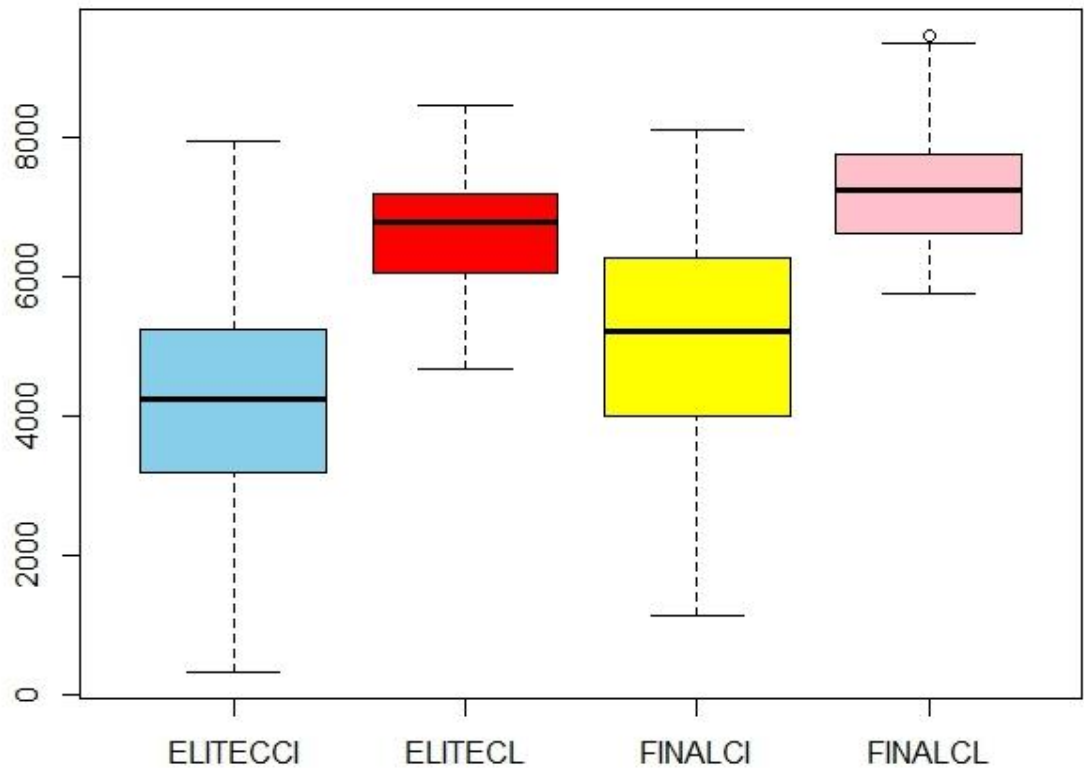
Todos los análisis se realizaron con el programa estadístico R © (Core Team, 2014). Los modelos se ajustaron utilizando el paquete lme4 © (Bates et al., 2015). Las medias de rendimiento para cada cultivar se calcularon utilizando el paquete lsmeans © (Lenth, 2016). Los residuales del modelo se graficaron según su posición en el campo con el paquete fields © (Nychka et al., 2017).

4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. RESULTADOS

4.1.1. Rendimiento de los ensayos en el campo: descripción de los datos

La media de rendimiento de trigo en los ensayos avanzados del programa de mejoramiento fue de $5610,2 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ con un desvío estándar de $1780,7 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. En los ensayos de ciclo largo se observó un mayor rendimiento que en los ensayos de ciclo intermedio y ciclo corto intermedio (Figura 3). En los ensayos elite se observaron menores rendimientos que los finales, comparando entre ensayos de un mismo ciclo de cultivo. Por otra parte, se observó mayor variabilidad en los ensayos de ciclo intermedio (presentando un desvío estándar de 1588 y $1486 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ para final y elite, respectivamente), que en los ensayos de ciclo largo (con un desvío estándar de 800 y $821 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ para final y elite respectivamente). Cabe destacar que los ensayos elite y los finales son ensayos independientes llevados a cabo en el mismo año (2010).



ELITECCI= ensayo elite ciclo corto intermedio; ELITECL= ensayo elite ciclo corto; FINALCI= ensayo final ciclo intermedio; FINALCL= ensayo ciclo largo.

Figura 3. Distribución de la variable rendimiento ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) por ensayo

4.1.2. Comparación de modelos

4.1.2.1. Coeficiente de correlación de Pearson

La exactitud de las estimaciones de las medias de los modelos se comparó usando el coeficiente de correlación de Pearson entre los predichos de cada uno de los 5 modelos y los valores observados de rendimiento (Cuadro 3). En general los modelos fueron más exactos cuando se agregó el efecto columna tanto en el diseño en bloques completos como los diseño en bloques incompletos, inclusive en el ensayo FCI que se comparó contra un diseño en bloques incompletos con 4 unidades experimentales en cada bloque incompleto. DBI tuvo mayor exactitud respecto a DBCA en todos los ensayos.

Cuadro 3. Coeficiente de correlación lineal de Pearson entre valores observados y predichos de rendimiento para cada modelo en todos los ensayos

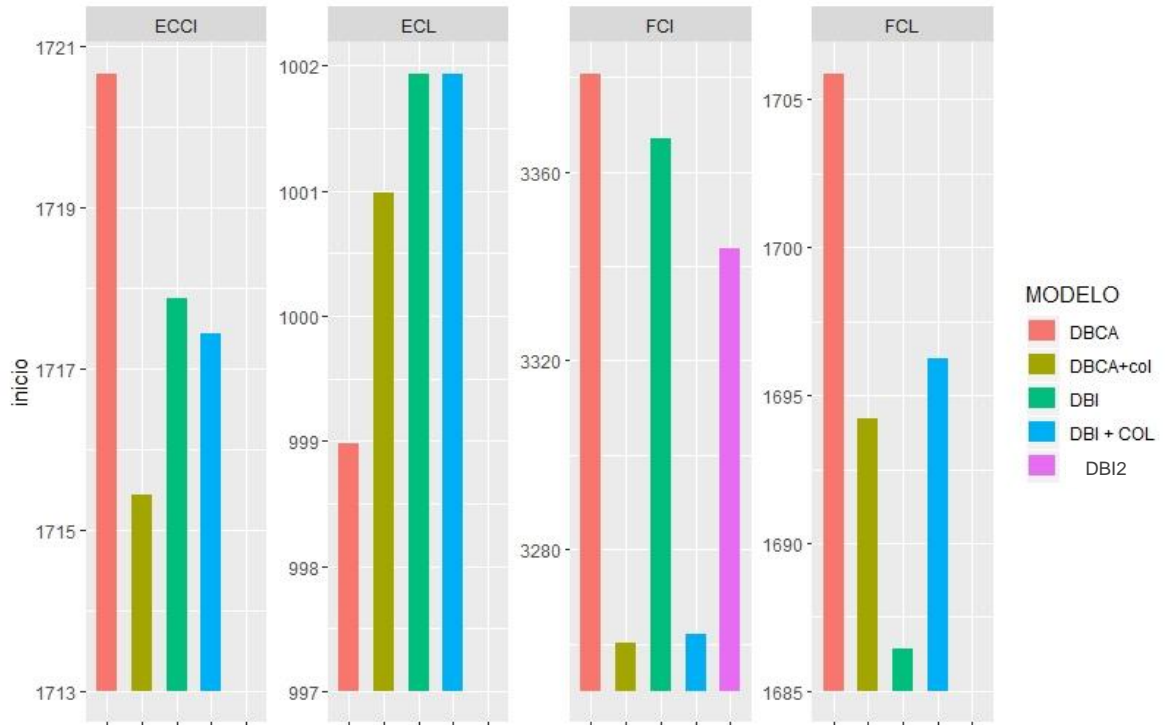
MODELO	ENSAYO			
	ECL	ECCI	FCL	FCI
DBCA	0,755	0,714	0,822	0,700
DBCA + COL	0,755	0,863	0,941	0,929
DBI	0,885	0,828	0,916	0,809
DBI + COL	0,904	0,863	0,941	0,929
DBI2				0,897

ECL = Elite ciclo largo; ECCI = Elite ciclo corto intermedio; FCL = Final ciclo largo; FCI = Final ciclo intermedio; DBCA = Diseño en bloques completos al azar; DBCA+COL = Diseño en bloques completos al azar con efecto columna; DBI = Diseño en bloques incompletos con 8 unidades experimentales; DBI+COL = diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2= Diseño en bloques incompletos con bloques incompletos con 4 unidades experimentales.

4.1.2.2. Akaike information criterion

En los ensayos elite, el AIC es similar en todos los ensayos, y toma valores menores en los diseños de bloques completos al azar, en el caso de ECL sin efecto columna y en el caso de ECCI con efecto columna. Por otro lado, DBI fue mejor en FCL, mientras que en FCI el DBCA + COL obtuvo el valor más bajo de AIC (Figura 4).

Figura 4. Valores de AIC para todos los modelos en todos los ensayos



AIC = Akaike information criterion; ECCI = elite ciclo corto intermedio. ECL = elite ciclo largo; FCI = final ciclo intermedio; FCL = final ciclo largo; DBCA = diseño en bloques completamente al azar; DBCA+col = diseño en bloques completamente al azar con efecto columna; DBI = diseño en bloques incompletos; DBI+COL = diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2 = diseño en bloques incompletos con 4 unidades experimentales por bloque incompleto.

4.1.2.3. Error estándar

El modelo de bloques incompletos con efecto columna presentó mayor precisión (menor error estándar) en todos los ensayos (Cuadro 4) y se destaca que el DBI sin efecto columna es siempre mejor que el DBCA, excepto en el ensayo ECCI. Por otra parte, se observa un menor error estándar en los ensayos de ciclo largo con todos los modelos de análisis y dentro de estos no se observan grandes diferencias entre ECL y FCL.

Cuadro 4. Valores promedio de error estándar para todos los modelos probados en todos los ensayos

MODELO	ENSAYO			
	ECL	ECCI	FCL	FCI
DBCA	337	581	325	821
DBCA + COL	337	566	298	582
DBI	295	580	287	772
DBI + COL	250	480	240	469
DBI2				698

ECL =: Elite ciclo largo; ECCI = Elite ciclo corto intermedio; FCL = Final ciclo largo; FCI = Final ciclo intermedio; DBCA = Diseño en bloques completos al azar; DBCA+COL = Diseño en bloques completos al azar con efecto columna; DBI = Diseño en bloques incompletos con 8 unidades experimentales; DBI+COL = diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2= Diseño en bloques incompletos con bloques incompletos con 4 unidades experimentales.

4.1.2.4. Coincidencias y coeficiente de correlación de Spearman

En los ensayos Finales, los modelos que incluyen el efecto columna (DBCA+COL y DBI+COL) coincidieron en la selección del 30% de los mejores genotipos (Cuadro 5), mientras que en todas las demás combinaciones de ensayos las coincidencias fueron menores.

Cuadro 5. Número de coincidencias entre el 30% superior de los genotipos (n=20 para el ensayo FCI, n=12 para el ensayo FCL) seleccionados por cada modelo en todos los ensayos

	FCI					FCL			
	DBCA	DBCA+C	DBI	DBI+C	DBI2	DBCA	DBCA+C	DBI	DBI+C
DBCA	-	12	17	12	14	-	11	10	11
DBCA+C	-	-	13	20	12	-	-	10	12
DBI	-	-	-	13	16	-	-	-	10
DBI+C	-	-	-	-	12	-	-	-	-

ECL = Elite ciclo largo; ECCI = Elite ciclo corto intermedio; FCL = Final ciclo largo; FCI = Final ciclo intermedio; DBCA = Diseño en bloques completos al azar; DBCA+C = Diseño en bloques completos al azar con efecto columna; DBI = Diseño en bloques incompletos con 8 unidades experimentales; DBI+C = diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2 = Diseño en bloques incompletos con bloques incompletos con 4 unidades experimentales.

En el ensayo ECL se observó una total coincidencia en los mejores genotipos seleccionados con mínimas diferencias en el orden de selección de los mismos (indicada por el coeficiente de correlación de Spearman) para la mayoría de los modelos de análisis (Cuadro 6). En el ensayo Elite ciclo corto intermedio, las coincidencias son totales en el caso de los modelos que incluyen el efecto columna, mientras que si se comparan los demás modelos entre sí dichas coincidencias disminuyen en la medida que se comparan los diseños más complejos con los más simples, y lo mismo sucede con los valores que toma el coeficiente de correlación de Spearman.

Cuadro 6. Coeficiente de correlación de Spearman (triángulo inferior del cuadro) y número de coincidencias (triángulo superior del cuadro) entre el 15% superior de los genotipos según cada modelo en los ensayos elite (n=4 y n=3 para ECCI y ECL respectivamente)

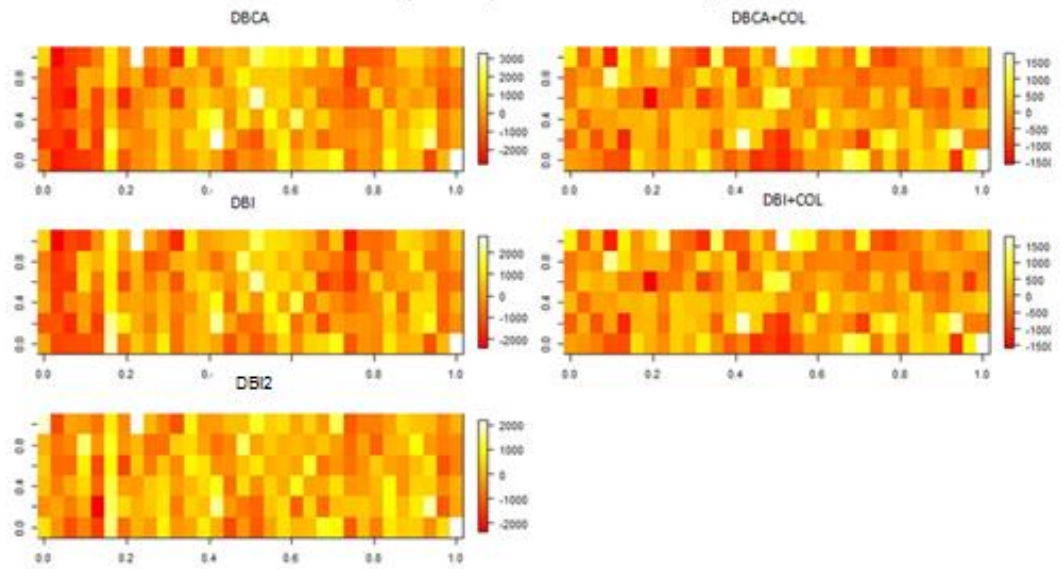
	ECL				ECCI			
	DBCA	DBCA+C	DBI	DBI+C	DBCA	DBCA+COL	DBI	DBI+C
DBCA	-	3	3	3	-	3	3	3
DBCA+C	1	-	3	3	0,3792	-	2	4
DBI	0,973	0,973	-	3	0,7754	0,4185	-	2
DBI+C	0,973	0,973	1	-	0,3792	1	0,419	-

ECL = Elite ciclo largo; ECCI = Elite ciclo corto intermedio; FCL = Final ciclo largo; FCI = Final ciclo intermedio; DBCA = Diseño en bloques completos al azar; DBCA+COL = Diseño en bloques completos al azar con efecto columna; DBI = Diseño en bloques incompletos con 8 unidades experimentales; DBI+COL = diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2= Diseño en bloques incompletos con bloques incompletos con 4 unidades experimentales.

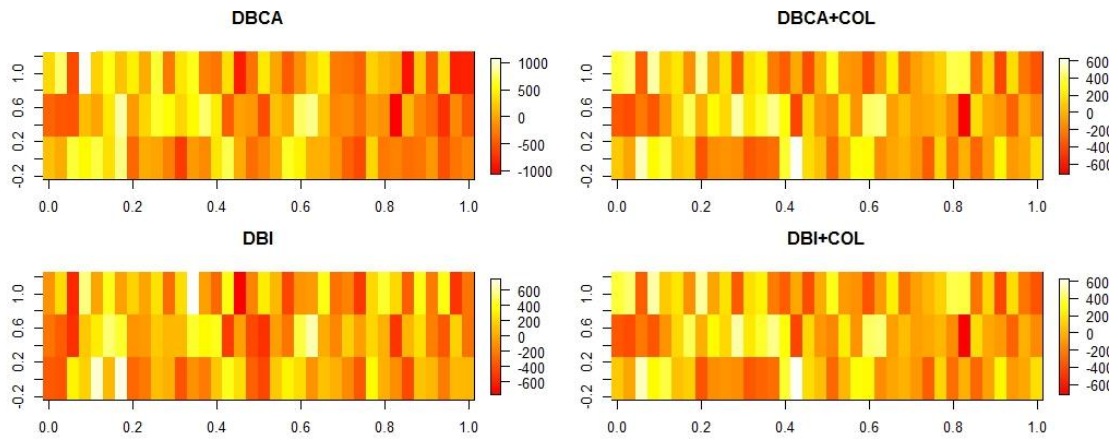
4.1.2.5. Distribución espacial de los residuales según cada modelo para cada ensayo

Se observó la eliminación de patrones espaciales en la distribución de los residuales en el campo al agregar el efecto columna en los modelos de análisis en todos los ensayos, evidenciado en una distribución de colores más aleatoria y más homogénea (Figura 5). Estos cambios fueron más notorios en los ensayos de mayor tamaño (FCI y FCL), mientras que en el ensayo de menor tamaño (ECL) las diferencias en la distribución de los residuales fueron mínimas. Adicionalmente, se pudo constatar una reducción en la magnitud de los residuales cuando se agregó el efecto columna al modelo, a excepción del ECL.

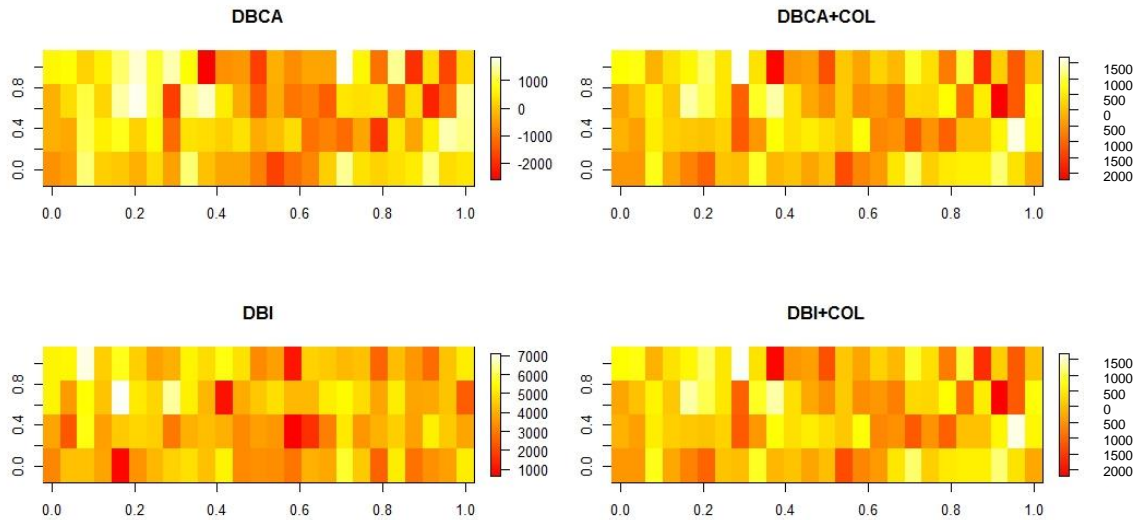
A)



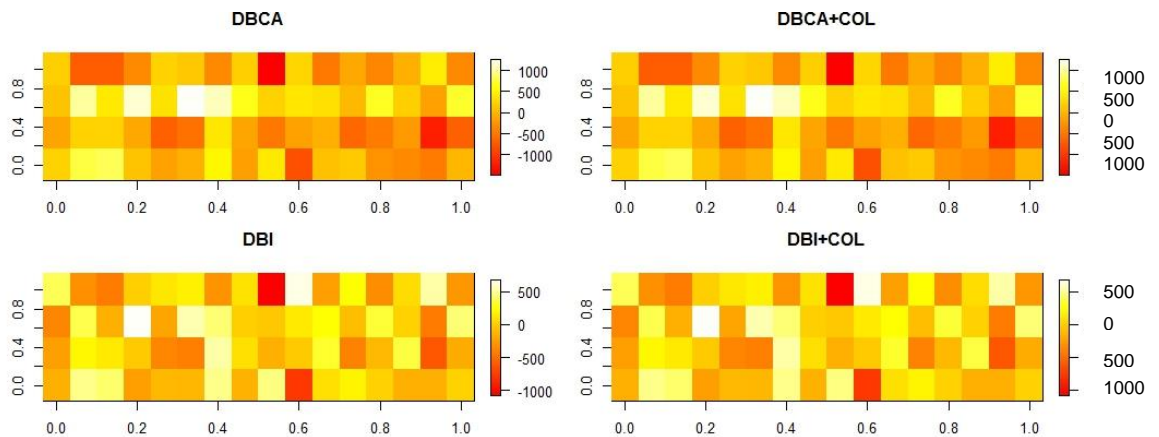
B)



C)



D)



A) Final ciclo intermedio; B) Final ciclo largo; C) Elite ciclo corto intermedio; D) Elite ciclo largo. DBCA = diseño en bloques completamente al azar; DBCA+COL = diseño en bloques completamente al azar con efecto columna; DBI = diseño en bloques incompletos; DBI+COL= diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2 = diseño en bloques incompletos con 4 unidades experimentales por bloque incompleto.

Figura 5. Distribución espacial de los residuales obtenidos por parcela con los distintos modelos evaluados en los ensayos

4.2. DISCUSIÓN

Steel y Torrie (1988), Baird y Mead (1991), entre otros autores, sostienen que el control local es fundamental para mejorar la precisión y exactitud de las comparaciones entre factores de interés creando grupos de unidades experimentales más homogéneas entre sí. Esto queda en evidencia en las pruebas realizadas en este trabajo. En los tres ensayos de mayor tamaño se observó que utilizando técnicas a posteriori en el análisis de los datos, mejoró la exactitud y precisión de los modelos (mayores valores de coeficiente de correlación de Pearson y menores valores de error estándar). Hay varios trabajos que obtuvieron conclusiones similares en este sentido, y verificaron que aplicando técnicas de post-bloqueo se puede obtener mayor precisión en los resultados (Ainsley et al. 1987, Zimmerman y Harville 1991, Campbell y Bauer 2007, Piepho y Williams 2010). En efecto, Qiao et al. (2000) analizaron diferentes modelos para datos de dos ensayos de un programa de mejoramiento de trigo, los modelos que incluyeron términos de fila y columna resultaron mejores, lo que demuestra que hay ciertas tendencias generales que no podrían haber sido adecuadamente modeladas por las estructuras de bloqueo tradicionales. Esto concuerda con los resultados de este trabajo, donde en casi todos los ensayos, todos los modelos en los que se incluyó el efecto columna resultaron mejores, incluso en el ensayo final de ciclo intermedio -que era el de mayor tamaño- donde DBI+COL fue mejor que DBI2, evidenciando cierta heterogeneidad ambiental no captada por este diseño.

Si se analizan los cuadros de resultados de coeficiente de correlación de Pearson y error estándar (Cuadros 3 y 4), se puede observar que en los cuatro ensayos (FCI, FCL, ECCI y ECL) se obtuvo mayor precisión y exactitud en los modelos asociados a diseños más complejos (DBI vs. DBCA), siendo mayor la diferencia en los ensayos de mayor tamaño. Esto reafirma la importancia del control local, que se hace más grande en la medida que el tamaño de los ensayos aumenta. En este sentido Borges et al. (2018) hacen énfasis en la importancia del diseño experimental en los experimentos agronómicos y mencionan que tanto los diseños en bloques incompletos como los diseños de fila-columna fueron creados justamente para controlar la heterogeneidad en situaciones donde hay muchos tratamientos y estructuras complejas.

Los gráficos residuales según su posición en el campo, permiten evaluar la existencia de patrones espaciales. En este trabajo se observa una tendencia general respecto a la variabilidad ambiental en el sentido de las columnas, explicando el aumento de la precisión (menor error estándar) cuando se agrega dicho efecto a los modelos en todos los ensayos menos en ECL, probablemente debido a su menor tamaño. Esto se puede ver tanto en la

distribución de colores en la figura como en los tonos más suaves de los mismos (que representan el valor de los errores). Si no hay ninguna otra fuente de variación que altere la variable de respuesta por fuera de los tratamientos que se quieren probar, se espera que esos residuales no presenten ningún patrón espacial (Montgomery, 2004), ya que de lo contrario significa que recurrentemente hay una zona del terreno que es mejor (o peor) para todas las variedades. La consecuencia de esto es que el efecto de todo genotipo que se evalúe allí posiblemente va a estar sobreestimado (o subestimado, Baird y Mead, 1991). De allí la importancia de generar un modelo que pueda captar estos patrones para poder tener más confianza en las conclusiones que se extraen de las pruebas (Brownie et al., 1993).

Qiao et al. (2000) resaltan que la opción de que los/as mejoradoras de plantas apliquen diseños más avanzados dependerá, entre otras cosas, de la importancia de las selecciones, la precisión requerida y la etapa de producción del programa de mejoramiento. En este caso particular se presentan dos situaciones diferentes. Por un lado hay dos ensayos de la etapa final y por otro dos de la etapa elite de un programa de mejoramiento de trigo y esto incide en el grado de exigencia que se pretende de cada prueba. En los ensayos elite, la precisión de la prueba y el ranking de genotipos es más importante que en los ensayos de la etapa final, dado que las líneas experimentales seleccionadas son enviadas a un programa de evaluación de cultivares, y posteriormente las mejores líneas serán registradas como variedades. En cambio en las etapas finales es más importante la exactitud, dado que un mayor número de genotipos son seleccionados para luego pasar a las siguientes etapas, en las cuales seguirán siendo evaluados cada vez con mayor precisión.

Steel y Torrie (1988) sostienen que una variación grande entre bloques indica que su uso ha sido útil porque esta variación se elimina del error experimental, y además no contribuye a las diferencias entre las medias de los tratamientos. En este sentido, Brownie et al. (1993) afirman que hay dos factores que pueden hacer disminuir dicha variación entre bloques y aumentar la heterogeneidad dentro de bloques: la forma y el tamaño de los bloques. Cuanto más cuadrados y más grandes sean, darán como resultado estimaciones más variables; por lo que en estos casos se podría considerar un método de análisis alternativo para mejorar la precisión, una posibilidad es reducir el tamaño de los bloques como técnica a posteriori (Piepho et al., 2006). Tomando en cuenta esta idea y que los bloques planteados en el diseño original para el ensayo FCI eran de 8 parcelas se probó un diseño de bloques incompletos de 4 unidades experimentales y, efectivamente, se consiguió mayor eficiencia y precisión en comparación con el DBI original. Solamente se probó en este ensayo dado que por ser es el de mayor tamaño, había más probabilidad de encontrar variabilidad no controlada en el terreno, igualmente

los resultados no fueron tan buenos como los obtenidos al incluir el efecto columna en los modelos.

Patterson y Hunter (1983) sugieren que los diseños de bloques incompletos son más efectivos en sitios más variables y en los ensayos más grandes. Consecuentemente, el ensayo ECL es un caso particular dentro de los estudiados en este trabajo por ser el más pequeño. Más allá del valor que toman los distintos indicadores en los múltiples ensayos, cuando se observan las coincidencias y los gráficos de residuos en el espacio (Cuadro 6 y Figura 5), se concluye que no hay variabilidad más allá de la que es captada por un diseño en bloques completamente al azar, por lo que no tendría sentido invertir más trabajo, dedicación y recursos a generar un diseño más complejo que no aporta a los resultados. Esto también se puede comprobar observando las correlaciones Spearman (Cuadro 6) entre los genotipos seleccionados por cada modelo dado que todos los valores son iguales o casi 1, es decir que no solamente los genotipos son los mismos sino que también son seleccionados en el mismo orden, que es lo que importa en esta etapa del programa de mejoramiento.

En los ensayos que llevaron a cabo Casler y Undersander (2000) con cultivares de alfalfa, llegaron a la conclusión de que había ciertos patrones espaciales en los residuales por parcela que sugerían el incumplimiento del supuesto de independencia entre ellos, pero el análisis de los datos con diferentes técnicas a posteriori no hizo que cambiara el ranking de cultivares. En cambio Qiao et al. (1999) resaltan que tanto los buenos diseños como los procedimientos analíticos apropiados son importantes para obtener una alta eficiencia y precisión para los ensayos de mejoramiento de trigo y deben usarse siempre que sea posible ya que estas metodologías tendrán un impacto en las decisiones de selección en fitomejoramiento. Esto último es lo que se verifica en este trabajo, donde los rankings de genotipos sí variaron en función del modelo de análisis (en todos los ensayos menos en ECL), particularmente cuando se incluyó el efecto columna (Anexos 1, 2, 3 y 4), lo cual genera conclusiones distintas según el modelo utilizado.

Cuando se analizan los resultados del indicador AIC se observa que, en los ensayos de ciclo intermedio, los modelos que incluyen el efecto columna tienen mayor grado de ajuste. Si se piensa esta información en conjunto con el gráfico de distribución de la variable rendimiento (Figura 3), estos resultados concuerdan con la gran variabilidad que presentan los ensayos de ciclo intermedio en relación con los de ciclo largo. Como se mencionó anteriormente, el AIC penaliza por el número de parámetros, por lo que tiene sentido que en ensayos menos variables los modelos con menos parámetros hayan tenido mejor grado de ajuste.

La toma de decisiones inteligente depende de la capacidad de los y las investigadoras de extraer información útil de los datos, para ayudarlos a alcanzar sus objetivos de manera más eficiente (Alencar et al., 2016). Por ello, la cantidad de información que se pueda recabar tanto sobre la variable que se quiere medir o estudiar así como del ambiente en el que se va a realizar el experimento es fundamental para lograr extraer mejores conclusiones. En este caso, claramente hubo una variación en el sentido de las columnas que no pudo ser captada por el diseño original, pero de haberlo sido, seguramente las conclusiones extraídas en primer lugar hubieran tenido más confiabilidad y precisión. Por lo que queda demostrada la importancia de un buen diseño experimental, así como de los métodos de análisis utilizados para poder hacer que el trabajo realizado valga la pena y puedan extraerse conclusiones que sean útiles tanto a nivel de investigación como a nivel de producción y comercialización, especialmente en el cultivo de trigo, que es el cereal de invierno más importante para Uruguay.

5. CONCLUSIONES

Los diseños experimentales con mayor control local aumentaron la precisión y la exactitud en la estimación de los efectos de los tratamientos, con respecto a diseños más simples (DBI vs. DBCA), sobre todo en los ensayos de mayor tamaño (finales).

En todos los ensayos, agregar el efecto columna al modelo aumentó la precisión en la estimación de los efectos de los tratamientos. Por lo tanto, se pudo constatar que en todos los ensayos había variabilidad en el sentido de las columnas que no había sido correctamente captada por el diseño original (DBI), incluso en comparación con el DBI2 que se probó en el ensayo FCI.

El modelo utilizado afecta el ranking de genotipos, en mayor medida en los ensayos de mayor tamaño. Por lo que se concluye que, incluir técnicas de control local a posteriori puede variar los genotipos que se seleccionan en un programa de mejoramiento.

Este trabajo expone la importancia de un buen diseño experimental y del uso de técnicas a posteriori en función de la variabilidad espacial y del número de tratamientos a evaluar. En este sentido, sería interesante seguir analizando estos ensayos con técnicas que permitan analizar más profundamente la variabilidad espacial por ejemplo a través de la geoestadística, y evidenciar si hay más fuentes de variabilidad que escapan a las metodologías utilizadas en este trabajo.

6. RESUMEN

Los experimentos, especialmente los agronómicos, dada la gran heterogeneidad ambiental que los caracteriza, pueden llevar a extraer conclusiones ambiguas o equívocas si no fueron bien diseñados. Por ello, es conveniente tener especial cuidado a lo largo de todo el procedimiento, desde la planificación hasta el análisis estadístico de los datos. En los casos en que el experimento haya logrado controlar razonablemente todas las fuentes de variación, no será necesario realizar correcciones posteriores. Con el objetivo de cuantificar el impacto del diseño experimental y de los modelos de análisis sobre la eficiencia de un experimento, se analizaron cuatro ensayos, de distinto tamaño, de dos etapas avanzadas de un programa de mejoramiento de trigo (final y elite). Se comparó el diseño original a campo con diseños alternativos y técnicas de análisis a posteriori como la inclusión del efecto columna en los modelos. El diseño original era un diseño en bloques incompletos resoluble y parcialmente balanceado. Para comparar los modelos de análisis se utilizaron indicadores de exactitud (coeficiente de correlación de Pearson entre valores observados y predichos), de precisión (error estándar de una media) y ajuste (Akaike Information Criterion) y se estudió la distribución de los residuales en el espacio. A su vez, se evaluó el impacto de utilizar diferentes modelos de análisis en la selección de genotipos. De los resultados obtenidos, se deduce que existía variación en el terreno en el sentido de las columnas que no había sido captada por el diseño original y que la inclusión de sus efectos en el modelo afectó los genotipos seleccionados, posiblemente debido a una mayor exactitud y precisión en la estimación de las medias de rendimiento. Estas diferencias fueron de mayor magnitud en los ensayos finales de mayor tamaño. Estos resultados resaltan la importancia del diseño experimental en las conclusiones que se extraen en los experimentos. También quedó en evidencia que la eficacia del diseño experimental en cada ensayo en particular, está determinada por múltiples factores tales como el tamaño del ensayo (número de tratamientos a evaluar), el ambiente y las decisiones que se tomen en función de la etapa del programa de mejoramiento.

Palabras clave: *Triticum aestivum* L; Error experimental; Genotipo; Modelo estadístico; Técnicas a posteriori.

7. SUMMARY

The experiments, and especially the agronomic ones, given the great environmental heterogeneity that characterizes them, can lead to draw ambiguous or equivocal conclusions, if they were not well-designed. Therefore, it is advisable to take special care throughout the entire procedure, from the planning to the statistical analysis of the data. In those situations where the experiment has managed to control all the variation sources, it will not be necessary to perform subsequent corrections in the analyzes. With the aim of quantifying the impact of experimental design and analysis models on experiment efficiency, four trials of different sizes of two advanced stages of a wheat improvement program (final and elite), were analyzed. The original field design was compared with alternative designs and *a posteriori* analysis techniques such as the inclusion of the column effect in the models. The original design was a resolvable and partially balanced incompletely block design. To compare the analysis models, indicators of accuracy (Pearson correlation coefficient between observed and predicted values), precision (standard error) and fit (AIC) were calculated and the distribution of residuals in the field was studied. In turn, the impact of using different analysis models in the selection of genotypes was evaluated. From the results obtained, it can be deduced that there was important variation in the field in the direction of the columns that had not been well-captured by the original design, and the inclusion of their effects in the model, affected the selected genotypes, probably due to a greater accuracy and precision in the estimation of yield means of yield. These differences were of greater magnitude in those trials with larger size. These results highlight the importance of experimental design in the conclusions drawn from the experiments. In addition, it is important to notice that the efficiency of the experimental design in each particular trial, is determined by multiple factors such as the trial size (number of treatments), the environment and the decisions to be made depending on the stage of the breeding program.

Key words: *Triticum aestivum* L.; Experimental error; Genotype; Statistical model; A posteriori techniques.

8. BIBLIOGRAFÍA

1. Ainsley, A. E.; Paterson, L. J.; Patterson, H. D. 1987. A method for predicting the efficiency of incomplete-block trials. *Biometrics*. 43(1): 55-59.
2. Alencar, X.; Muir, W. M.; Craig, B.; Raineyt, K. M. 2016. Walking through the statistical black boxes of plant breeding. *Theoretical and Applied Genetics*. 129: 1933-1949.
3. Aquaah, G. 2012. Principles of plant genetics and breeding. 2nd. ed. New Jersey, Wiley/Blackwell. 740 p.
4. Araus, J. L.; Slafer, G. A.; Reynolds, M. P.; Royo, C. 2002. Plant breeding and drought in C3 cereals: What should we breed for? *Annals of Botany*. 89: 925-940.
5. Arbeletche, P.; Gutiérrez, G. 2003. Situación actual y perspectivas del mercado laboral y regional de harinas de trigo. Implicancias para el programa de mejoramiento genético del INIA. Montevideo, INIA. 50 p. (FPTA no. 10).
6. Baird, D.; Mead, R. 1991. The empirical efficiency and validity of two neighbor models. *International Biometric Society*. 47(4): 1973-1487.
7. Bailey, R. A. 1981. A unified approach to design experiments. *Journal of the Royal Statistical Society (Series A)*. 144(2): 214-223.
8. Balzarini, M. G.; González, L.; Tablada, M.; Casanoves, F.; Di Rienzo, J. A., Robledo, C. W. 2008. Infostat, versión 2008. Córdoba, Universidad Nacional de Córdoba. Grupo InfoStat. FCA. Grupo Infostat. 336 p.
9. Bates, D.; Maechler, M., Bolker, B.; Walker, S. 2015. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. (en línea). *Journal of Statistical Software*. 67(1):1-48. Consultado dic. 2018. Disponible en doi:10.18637/jss.v067.i01
10. Bernardo, R. 2010. Breeding for quantitative traits in plants. 2nd. ed. Minnesota, Stemma. 390 p.
11. Bonjean, A. P.; Angus, W. J. 2001. The world wheat book. A history of wheat breeding. *Annals of Botany*. 88(5): 953-955.

12. Briggs, F. N.; Knowles, P. F. 1967. Introduction to plant breeding. New York, Reinhold. 426 p.
13. Brisson, N.; Gate, P.; Gouache, D.; Charmet, G.; Oury, F.; Huard, F. 2010. Why are wheat yield stagnating in Europe? A comprehensive data analysis for France. *Field Crops Research*. 119: 201-212.
14. Brownie, C.; Daryl, T. B.; Joe, W. B. 1993. Statistics. Estimating spatial variation in analysis of data from yield trials: a comparison of methods. *Agronomy Journal*. 85: 1243-1253.
15. Burnham, K. P. 2002. Model selection and multimodel inference: a practical information-theoretic approach. 2nd. ed. New York, Springer. 515 p.
16. _____; Anderson, D. R.; Huyvaert, K. P. 2011. AIC model selection and multimodel inference in behavioral ecology: some background, observations, and comparisons. *Behavioral Ecology Sociobiology*. 65: 23-35.
17. Calderini, D. F.; Slafer, G. A. 1998. Changes in yield and yield stability in wheat during the 20th century. *Field Crops Research*. 57: 335-347.
18. Campbell, B. T.; Bauer, P. J. 2007. Improving the precision of cotton performance trials conducted on highly variable soils of the southeastern USA coastal. *Plant Breeding*. 126: 622-627.
19. Casler, D.; Undersander, D. J. 2000. Alfalfa. Forage Yield precision, experimental design, and cultivar mean separation for alfalfa cultivar trials. *Agronomy Journal*. 92: 1071-1076.
20. _____. 2015. Fundamental of experimental design: guidelines for designing successful experiments. *Agronomy Journal*. 107(2): 692-705.
21. Christensen, R. 2001. Plane Answers to complex questions: the theory of lineal models. México, Universidad de Nuevo México. Departamento de Matemática y Estadística. 462 p.
22. CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo, MX). 2018. Investigación sobre trigo. (en línea). México, D. F. s.p. Consultado dic. 2018. Disponible en <https://www.cimmyt.org/es/investigacion-sobre-trigo/>

23. Cochran, W. G.; Cox, G. M. 1983. Diseños experimentales. México, Trillas. 661 p.
24. Deepak, K.; Ramankutty, N.; Mueller, N.; West, P. C.; Foley, A. J. 2012. Recent patterns of crop yield growth and stagnation. *Nature Communications*. Jun. : 1-7.
25. Di Rienzo, J. A.; Casanoves, F.; Gonzales, E. M.; Tablada, E. M.; Días, Ma. del P.; Robledo, C. W. 2009. Estadísticas para las ciencias agropecuarias. 6ª. ed. Córdoba, Brujas. 348 p.
26. Duarte, J. B.; Vencovsky, R. 2005. Spacial statistical analysis and selection of genotypes in plant breeding. *Pesquisa Agropecuaria*. 40(2): 107-114.
27. Ernst, O. 2011. Cambios en la agricultura, situación actual y demandas de investigación. In: Taller sobre Limitaciones para la productividad de trigo y cebada (2011, Montevideo, Uruguay). Trabajos presentados. Montevideo, Uruguay, CYTED. pp. 3-9.
28. FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura, IT). 2010. Perspectivas a plazo medio de los productos básicos agrícolas. Proyectos al año 2010. (en línea). Roma. s.p. Consultado dic. 2018. Disponible en <http://www.fao.org/docrep/007/y5143s/y5143s00.htm#Contents>
29. _____. 2016. FAO-STAT: producción mundial. (en línea). Roma. s.p. Consultado dic. 2018. Disponible en <http://www.fao.org/faostat/en/#compare>.
30. Federer, W. T.; Nguyen, N. 2002. Incomplete block designs. *Encyclopedia of Environmetrics*. 2: 1039-1042.
31. Finger, R. 2010. Evidence of slowing yield growth. The example of Swiss cereal yields. *Food Policy*. 35: 175-182.
32. Fisher, R. A. 1951. The design of experiments. 6th. ed. London, Oliver and Boyd. 244 p.
33. Gutiérrez, A.; Santacruz, F.; Cabrera, J.; Rodríguez, B. 2002. Mejoramiento genético vegetal in vitro. *Mejoramiento Genético Vegetal*. 1(4):1-19.

34. Hernández, A. S. 1988. Avance en el mejoramiento genético del trigo en México. *Sciences*. 8(7): 633-638.
35. Ladha, J. K.; Dawe, D.; Pathak, H.; Padre, A.T.; Yadav, R.L.; Singh, B.; Singh, Y.; Singh, Y.; Singh, P.; Kundu, A.L.; Sakal, R.; Ram, N.; Regmi, A. P.; Gami, S. K.; Bhandari, A. L.; Amin, R.; Yadav, C. R.; Battarai, E. M.; Das, S.; Aggarwal, H. P.; Gupta, R. K.; Hobbs, P. R. 2003. How extensive are yield declines in long-term rice-wheat experiments in Asia? *Field Crops Research*. 81: 159-180.
36. Lado, B. 2012. Identificación de SNPs mediante genotipado por secuenciación para el mejoramiento genético de trigo (*Triticum aestivum* L.). Tesis Mg. en Biotecnología. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Ciencias. 78 p.
37. Littell, R. C.; Miliken, G. A.; Stroup, W. W.; Wolfinger, R. D.; Schabenberger, O. 2006. SAS for mixed models. 2nd. ed. Cary, NC, SAS Institute. 834 p.
38. López, M. V.; Arrúe, J. L. 1994. Efficiency of an incomplete block design based on geostatistics for tillage experiments. Zaragoza, España, Estación Experimental de Aula Dei. Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC). Departamento de Ciencias del Suelo. 26 p.
39. MGAP. DIEA (Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca. Dirección de Investigaciones Estadísticas Agropecuarias, UY). 2017. Anuario estadístico agropecuario 2017. Montevideo. 214 p.
40. _____. OPYPA (Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca. Oficina de Programación y Política Agropecuaria, UY). 2015. El desarrollo agropecuario y agroindustrial de Uruguay: reflexiones en el 50 aniversario de la Oficina de Programación y Política Agropecuaria. Montevideo. 86 p.
41. _____. _____. 2017. Anuario. Análisis sectorial y cadenas productivas: temas de políticas 2017. Montevideo. 694 p.
42. Michel, L.; Makowski, D. 2013. Comparison of statistical models for analyzing wheat yield time series. *Plos ONE*. 8(10): 1-11.
43. Miralles, D. J.; Windauer, L. B.; Gómez, N. V. 2003. Factores que regulan el desarrollo de los cultivos de granos. In: Satorre, E.; Benech-Arnold, R.; Slafer, G. A.; de la fuente E.; Miralles, D.;

Otegui, M. E.; Savin, R. eds. Producción de granos: bases funcionales de su manejo. Buenos Aires, Universidad de Buenos Aires. Facultad de Agronomía. pp. 61-74.

44. _____; González, F. G.; Abeledo, L. G.; Serrago, R. A.; Alzueta, I.; García, G. A.; de San Caledonio, R. P.; Lo Valvo, P. 2014. Manual de trigo y cebada para el cono sur: procesos fisiológicos y bases de manejo. Buenos Aires, Orientación Gráfica. 48 p.
45. Montgomery, D. C. 2004. Diseño y análisis de experimentos. 2^a. ed. México, Limusa. 692 p.
46. Nychka, D.; Furrer, R.; Paige, J.; Sain, S. 2017. Fields: tools for spatial data. (en línea). Boulder, University Corporation for Atmospheric Research. s.p. Consultado dic. 2018. Disponible en [doi: 10.5065/D6W957CT](https://doi.org/10.5065/D6W957CT)
47. Paterson, L. J. 1988. Some recent work in making incomplete-block designs available as a tool for science. *International Statistical Review*. 56(2): 129-138.
48. Patterson, H. D.; Hunter, E.; Williams, E. R. 1978. Block designs for variety trials. *Journal of Agricultural Science (Cambridge)*. 90: 395-400.
49. _____; _____. 1983. The efficiency of incomplete block designs in National List and Recommended List cereal variety trials. *Journal of Agricultural Science*. 101: 427-433.
50. Piepho, H. P.; Büchse, A.; Truberg, B. 2006. On the use of multiple lattice designs and alpha-designs in plant breeding trials. *Plant Breeding*. 125: 523-528.
51. _____; Williams, E. R. 2010. Linear variance models for plant breeding trials. *Plant Breeding*. 129: 1-8.
52. Pinheiro, J. C.; Bates, D. M. 2000. *Mixed-effects models in S and S-PLUS*. New York, Springer. 538 p.
53. Poehlman, J. M.; Allen, D. S. 2005. *Mejoramiento genético de las cosechas*. 2a. ed. México, Limusa. 511 p.

54. Qiao, C. G.; Basford, K. E.; DeLacy, I. H.; Cooper, M. 2000. Evaluation of experimental designs and spatial analyses in wheat breeding trials. *Theoretical of Applied Genetics*. 100:9-16.
55. R Core Team. 2013. R: A language and environment for statistical computing. (en línea). Vienna, R Foundation for Statistical Computing. s.p. Consultado dic. 2018. Disponible en <http://www.R-project.org/>.
56. Russell, V. L. 2016. Least-Squares Means: The R Package lsmeans. (en línea). *Journal of Statistical Software*. 69(1): 1-33 Consultado dic. 2018. Disponible en doi:10.18637/jss.v069.i01
57. Satorre, E. H.; Benech, R. L.; Slafer, G. A.; de la Fuente, E. B.; Miralles, D. J.; Otegui, E.; Savin, R. 2010. Producción de granos: bases funcionales para su manejo. Buenos Aires, UBA. Facultad de Agronomía. 783 p.
58. Slafer, G. A.; Calderini, D. F. 2001. Herramientas fisiológicas para el mejoramiento del rendimiento de trigo. *In: Seminario Internacional Estrategias y Metodologías Utilizadas en el Mejoramiento de Trigo: un Enfoque Multidisciplinario (2001, Colonia, Uruguay)*. Trabajos presentados. Montevideo, Uruguay, INIA. pp. 13-24.
59. Smith, A. B.; Cullis, B. R.; Thomson, R. 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed models approaches. *Journal of Agricultural Science*. 143: 449-462.
60. Speed, T. P.; Williams, E. R.; Patterson, H. D. 1985. A note on the analysis of resolvable block designs. *Journal of the Royal Statistical Society*. 47(2): 357-361.
61. Steel, R.; Torrie, J. H. 1988. *Bioestadística: principios y procedimientos*. 2ª. ed. México, McGraw-Hill. 622 p.
62. Van Es, H. M.; Van Es, C. L.; Cassel, D. K. 1989. Application of regionalized variable theory to large-plot field experiments. *Soil Science*. 53: 1178-1183.
63. Verges, R. 2006. Mejoramiento genético de trigo en el INIA: actualidad y perspectivas. *El País Agropecuario*, Montevideo, UY, abr. 18:s.p.

64. Villaseñor, M. 2015. Sistema de mejoramiento genético de trigo en México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 11: 2183-2189.
65. Zimmerman, D. L.; Harville, D. A. 1991. A random field approach to the analysis of field-plot experiments and other spatial experiments. *International Biometric Society*. 47(1): 223-239.

9. ANEXOS

Anexo 1. Mejores 5 cultivares según DBI (diseño original), predicciones y ranking de sus medias en todos los modelos para los distintos ensayos.

A) Elite ciclo largo

CULTIVAR	DBI		DBCA		DBCA+COL		BI+COL	
	R	R P	R	R P	R	R P	R	R P
LE2377	1	7704,3	1	7694,3	1	7694,3	1	7701,3
LE2360	2	7316,2	2	7328	2	7328	2	7316,2
LE2359	3	7249,4	3	7242,8	3	7242,8	3	7249,4
LE2380	4	7199,8	4	7177,8	4	7177,8	4	7199,8
LE2358	5	7071,3	5	7116,8	5	7003,5	5	7071,3

R= ranking; RP= rendimiento promedio; DBCA= diseño en bloques completamente al azar; DBCA+col= diseño en bloques completamente al azar con efecto columna; DBI= diseño en bloques incompletos; DBI+COL= diseño en bloques incompletos con efecto columna.

B) Elite ciclo corto intermedio

CULTIVAR	DBI		DBCA		DBCA+COL		BI+COL	
	Rank.	Rend. Prom.	Rank.	Rend. Prom.	Rank.	Rend. Prom.	Rank.	Rend. Prom.
LE2981	1	6188,5	1	6075,2	2	5519,8	2	5519,8
BIOINTA1002	2	5644,9	2	5867,7	1	5574,5	1	5574,4
LE2375	3	5179,7	6	4873,8	6	4482,0	8	4482,0
NOGAL_FALSO	4	5015,7	4	5030,3	4	4548,9	7	4548,9
K.TAURO	5	4996,9	3	5037,5	3	5152,2	3	5152,2

DBCA= diseño en bloques completamente al azar; DBCA+col= diseño en bloques completamente al azar con efecto columna; DBI= diseño en bloques incompletos; DBI+COL= diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2= diseño en bloques incompletos con 4 unidades experimentales por bloque incompleto.

C) Final ciclo intermedio

CULTIVAR	DBI		DBCA		DBCA+COL		DBI+COL		DBI2	
	Rank.	Rend. Prom.	Rank.	Rend. Prom.	Rank.	Rend. Prom.	Rank.	Rend. Prom.	Rank.	Rend. Prom.
F4-CCCI-08-262	1	6952,8	4	6702,7	11	6058,4	11	6058,4	1	7104,3
F4-CCCI-08-508	2	6828,4	7	6424,7	14	5887,6	14	5887,6	6	6440,6
F4-CCCI-08-14834	3	6754,5	9	6337,0	20	5754,1	20	5754,1	7	6381,3
LE2387	4	6726,7	7	7151,0	4	6661,6	4	6661,6	11	6214,6
F7-CCCI-08-7452	5	6660,7	3	6733,3	12	6030,8	12	6032,8	5	6532,1

R= ranking; DBCA= diseño en bloques completamente al azar; DBCA+col= diseño en bloques completamente al azar con efecto columna; DBI= diseño en bloques incompletos; DBI+COL= diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2= diseño en bloques incompletos con 4 unidades experimentales por bloque incompleto.

D) Final ciclo largo

CULTIVAR	DBI		DBCA		DBCA+COL		BI+COL	
	Rank.	Rend. Prom.	Rank.	Rend. Prom.	Rank.	Rend. Prom.	Rank.	Rend. Prom.
LE2377	1	8822,7	1	8821,7	1	9037,3	1	9037,3
F6-CL-08-10161	2	8402,1	2	8526,7	2	8732,8	2	8732,8
F6-CL-08-11532	3	8191,0	5	8188,3	7	7920	7	7920
LE2358	4	8110,7	6	8121	3	8481,6	3	8481,6
F6-CL-08-10087	5	8096,1	7	8080	5	8011,3	5	8039,2

DBCA= diseño en bloques completamente al azar; DBCA+col= diseño en bloques completamente al azar con efecto columna; DBI= diseño en bloques incompletos; DBI+COL= diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2= diseño en bloques incompletos con 4 unidades experimentales por bloque incompleto.

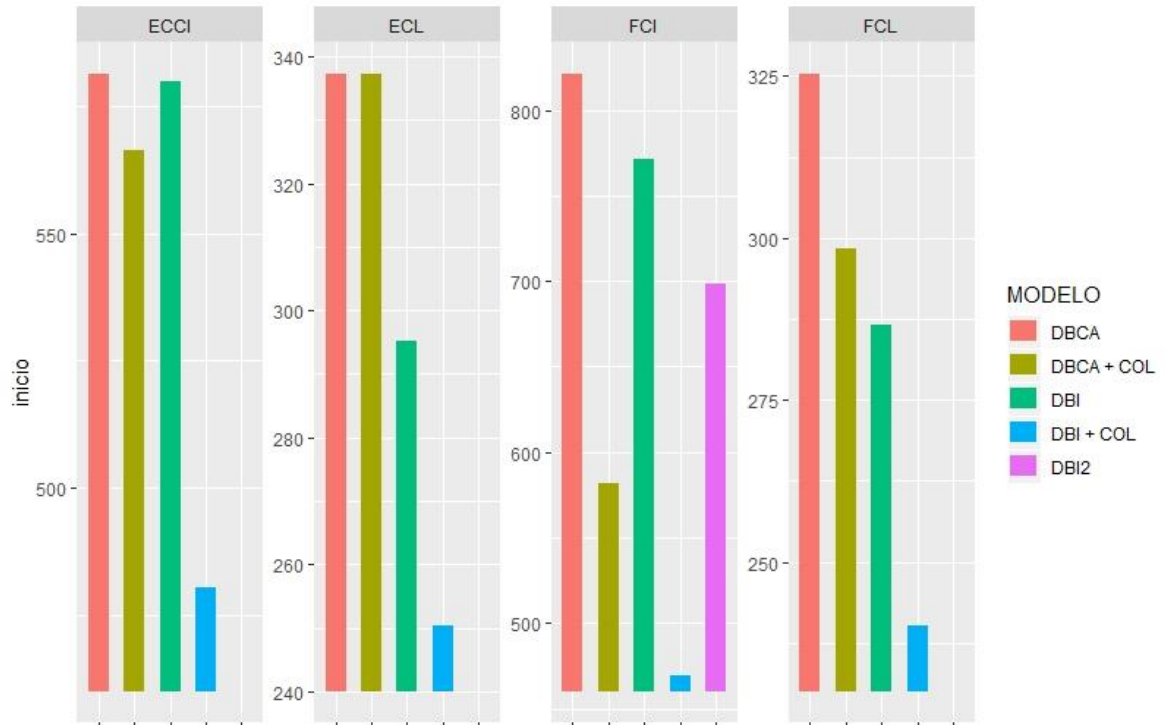
Anexo 2. Valor de los distintos indicadores (AIC, coeficiente de correlación y error estándar) para todos los modelos probados en los diferentes ensayos.

AIC

MODELO	ENSAYO			
	ECL	ECCI	FCL	FCI
DBCA	999	1721	1706	3381
DBCA + COL	1001	1715	1694	3260
DBI	1002	1718	1686	3367
DBI + COL	1002	1717	1696	3262
DBI2				3343

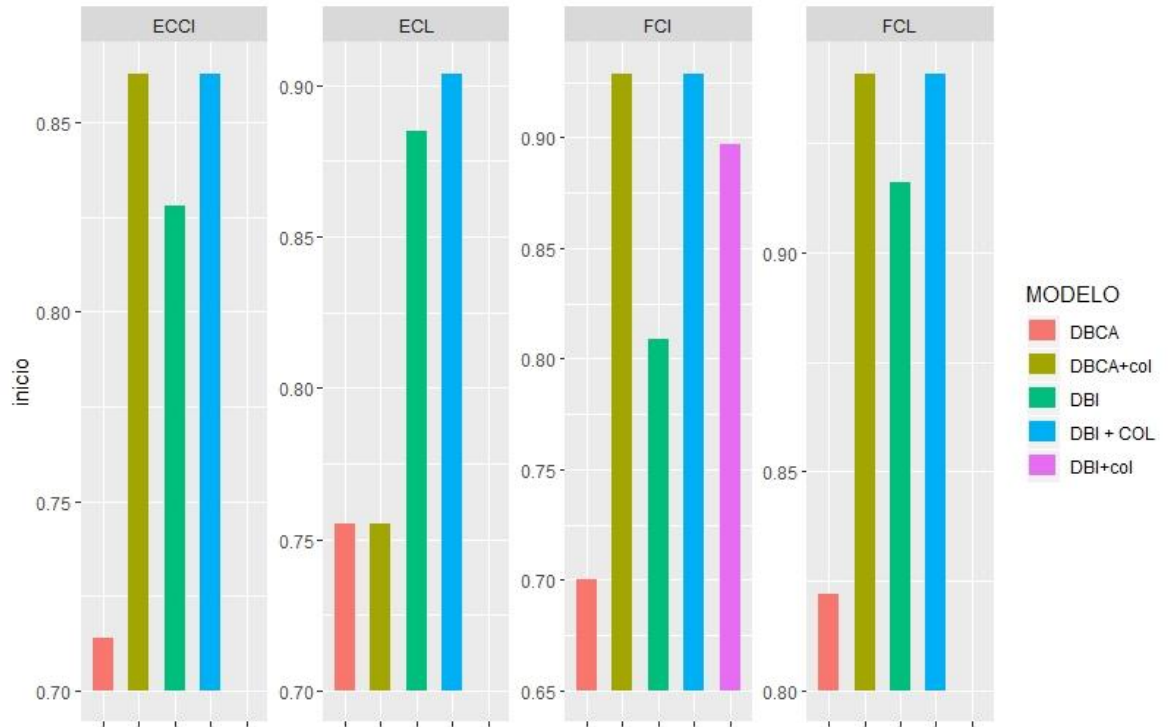
ECL= Elite ciclo largo; ECCI= Elite ciclo corto intermedio; FCL= Final ciclo largo; FCI= Final ciclo intermedio; DBCA= Diseño en bloques completos al azar; DBCA+COL= Diseño en bloques completos al azar con efecto columna; DBI= Diseño en bloques incompletos con 8 unidades experimentales; DBI+COL= diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2= Diseño en bloques incompletos con bloques incompletos con 4 unidades experimentales.

Error estándar



ECCI= elite ciclo corto intermedio; ECL= elite ciclo largo; FCI= final ciclo intermedio; FCL= final ciclo largo; DBCA= diseño en bloques completamente al azar; DBCA+col= diseño en bloques completamente al azar con efecto columna; DBI= diseño en bloques incompletos; DBI+COL= diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2= diseño en bloques incompletos con 4 unidades experimentales por bloque incompleto.

Coeficiente de correlación



ECCI= elite ciclo corto intermedio; ECL= elite ciclo largo; FCI= final ciclo intermedio; FCL= final ciclo largo; DBCA= diseño en bloques completamente al azar; DBCA+col= diseño en bloques completamente al azar con efecto columna; DBI= diseño en bloques incompletos; DBI+COL= diseño en bloques incompletos con efecto columna; DBI2= diseño en bloques incompletos con 4 unidades experimentales por bloque incompleto.