

UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA
FACULTAD DE AGRONOMÍA

**VARIABILIDAD GENOTÍPICA Y AMBIENTAL DE PARÁMETROS MORFOLÓGICOS DEL
GRANO DE CEBADA CERVECERA (*HORDEUM VULGARE* L.) Y SU RELACIÓN CON
PARÁMETROS DE CALIDAD MALTERA**

por

Noelia VERA SIRI

**Trabajo final de grado
presentado como uno de los
requisitos para obtener el
título de Ingeniero Agrónomo**

MONTEVIDEO

URUGUAY

2025

Este Trabajo Final de Grado se distribuye bajo licencia

“Creative Commons **Reconocimiento – No comercial – Compartir igual**”.



PÁGINA DE APROBACIÓN

Trabajo final de grado aprobado por:

Directora:

Dra. Monika Kavanová

Co-Director:

Ing. Agr. (Mag.) Maximiliano Verocai

Tribunal:

Ing. Agr. (Mag.) Maximiliano Verocai

Q.F. (Dr.) Daniel Vazquez

Ing. Agr. (Dr.) Pablo González Barrios

Fecha:

27 de octubre de 2025

Estudiante:

Noelia Vera Siri

AGRADECIMIENTOS

Un enorme agradecimiento a mi familia y amigos por haberme apoyado en todo este tiempo, impulsándome a lograr con optimismo mis objetivos, y ser un gran sostén en muchos momentos.

A mi tutora Monika Kavanová por haber confiado en mí, por el apoyo continuo, tener un buen seguimiento de todo el proceso de esta investigación, además de haberme guiado en este camino de aprendizaje, sus aportes fueron muy enriquecedores en todo momento. A mi Co-Director Maximiliano Verocai por brindarme su apoyo y conocimientos.

A todo el equipo de cebada en INIA La Estanzuela, en particular a Andrés Bidart, Pablo Soulier y Wilmar de León, por haberme recibido con gran amabilidad.

TABLA DE CONTENIDO

PÁGINA DE APROBACIÓN	3
AGRADECIMIENTOS.....	4
LISTA DE TABLAS Y FIGURAS.....	7
RESUMEN	8
ABSTRACT	9
1. INTRODUCCIÓN	10
2. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA.....	11
2.1 Historia.....	11
2.2 Cultivo de cebada a nivel mundial	11
2.3 Cultivo de cebada en Uruguay	11
2.4 Calidad física de grano de cebada cervecera	13
2.5 Calidad de malta	14
2.6 Mejoramiento genético de cebada en Uruguay	18
3. MATERIALES Y MÉTODOS.....	20
3.1 Procesamiento post cosecha de las muestras de grano	21
3.2 Morfometría de granos.....	21
3.3 Análisis de peso de mil semillas (PMS)	23
3.4 Análisis de calidad maltera: Micromalteos.....	23
3.5 Análisis estadístico	26
3.6 Regresiones múltiples para contenido de Extracto fino	26
4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	28
4.1 Datos fenotípicos de rendimiento de grano, clasificación de grano y peso de mil semillas ..	28
4.2 Análisis del efecto genotipo, ambiente y genotipo x ambiente para rendimiento, clasificación y peso mil semillas	32
4.3 Datos fenotípicos de variables morfométricas	34
4.4 Análisis del efecto genotipo, ambiente y genotipo x ambiente de variables morfométricas	38
4.5 Correlaciones entre las variables de rendimiento y tamaño de grano.....	41
4.6 Parámetros de calidad maltera.....	44
4.7 Correlaciones entre parámetros morfométricos, proteína en grano y extracto fino.	46

4.8 Regresiones entre parámetros morfométricos y físicos, y parámetros de calidad en muestras de ensayos Finales y Elite.....	48
4.9 Predicción de concentración de extracto fino en muestras independientes de ensayos Preliminares	50
5. CONCLUSIÓN	53
6. BIBLIOGRAFÍA	55
7. ANEXO	60

LISTA DE TABLAS Y FIGURAS

Tabla n.

Tabla 1	Parámetros y sus ponderaciones utilizadas para determinar ICM 2012	18
Tabla 2	Proceso de micromalteado: germinación.....	24
Tabla 3	Proceso de micromalteado: secado	25
Tabla 4	Varianza y heredabilidad para rendimiento, rendimiento 1+2 y clasificación para ensayos Finales y Elite.....	33
Tabla 5	Varianza y heredabilidad para peso de mil semillas en ensayos Finales y Elite	34
Tabla 6	Varianza y heredabilidad para variables morfométricas de grano para ensayos Finales y Elite.....	40

Figura n.

Figura 1	Área de siembra de cebada y producción de cebada cervecera para diferentes años agrícola	12
Figura 2	Imagen utilizada para análisis en GrainScan	22
Figura 3	Análisis de imagen con la aplicación CountThings	23
Figura 4	Rendimiento de grano para ensayos Finales y Elite.....	28
Figura 5	Clasificación de grano para ensayos Finales y Elite.....	30
Figura 6	Peso de mil semillas en ensayos Finales y Elite.....	31
Figura 7	Área de grano en ensayos Finales y Elite	35
Figura 8	Ancho de grano en ensayos Finales y Elite.....	36
Figura 9	Largo de grano en ensayos Finales y Elite	37
Figura 10	Correlaciones entre las variables de rendimiento y parámetros morfométricos en Ensayos Finales.....	41
Figura 11	Correlaciones entre las variables de rendimiento y parámetros morfométricos en ensayos Elite.....	43
Figura 12	Valores de parámetros de calidad maltera para ensayos Finales y Elite	44
Figura 13	Correlaciones entre parámetros morfométricos y extracto fino de muestras micromalteadas de ensayos Finales.....	46
Figura 14	Correlaciones entre parámetros morfométricos y de extracto fino de muestras micromalteadas de ensayos Elite.....	47
Figura 15	Extracto fino estimado y su relación con el valor medido en ensayos preliminares	51

RESUMEN

La cebada en Uruguay se sitúa como el segundo cultivo de invierno más sembrado y su destino principal es la elaboración de malta con fines exportables. La calidad maltera es un determinante en su uso para la elaboración de malta con fines cerveceros. Conocer cómo varían los parámetros de calidad maltera y cómo son influenciados es de importancia para el desarrollo eficiente de nuevos cultivares. El objetivo principal de este estudio fue evaluar la asociación entre parámetros morfológicos del grano de cebada y el extracto fino, un parámetro de calidad maltera. Para ello se realizaron determinaciones de parámetros morfológicos en cultivares comerciales y líneas avanzadas del Programa de Mejoramiento Genético de INIA, para determinar si parámetros morfológicos del grano de cebada (ancho, largo, A_L, perímetro, área, color) pueden servir como indicadores de calidad maltera en generaciones más tempranas del programa. Finalmente se evaluó el poder predictivo de estas variables, validando su utilidad a través de datos fenotípicos independientes de líneas F7 obtenidas en ensayos Preliminares. Los ensayos finales, Elite y Preliminar fueron sembrados en el Programa de Mejoramiento Genético de Cebada de INIA en el 2023 con un diseño experimental de bloques incompletos aleatorizados con dos repeticiones. Las variables evaluadas fueron peso de mil semillas, clasificación, morfometría y calidad maltera de cada muestra. Para analizar la calidad maltera, las muestras fueron micromalteadas por el Laboratorio Tecnológico del Uruguay (LATU). El análisis de varianza de las distintas variables se realizó usando modelos mixtos, al cual se le incorporó el análisis espacial de los ensayos. En la estimación del extracto fino, se utilizó un modelo de regresión lineal múltiple con selección de variables mediante el método stepwise. Los valores de varianza para el rendimiento, tanto en los ensayos Elite como en los Finales, evidenciaron que la mayor parte de la variabilidad observada fue explicada por el efecto ambiental. En cambio, las variables peso de mil semillas, clasificación y los parámetros morfométricos mostraron que la principal fuente de variación fue el efecto genotípico. En cuanto a las correlaciones entre los parámetros morfométricos y de calidad maltera, se observó que la clasificación y el peso de mil semillas tuvieron una correlación positiva, además el ancho de grano demostró correlacionarse positivamente con ambas variables. La correlación entre la proteína en grano y el extracto fino demostró ser negativa en los ensayos evaluados. De las regresiones se destacaron las ecuaciones correspondientes a ensayos Elite y Preliminar. Por último, se observó entre los modelos utilizados para predecir el extracto fino en muestras Preliminares, que la ecuación desarrollada a partir de los ensayos Elite fue la más precisa, debido a un mayor coeficiente de determinación, incluyendo como variables predictoras el contenido de proteína en grano, el ancho y el largo del grano. Por lo tanto, determinar parámetros como el ancho y largo del grano, y proteína en grano en una línea experimental permitiría una estimación de la calidad maltera en generaciones más tempranas de programas de mejoramiento, a través de una medición más simple y sin necesidad de realizar una preselección basada en otras características.

Palabras clave: cebada, calidad maltera, parámetros morfológicos, proteína en grano

ABSTRACT

Barley in Uruguay is the second most widely grown winter crop, and its main use is for malting, primarily for export. Malting quality is a key factor in its suitability for brewing. Understanding how malting quality parameters vary and how they are influenced is important for the efficient development of new cultivars. The main objective of this study was to evaluate the relationship between barley grain morphological parameters and fine extract, a malting quality parameter. Morphological parameters were measured in commercial cultivars and advanced lines from the INIA Breeding Program to determine whether barley grain morphological parameters (width, length, A_L ratio, perimeter, area, color) could serve as indicators of malting quality in earlier generations of the breeding program. Finally, the predictive power of these variables was assessed, validating their usefulness using independent phenotypic data from F7 lines obtained in preliminary trials. The Advanced and Elite trials were planted in the INIA Barley Breeding Program in 2023 using a randomized incomplete block design with two replications. The variables evaluated were 1000-seed weight, grain classification, morphometry, and malting quality for each sample. For malting quality analysis, the samples were micro-malted by the Uruguayan Technological Laboratory (LATU). Analysis of variance for the different variables was performed using mixed models, incorporating spatial analysis of the trials. For estimating fine extract, a multiple linear regression model with stepwise variable selection was used. The variance values for yield, in both the Elite and Advanced trials, showed that most of the observed variability was explained by environmental effects. In contrast, the variables 1000-seed weight, grain classification, and morphometric parameters showed that the main source of variation was the genotypic effect. Regarding the correlations between morphometric parameters and malting quality, it was observed that seed size classification and 1000-seed weight showed a positive correlation, and grain width also demonstrated a positive correlation with both variables. The correlation between grain protein content and extract yield was negative in the trials evaluated. Among the regression models, the equations corresponding to the elite and preliminary trials were the most significant. Finally, among the models used to predict extract yield in Preliminary trials, the equation developed from the Elite trials was the most accurate, due to a higher coefficient of determination. This equation included grain protein content, grain width, and grain length as predictor variables. Therefore, determining parameters such as grain width, grain length, and grain protein content in an experimental line would allow for an estimation of malting quality in earlier generations of breeding programs, through a simpler measurement and without the need for pre-selection based on other characteristics.

Keywords: barley, malting quality, morphological parameter, grain protein

1. INTRODUCCIÓN

La cebada (*Hordeum vulgare* L.) es uno de los principales cultivos de invierno en Uruguay. La mayor parte del área de siembra de cebada en Uruguay es con cultivares de cebada cervecera, y la mayoría del grano producido se exporta como malta (Rodríguez Decuadro, 2011). El desempeño económico de la cadena agroindustrial vinculada a la cebada cervecera depende de la disponibilidad de cultivares de alto y estable rendimiento con una calidad maltera aceptada por la industria maltera (Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria [INIA], s.f.). Por lo tanto, es de alta relevancia para programas de mejoramiento genético de cebada caracterizar con métodos rápidos la calidad maltera. La evaluación de calidad maltera se basa en análisis que requieren muchos recursos analíticos y se realizan sobre una cantidad de semilla mayor a la que se dispone en las generaciones tempranas en un programa de mejoramiento. Por lo tanto, los análisis de calidad maltera generalmente se llevan a cabo en generaciones avanzadas del proceso de selección de nuevas líneas. Incorporar métodos que permitan una estimación en generaciones más tempranas podría aumentar la tasa de avance genético de calidad maltera.

Este trabajo plantea la hipótesis de que existen parámetros morfológicos o de calidad física del grano de cebada que están asociados a parámetros de calidad, como el contenido de extracto fino.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la asociación entre parámetros morfométricos y físicos de grano de cebada y extracto fino, un parámetro de alta relevancia para calidad maltera, con el fin de facilitar una selección más temprana.

Específicamente, este trabajo tuvo como objetivo:

1. Analizar la variabilidad fenotípica y la estabilidad ambiental de parámetros morfométricos del grano de cebada del germoplasma del Programa de Mejoramiento de Cebada (PMGC) de INIA. Para esto, se determinaron parámetros de calidad física y la morfometría de grano de cebada de variedades comerciales y líneas avanzadas del PMGC de INIA que fueron evaluadas en ensayos comparativos de rendimiento en 2023.
2. Estudiar si las variables analizadas pueden servir como indicadores tempranos de calidad maltera, utilizando herramientas estadísticas para establecer asociaciones entre variables morfométricas de grano y el extracto fino, parámetro clave para calidad maltera, en un conjunto de líneas avanzadas.
3. Evaluar el poder predictivo de los parámetros físicos y morfológicos seleccionados como predictores de extracto fino en líneas experimentales de una generación más temprana.

2. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1 Historia

El género *Hordeum* incluye 32 especies, con 45 subespecies, siendo la cebada (*Hordeum vulgare* L.) la única especie domesticada. La cebada es uno de los cultivos fundadores de la agricultura del Viejo Mundo. Los restos arqueológicos de granos de cebada se encontraron en varios sitios de la Media Luna Fértil, indicando que el cultivo fue domesticado alrededor del año 8000 a.C. a partir de su progenitor *Hordeum vulgare* sp. *spontaneum* (Badr et al., 2000)

2.2 Cultivo de cebada a nivel mundial

A nivel mundial, la cebada es el cuarto cereal con mayor área de siembra anual, después del maíz, el arroz y el trigo (Akar et al., 2004). Debido a la buena adaptabilidad al estrés abiótico, el bajo requisito de insumos y la estabilidad del rendimiento es uno de los cultivos de elección entre los agricultores. A nivel mundial, casi el 70% del grano producido tiene destino forrajero o granífero para nutrición animal, mientras que un 30% de la producción de grano de cebada tiene destino de producción de la malta y entre un 5 % para consumo humano (Bouhlal et al., 2021). La producción de cebada con destino a la industria de la malta ha aumentado, llegando a 22 millones de toneladas de malta al año, de la misma se utiliza alrededor del 50% para producción de cerveza, un 20-25% a destilación, bebidas energéticas y alimentos para bebés (20-25%), y jarabes medicinales y vinagre (5%) (Bouhlal et al., 2021).

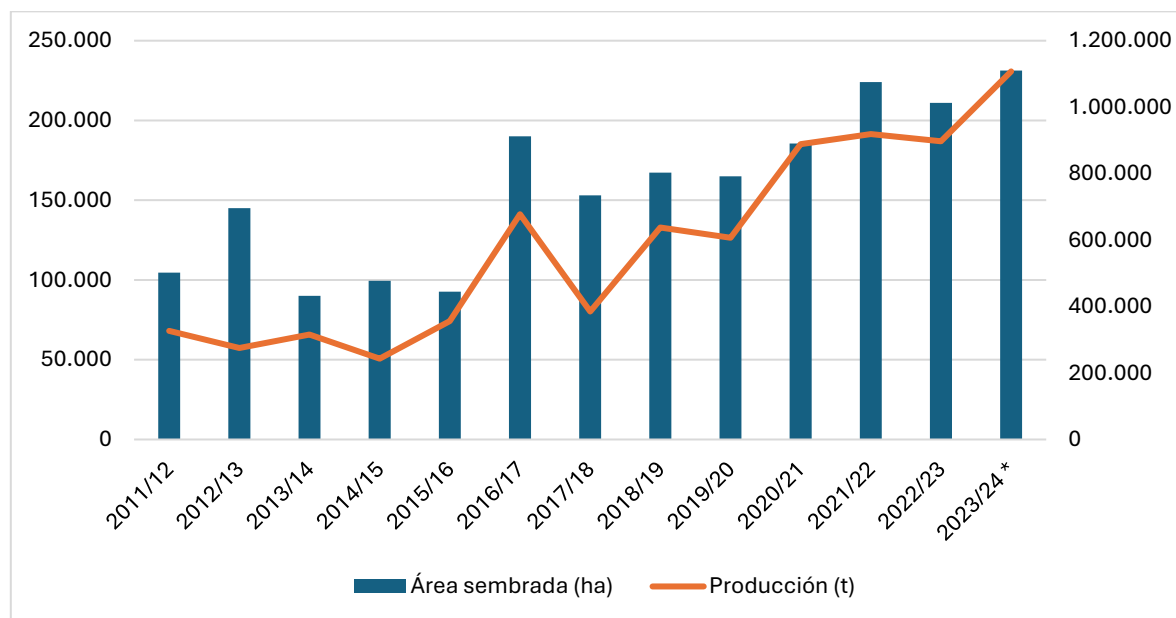
2.3 Cultivo de cebada en Uruguay

En Uruguay, la mayor parte de la cebada ha sido casi exclusivamente destinada a la elaboración de malta para exportación, para uso cervecero en su mayoría, y algunos lotes a la fabricación de malta para whiskey (Díaz & Rava, 2024).

Las condiciones agro-climáticas de nuestro país varían considerablemente a lo largo del territorio, lo que requiere un enfoque diferenciado para adaptarse a diferentes genotipos y ambientes. Se estima que en la zafra 2023/2024 se destinaron 231.263 hectáreas al cultivo de cebada con una productividad promedio de 4.789 kg/ha, lo que representó un crecimiento del área de siembra del 10% con respecto a la zafra anterior (Figura 1), pudiendo abastecer a la industria maltera con materia prima nacional (Díaz & Rava, 2024).

Figura 1

Área de siembra de cebada y producción de cebada cervecera para diferentes años agrícolas



Nota. Evolución del cultivo de cebada desde el año agrícola 2011-12 al 2023-24. Elaborado a partir de Díaz y Rava (2024).

La cebada se cultiva principalmente en el litoral oeste y en menor medida zona centro y sur, entre las latitudes 32° y 35° Sur. La precipitación media anual del país es de 1000 mm y durante la temporada de cultivo de 550 mm. La época de siembra es principalmente desde la segunda quincena de mayo a fin de junio, pero son frecuentes las fechas de siembra tardías de julio debido al exceso de precipitaciones en los meses de invierno que atrasan las siembras (Germán, 2004).

En Uruguay, el 90% del área de producción de cebada se destina a la producción de malta para exportación, principalmente a Brasil (Díaz & Rava, 2024). Por lo tanto, es de importancia la calidad industrial, además si se compara el volumen que nuestro país produce con respecto al mercado mundial, es muy pequeño, por lo cual una alta calidad permite a la industria y al país una mayor expansión en la exportación (Arias, 1991). En el año 2023 Uruguay estuvo entre los 10 mayores exportadores de malta con un valor de USD 350 millones, esto se puede ver en la sección de exportaciones e importaciones (Observatory of Economic Complexity [OEC], s.f.). La industria maltera en nuestro país tiene una capacidad máxima anual de producción de unas 464 000 toneladas de malta. Las malterías gestionadas por AmBev son Maltería Uruguay S.A. (MUSA), ubicada en Nueva Palmira y CYMPAY localizada en Paysandú, entre las dos malterías producen el 58% del volumen total de malta exportado. En La Paz se encuentra la planta industrial de Maltería Oriental S.A. (MOSA) que exporta el 42% del volumen de malta exportado, y también abastece a cervecerías locales (Díaz & Rava, 2024).

La calidad de grano de cebada cervecera está determinada por varios factores, incluyendo el efecto de genotipo, las condiciones ambientales y la interacción entre ambos factores (INTA Pergamino, 2016). Una misma variedad de cebada puede mostrar una calidad de grano variable dependiendo del ambiente de cultivo y las prácticas agronómicas aplicadas.

2.4 Calidad física de grano de cebada cervecera

En Uruguay, los parámetros de comercialización de grano de cebada cervecera para elaboración de malta son definidos por cada empresa maltera mediante contratos con productores.

Para la calidad física de grano de cebada cervecera son importantes algunos parámetros subjetivos como el color y la forma del grano, que cuanto más redonda mejor, debido a la relación superficie-volumen, indicando un mayor contenido de almidón y una mayor uniformidad de la actividad de enzimas hidrolíticas (Arias, 1991).

La humedad de grano (%) es un aspecto físico importante ya que valores altos pueden indicar una posible pérdida del poder germinativo durante el almacenamiento (Galante Travieso, 2005). El poder germinativo es una característica principal en el malteado, ya que aquellos granos que no germinan no se transformarán ni producirán enzimas necesarias en el proceso. La cebada cervecera debe presentar alta energía germinativa, siendo aceptable un mínimo de 95% en Europa (98% para cebadas de alta calidad) y 92% en Brasil, donde la cosecha requiere secado. La cebada recién cosechada puede mostrar dormancia, evaluada con la prueba de tetrazolio, que no debe ser inferior al 95%. Muchas variedades modernas, aunque presentan alto poder germinativo, presentan bajo vigor por una segunda dormancia, lo que afecta la calidad de la malta. Por ello, es necesario un período de almacenamiento de 30 a 90 días para alcanzar su máximo vigor y capacidad germinativa. En cuanto a la sensibilidad al agua, se refiere al comportamiento del grano al entrar en contacto con el agua, y se evalúa mediante una prueba de Pollock, en la cual se colocan 100 granos de cebada en una placa de Petri con 4 ml de agua y otros 100 en otra con 8 ml. Transcurridas 72 horas, se compara la reducción de la germinación obtenida en la segunda placa y se procede a su evaluación calificándose de muy poco sensible a muy sensible (Arias, 1991).

La concentración de proteína en grano (% base seca) es un parámetro de alta relevancia para la industria maltera. La proteína en el grano de cebada generalmente debe estar dentro de límites específicos de 9.5-12.5%, para que no haya un rechazo por parte de la industria maltera. Una alta concentración de proteína en grano está asociada a una mayor dureza de los granos impactando en una peor distribución de agua y enzimas en todo el endospermo, ralentizando su modificación y degradación, en consecuencia, ralentizando el proceso de malteado y reduciendo el valor final de extracto obtenido (Molina-Cano et al., 1997). La adicción de nitrógeno en el cultivo de cebada cervecera puede convertirse en un problema en la calidad del grano si se realiza por encima de los requerimientos del cultivo, especialmente cuando la fertilización se efectúa en etapas tardías del cultivo, no obstante, el valor final de proteína también es influenciado por otros factores como variedad, condiciones climáticas, y manejo utilizado (Hoffman Berasain & Castro Tabó, 2007).

La clasificación de grano (% de grano mayor a 2.5 mm) de la cebada cervecera es un parámetro de calidad física importante para la industria maltera. La clasificación de grano se refiere a la proporción de granos que cumplen con el tamaño mínimo requerido, determinado mediante el uso de tamices de 2.8 mm y 2.5 mm. Este porcentaje es un indicador de calidad que refleja qué fracción del lote está compuesta por granos de tamaño adecuado para la producción de malta. La clasificación es crucial en el proceso de malteo, ya que los granos de tamaño superior a 2.5 mm deben remojarse y germinarse por separado, debido a que su comportamiento es distinto al de los granos más pequeños. Sin embargo, la fracción superior a 2.8 mm se comporta de manera similar a la fracción de 2.5 - 2.8 mm, por lo que ambas se maltean juntas (Arias, 1991).

En términos comerciales, la cebada de primera calidad, también denominada cebada de primera corresponde a la fracción superior a 2.8 mm. Por otro lado, la fracción denominada de segunda corresponde a un tamaño mayor a 2.5 mm, y la fracción de tercera tiene un tamaño entre 2.2 mm y 2.5 mm, presentando un mayor contenido de proteína, un mayor porcentaje de glumelas y un menor contenido de extracto, lo que la hace menos adecuada para la producción de malta de alta calidad. En Uruguay, esta fracción de menor tamaño se destina principalmente a la producción de malta para el consumo interno. Finalmente, los granos de menos de 2.2 mm contienen muy poco almidón y, debido a su bajo valor para la industria cervecera, se comercializan como grano de cebada forrajera. Esta clasificación es esencial para optimizar la calidad del producto final y garantizar la eficiencia en el proceso cervecero (Arias, 1991).

2.5 Calidad de malta

La malta es materia prima que se usa para aportar color y sabor a varios productos alimenticios, pero sobre todo es la fuente de azúcares fermentables en la elaboración de bebidas alcohólicas (principalmente cerveza). La malta es el grano de cebada germinado y secado. El proceso de producción (malteo) incluye 3 fases distintas: el remojo, la germinación y el secado. Para el malteo se usan condiciones controladas, donde variando los tiempos, las temperaturas de las diferentes fases y la cantidad de agua usada, se elabora malta con características adecuadas al perfil de cerveza a producir (Castro, 2022).

Los cambios inician en el embrión del grano de cebada, las enzimas hidrolíticas se activan para descomponer las paredes de las células del endospermo, permitiendo así una mayor degradación del almidón, proteínas y lípidos de las células. Generalmente, una buena calidad maltera implica una conversión alta de almidón en azúcares fermentables, alto valor de extracto fino, un contenido óptimo de proteína y bajo nivel de β -glucanos (Bamforth, 2009).

Los métodos a nivel mundial para evaluar la calidad de malta siguen las normas establecidas por European Brewery Convention (EBC) o American Society of Brewery Chemist (ASBC). La calidad de la malta se determina considerando diversos parámetros específicos, algunos de ellos se determinan en grano de malta (e.g. proteína total), otros en el mosto Congreso generado a partir de la malta (e.g. Extracto fino, viscosidad, velocidad de filtración, pH, color, FAN, nitrógeno soluble), y otros a partir de mosto generado a menor temperatura (e.g. poder diastásico) (M. Kavanová, comunicación personal, s.f.).

Los malteos se pueden realizar a diferentes escalas, desde la escala experimental (gramos), escala piloto (kilos), hasta escala industrial (toneladas). En las fases iniciales de caracterización de genotipos de cebada por su calidad maltera, se trabaja a una escala experimental (micromalteos), que permite caracterizar una mayor cantidad de genotipos para poder compararlos en condiciones comunes. En todos los casos, antes de que un cultivar esté aceptado a nivel comercial como cebada cervecera, es necesario realizar malteos a escala industrial en condiciones de producción real (M. Kavanová, comunicación personal, s.f.).

Los principales parámetros de la calidad de la malta que se estudian son:

Extracto fino (%) es uno de los parámetros más importantes para la industria maltera y cervecera a la hora de seleccionar o comprar malta. La cantidad de extracto que un cultivar de cebada puede producir en la cervecería siempre será de crucial importancia económica, ya que determina la cantidad de cerveza que se puede producir. Este parámetro se mide como el

porcentaje de materia seca de la malta que se disuelve en el mosto Congreso durante el proceso de maceración, la etapa inicial en la producción de cerveza. Su importancia radica en su estrecha relación con el rendimiento, medido en litros de mosto (Arias, 1991). Los valores de extracto más altos que se encontraron en publicaciones fueron con un porcentaje del 83 (Laidig et al., 2017), al igual que en la Evaluación Nacional de Cultivares (ENC) donde el máximo fue 83.7% (INIA & Instituto Nacional de semillas [INASE], 2024).

La relevancia de la concentración de extracto motivó a los investigadores a buscar métodos para predecirlo directamente en grano de cebada antes del proceso de malteado. Ya en 1930 Bishop desarrolló una ecuación para la predicción del extracto basada en la determinación del contenido total de nitrógeno y el peso de 1000 granos, más tarde en 1948 revisó la ecuación resultando en:

$$\text{Extract (ib/quarter)} = A - 11.0N + 0.22G$$

Donde A es una constante varietal que varía entre 101 a 116, N y G representan el contenido de nitrógeno y peso de 1000 granos respectivamente (Bishop, 1948).

En 1952 Harris y Banasik demostraron correlaciones significativas entre nitrógeno total, el extracto, el poder diastásico y la concentración de nitrógeno soluble de la cebada y la malta (Harris & Banasik, 1952). Otras investigaciones demostraron la relación entre los atributos físicos y el extracto del grano y la malta, incluyendo la dureza y la energía de molienda reportado por Allison (1986, como se cita en Li et al., 2008); las propiedades del almidón reportado por Holmes (1995, como se cita en Li et al., 2008); los polisacáridos sin almidón reportado por Henry (1985, como se cita en Li et al., 2008); y el grosor de la cáscara reportado por Roumeliotis et al. (1999, como se cita en Li et al., 2008). En investigaciones más recientes se observaron correlaciones negativas con concentración de proteínas soluble en la malta, y positivas con el índice de Kolbach y la concentración de almidón en grano (Bouhlal et al., 2021).

Poder diastásico

Este parámetro refleja la actividad total de las enzimas que degradan el almidón de la malta para descomponer en azúcares reductores, mediante la acción combinada de las enzimas alfa y beta amilasa, junto con otras enzimas involucradas en el proceso (Arias, 1991). El poder diastásico se determina después de una extracción a 40 C. Se expresa como gramos de maltosa cada 100 gramos de malta (U.W.K, Unidades Windish Kolbach) (Galante Travieso, 2005).

Atenuación límite

La atenuación límite indica que proporción del extracto es fermentable, ya que está relacionado con la cantidad de azúcares que pueden ser transformados por las levaduras. Se expresa como un porcentaje del extracto total. Cuando este valor es inferior al 79%, señala maltas con baja fermentabilidad, lo que se traduce en menor producción de alcohol y mayor presencia de compuestos de alto peso molecular que afectan negativamente la calidad de la cerveza. En cambio, valores por encima del 83% reflejan una fermentabilidad excesiva, lo cual implica una degradación

intensiva de componentes que también puede generar características indeseables en la bebida final (Galante Travieso, 2005).

Proteína en grano y malta

Indica el porcentaje de proteína en malta que suele ser entre 0,1% a 0,5% inferior al porcentaje de proteína en grano que se ubica entre 10-11% con una tolerancia de hasta el 12%. La diferencia con la concentración de la proteína en grano se debe principalmente a la pérdida de raicillas durante el malteado, ya que tienen un elevado contenido de proteína (Arias, 1991). Un alto contenido de proteína en grano conduciría a un menor contenido de almidón, esto debido a la relación almidón/proteína en el endospermo, y una reducción del rendimiento del extracto debido a una hidrólisis incompleta del almidón, acompañada de una alteración en la estabilidad coloidal y en los atributos sensoriales del producto final (Castro, 2022). El contenido de proteína es un rasgo específico de la variedad, lo cual genera diferencias en la aptitud cerveza de los cultivares, al mismo tiempo se ve fuertemente afectada por factores ambientales (Błażewicz et al., 2007).

Nitrógeno soluble

Hace referencia al nitrógeno en el mosto Congreso, se expresa en mg por 100 g de mosto. Debe mantenerse dentro de ciertos límites para que la proporción de compuestos de alto peso molecular no aumente (Arias, 1991). Cuando se relaciona con el nitrógeno total de la malta se obtiene el índice de Kolbach, que refleja el porcentaje de proteína soluble respecto a la proteína total. Este parámetro es fundamental para evaluar el grado de degradación proteica durante el malteo y se describe a continuación. Valores elevados de nitrógeno soluble, superiores a 800 mg/100 g de malta, pueden provocar inestabilidad en la cerveza y disminuir el rendimiento cervecero, mientras que valores bajos, por debajo de 650 mg/100 g, tienden a generar problemas de fermentación y una menor capacidad de formación de espuma (Galante Travieso, 2005).

Índice de Kolbach (IK)

Indica la relación entre el nitrógeno soluble en el mosto y el nitrógeno total de la malta (Arias, 1991). Cuando el IK es demasiado bajo (inferior al 38%), indica que la actividad de las enzimas hidrolíticas es reducida, lo cual lleva a valores bajos de extracto, turbidez y problemas de filtración del mosto. Cuando el IK es muy alto (mayores al 43%), se compromete la proporción normal de los componentes proteicos, lo que resulta en un envejecimiento acelerado de la levadura y problemas con sabor. El índice IK está afectado por las condiciones ambientales durante la producción de grano, y por el efecto genotípico (Molina-Cano et al., 1997).

FAN

Dentro del grupo de sustancias de bajo peso molecular se determinan los compuestos amino-nitrogenados libres (FAN, Free Amino Nitrogen). Esta fracción está directamente relacionada con los requerimientos nutricionales de las levaduras durante la fermentación alcohólica del mosto en el proceso cervecero. Su concentración es expresa en mg de FAN por cada 100 gramos de malta en base seca. Los niveles por debajo de 130 mg/100 g de malta indican una cantidad insuficiente de FAN para un adecuado desarrollo de las levaduras. Por otro lado, valores superiores a 160 mg/ 100 g de malta pueden asociarse con características indeseables durante la elaboración (Galante Travieso, 2005). Cuando el nitrógeno soluble total aumenta, no necesariamente lo hace en la misma proporción el FAN. Es posible que gran parte del incremento provenga de péptidos y proteínas parcialmente degradadas que no son inmediatamente utilizables por las levaduras (Castro, 2022).

Viscosidad

La viscosidad se refiere a la capacidad de fluir del mosto Congreso e influye en la producción y calidad de la cerveza, especialmente en el mosto y la espuma, afectando la filtración del mosto, la estabilidad de la cerveza y la persistencia de la espuma. Un alto contenido de β -glucanos en las paredes celulares de la cebada incrementa la viscosidad del mosto, dificultando estos procesos. Sin embargo, la β -glucanasa, una enzima producida durante el malteo, degrada estos polisacáridos, regulando así la viscosidad y mejorando la eficiencia del proceso cervecero (Arias, 1991).

Tiempo de filtración

Es el tiempo en minutos de filtración de mosto. Está asociado a la degradación o modificación de los β -glucanos, una elevada concentración de estos aumenta el tiempo de filtración (Castro, 2022).

Índice de Calidad de Micromalteo (ICM)

En Uruguay, la calidad maltera determinada a partir de micromalteos se resume en el Índice de Calidad de Micromalteo (ICM). El ICM fue definido por el Grupo Técnico de Trabajo en Evaluación (GTTE) de Cebada Cervecera y la Comisión de Calidad de la Mesa de Cebada. El índice definido en 2012 (ICM 2012) se calcula a partir de los siguientes parámetros analíticos ponderados: extracto fino (en base seca), poder diastásico, β -glucanos, atenuación límite y nitrógeno soluble.

Tabla 1*Parámetros y sus ponderaciones utilizadas para determinar ICM 2012*

Parámetro ICM	Ponderación	Valor 0	Valor 9
Extracto Fino	0.25	80	>83
Poder Diastásico	0.15	230;440	310-340
β -glucanos	0.20	220	<100
Atenuación Límite	0.20	77,9;86,1	82
Nitrógeno Soluble	0.20	650;870	760

Nota. Tabla extraída de INASE (2022).

Los ensayos de micromalteo realizados por el Laboratorio Tecnológico del Uruguay (LATU) siguen las normas establecidas por la European Brewery Convention (EBC), que es una organización que representa los intereses técnicos y científicos del sector cervecero y desempeña un papel importante en los métodos de calidad para los productos cerveceros (INASE, 2022). La EBC proporciona una amplia variedad de métodos analíticos. En este trabajo, se usaron resultados obtenidos usando la metodología definida por el Analytica-EBC, una recopilación de procedimientos de laboratorio fundamentales para la industria cervecera (European Brewery Convention, s.f.).

2.6 Mejoramiento genético de cebada en Uruguay

El objetivo del mejoramiento genético es generar nuevas variedades de cebada adaptadas, con un alto rendimiento, una buena sanidad y altos niveles de calidad maltera. En Uruguay, el mejoramiento genético de cebada comenzó en 1914 con la selección a base de variedades locales heterogéneas. El mejoramiento se interrumpió hasta 1968, cuando la empresa privada FNC (ahora MOSA) estableció un programa de mejoramiento, realizando los primeros cruzamientos en el país. En la década de 1980, las industrias malteras nacionales OMUSA y CYMPAY iniciaron sus programas de mejoramiento que más tarde se han fusionado (MUSA) (Cammarota Ricco, 2021).

Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA) y la Facultad de Agronomía comenzaron a trabajar significativamente en mejoramiento en 1988 y 1991, respectivamente, con el fin de levantar las restricciones para el desarrollo del cultivo. La Mesa Nacional de Entidades de Cebada Cervecera (MNECC) fue creada en 1991 como un acuerdo entre los programas oficiales (INIA, Facultad de Agronomía y LATU, Laboratorio Tecnológico del Uruguay), y las industrias malteras, con el fin de coordinar la investigación en cebada. A través de este acuerdo, el sector privado apoya a las instituciones públicas, lo que resulta en una mayor investigación y coordinación. El INIA y los programas privados desarrollan cultivares comerciales y la Facultad de Agronomía trabaja en el desarrollo de germoplasma. El LATU y la industria realizan pruebas de micromalteo, malteo y elaboración de cerveza (Germán, 2004).

El Programa de Mejoramiento Genético de Cebada (PMGC) de INIA tiene la base en la estación experimental INIA La Estanzuela (Kavanová et al., 2023). Hasta hoy, el PMGC ha liberado 19 cultivares de cebada en Uruguay, de los cuales los cultivares más exitosos fueron Estanzuela Quebracho, INIA Ceibo e INIA Arrayán, que han llegado a ocupar más de 30% del área total de

siembra. Actualmente, hay cuatro variedades de cebada cervecera liberadas por INIA (INIA Arrayán, INIA Osiris, INIA Abydos e INIA Pinta) y dos variedades de cebada forrajera (INIA Ibis e INIA Sila) disponibles en el mercado. En las zafras 2023 y 2024, las variedades de INIA han sido sembradas en aproximadamente 50% del área total de siembra de cebada cervecera a nivel nacional (M. Kavanová, comunicación personal, s.f.).

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Origen de las muestras usadas para los análisis

Para el primer y el segundo objetivo específico se analizaron los datos y muestras de grano procedentes de ensayos Finales y Elite sembrados en 2023 en el Programa de Mejoramiento Genético de Cebada (PMGC) de INIA.

En los ensayos Finales se evaluaron 84 genotipos incluyendo testigos comerciales y líneas avanzadas del PMGC, y en los ensayos Elite se evaluaron 32 genotipos incluyendo testigos comerciales y líneas Elite del PMGC. Los genotipos del ensayo Final fueron evaluados en cinco ambientes distintos: en la Estación Experimental INIA La Estanzuela, en dos fechas de siembra (Final-LE1: 30 de mayo, y Final-LE2: 26 de junio 2023); en campo experimental de La Sociedad Rural de Río Negro en Young, también con dos fechas de siembra (Final-YG1: 2 de junio, y Final-YG2: 4 de julio 2023); y en campo experimental de Asociación Agropecuaria de Dolores (Final-DO1: fecha de siembra el 23 de mayo 2023). Por su parte, los 32 genotipos del ensayo Elite se evaluaron en tres ambientes: en campo experimental de Asociación Agropecuaria de Dolores (Elite-DO: fecha de siembra 23 de mayo 2023), Estación Experimental INIA La Estanzuela (Elite-LE: fecha de siembra 30 de mayo 2023) y en el campo experimental de La Sociedad Rural de Río Negro en Young (Elite-YG: fecha de siembra 2 de junio 2023). Todos los ensayos fueron manejados bajo control de enfermedades foliares.

El diseño experimental de los ensayos Finales y Elite correspondió a un esquema de bloques incompletos aleatorizados (alfa látice) con dos repeticiones. La unidad experimental fue la parcela, y las parcelas se sembraron con sembradora experimental de 6 surcos, con una distancia entre ellos de 0,17 metros y una longitud total de 5 metros, lo que equivale a 5,1 m² por parcela.

Para alcanzar el tercer objetivo, se analizaron los datos y muestras de grano de un total de 156 genotipos seleccionados de las muestras procedentes de los ensayos Preliminares sembrados en 2023 del Programa de Mejoramiento Genético de Cebada de INIA. Los ensayos Preliminar 1 y Preliminar 2, que incluyeron 200 genotipos cada uno, se llevaron a cabo en dos localidades: Estación Experimental INIA La Estanzuela (fecha de siembra 26 de junio 2023) y el campo experimental de La Sociedad Rural de Río Negro en Young (fecha de siembra del 4 de julio 2023). De estos dos ensayos se eligieron muestras de grano de 92 genotipos procedentes de la localidad Young para análisis de morfometría de grano y de calidad maltera. El ensayo Preliminar 3 que incluyó 264 genotipos fue instalado en la Estación Experimental INIA La Estanzuela (fecha de siembra 27 de junio 2023). De este ensayo, se seleccionaron muestras de grano de 64 genotipos para análisis de morfometría de grano y calidad maltera.

Los ensayos Preliminares fueron manejados sin control de enfermedades foliares. El diseño experimental de los ensayos Preliminares 1 y 2 correspondió a un esquema de bloques incompletos aleatorizados (alfa látice) con dos repeticiones. En el caso del ensayo Preliminar 3, el diseño experimental fue parcialmente replicado (p-rep) (Williams et al., 2011). La unidad experimental fue la parcela, y las parcelas se sembraron con sembradora experimental de 6 surcos, con una distancia entre ellos de 0,17 metros y una longitud total de dos metros, lo que equivale a 2.04 m² por parcela.

3.1 Procesamiento post cosecha de las muestras de grano

Después de la cosecha, se determinó el peso del grano cosechado de cada parcela. A partir de este dato, se calculó el rendimiento del grano, expresado en kilogramos por hectárea (kg/ha).

Los granos cosechados de cada parcela fueron procesados en la limpiadora de grano MLN (Pfeuffer, Alemania) para separar la fracción de los granos con tamaño superior a 2,5 mm.

El rendimiento de grano 1+ 2 (rendimiento de grano con tamaño superior a 2,5 mm) fue calculado con el peso de la fracción con tamaño superior a 2,5 mm, y expresado en kg/ha.

La clasificación de grano se calculó como el porcentaje de grano con tamaño superior a 2,5 mm en el peso total de grano cosechado:

$$\text{Clasificación (\% de grano > 2,5 mm)} = (\text{Peso de los granos retendidos en el tamiz}) / (\text{Peso total del lote analizado}) \times 100$$

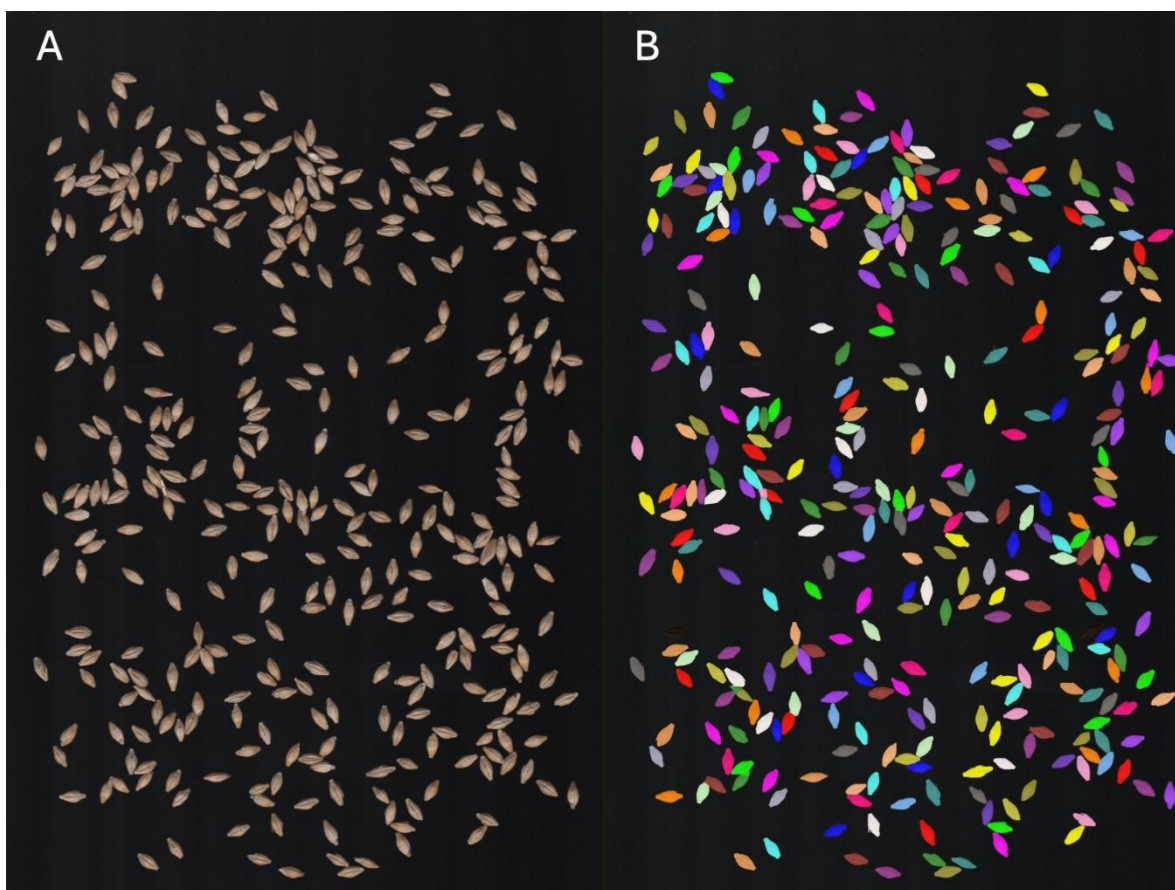
De cada muestra de grano clasificada procedente de una parcela, se tomó una submuestra representativa de aproximadamente 20 gramos para la determinación de parámetros morfométricos y peso de mil semillas (PMS).

3. 2 Morfometría de granos

Para obtener una imagen digital de los granos, se esparcieron aproximadamente 300 granos de cada muestra en un escáner plano de escritorio (modelo CanoScan LiDE 120 F). Para la captura de imagen se usó el programa VueScan (Hamrick Software). La muestra se escaneó con una resolución de 300 ppp, sin recortes, y sin ajuste de color. Las imágenes fueron guardadas como archivos en formato JPEG. Para maximizar el contraste en los bordes de los granos y minimizar sombras y reflexiones, se usó como fondo caja plástica pintada de color negro mate. Los archivos creados de esta manera se analizaron utilizando el programa CSIRO GrainScan (Whan et al., 2014). El software utiliza el reconocimiento de imágenes automatizado para identificar granos individuales, proporcionando la medida para cada grano detectado en la imagen. Se determinaron los siguientes parámetros morfométricos de los granos de cebada de cada imagen: área superficial (mm²), perímetro (mm), largo (mm), ancho (mm) y color (descrito en un espacio CIELAB 3D de color independiente del dispositivo como 3 canales RGB: Ch1, Ch2 y Ch3; (Whan et al., 2014). También se calculó en base a los valores de largo (mm) y ancho (mm) la proporción ancho/largo (A_L) de los granos. Previo al análisis estadístico, para cada imagen se excluyeron datos outlier, definidos como valores mayores o menores que d valor de la media +2 desvío estándar de la media. Para los análisis, se usó el valor promedio de cada parámetro morfométrico determinado en la muestra de grano.

Figura 2

Imagen utilizada para análisis en GrainScan



Nota. A)-Imagen original; B)- Imagen procesada en GrainScan con granos individuales detectados.

Figura 3
Análisis de imagen con la aplicación CountThings



Nota. A)- Imagen original; B)- Imagen procesada en aplicación CountThings con los granos detectados y contados.

3.3 Análisis de peso de mil semillas (PMS)

El número de semillas contenido en cada submuestra de aproximadamente 20 g se estableció mediante análisis de imagen automatizado utilizando la aplicación CountThings (Dynamic Ventures, s.f.). El peso de mil semillas (PMS, g) se calculó multiplicando por mil el peso total en gramos de la submuestra de semillas usada para el análisis determinado con una balanza de precisión Ohaus, dividido por el número de semillas contenidas en la submuestra.

3.4 Análisis de calidad maltera: Micromalteos

Para determinar parámetros de calidad de grano física y la calidad maltera, las muestras de grano fueron analizadas por el Laboratorio de Calidad de Grano de INIA La Estanzuela y por el Laboratorio Tecnológico del Uruguay (LATU). Para estos análisis, se seleccionaron 188 muestras de ensayos Elite y Finales, y 141 muestras procedentes de ensayos Preliminares.

La concentración de proteína en grano fue determinada en una submuestra de grano molido por método de NIR (NIRS Unity Scientific 2500X TRW SpectraStar) y expresada en base seca.

Las muestras de grano fueron micromalteadas en tandas de 24 muestras (23 muestras experimentales+ 1 testigo analítico) o en tandas de 40 muestras (39 muestras experimentales + 1 testigo analítico) en micromaltería Phoenix (Phoenix Biosystems, Adelaide, Australia). En los micromalteos de 24 muestras por tanda, el peso de cada muestra analizada fue de 350 gramos (muestras de grano procedentes de los ensayos Finales y Elite). En los micromalteos de 40 muestras por tanda, el peso de cada muestra analizada fue de 150 gramos (muestras de grano procedentes de los ensayos Preliminares). Todos los micromalteos incluyeron una muestra de grano de testigo analítico, grano del mismo genotipo y origen, para controlar la variabilidad en el proceso de malteado. El proceso de micromalteo consiste en una germinación y secado del grano de cebada con condiciones de humedad y temperaturas definidas, y el programa empleado lleva un total de 7 días (INASE, 2022).

El programa de micromalteo utilizado fue el siguiente:

Tabla 2

Proceso de micromalteado: germinación

Etapa	Horas	Minutos	Rodillos %	Temp °C	Spray %	Flujo aire %
Lavado	...	10	100	...	...	...
Enjuague	...	15	100	...	...	...
Remojo 1	4	0	25	18	...	...
Germinación 1	12	0	20	18	100	10
Remojo 2	4	0	25	18	...	...
Germinación 2	43	0	20	18	100	10
Geminación 3	10	0	25	14	100	10
Germinación 4	43	0	25	15	100	10

Nota. Elaborado a partir de INASE (2022).

Tabla 3*Proceso de micromalteado: secado*

Secado	Horas	Minutos	Rodillos %	Flujo aire %	Temp inc °C	Temp. seteo	Temp. fin °C	D. Inic %	D. final %
Secado 1	14	0	100	90	50	55	50	90	90
Secado 2	1	0	100	90	60	65	60	80	80
Secado 3	1	0	100	90	70	75	70	80	80
Secado 4	8	0	100	90	80	80	80	80	80
Secado 5	1	0	100	90	20	20	20	80	80

Nota. Elaborado a partir de INASE (2022).

Después de finalizar el secado y la separación de las raicillas, se realizaron los siguientes análisis de la malta: Humedad, proteína total, proteína soluble, índice de Kolbach, extracto fino, poder diastásico (sólo en las muestras de ensayos Finales y Elite), viscosidad, atenuación límite, pH de mosto, color, color de cocción (sólo en las muestras de ensayos Finales y Elite), FAN y β -glucanos, y se calculó el ICM 2012 (sólo en las muestras de ensayos Finales y Elite). Los análisis fueron realizados siguiendo las normas Analytica – EBC edición 1997. Para este trabajo, se incluyeron los datos de calidad física (concentración de proteína en grano) y de calidad maltera (extracto fino y ICM 2012).

3.5 Análisis estadístico

Para el análisis estadístico de los datos se usaron modelos lineales mixtos, incorporando el análisis espacial de los ensayos individuales. Los mejores predictores lineales insesgados (BLUP, Best Linear Unbiased Predictors) se generaron usando el paquete SpATS (Rodríguez-Álvarez et al., 2018) implementado en la aplicación Mr.Bean (Aparicio et al., 2024) y paquete lmer implementado en R con el software R Development Core Team. El modelo implementado fue:

$$y = \mu + E + R + B + G + G \times E + f_{u,v}(col, row) + \epsilon$$

donde y es la variable de interés, μ es la media general, E es el efecto del ambiente, R es el efecto del bloque, B es el efecto del bloque incompleto anidado dentro del bloque, G es el efecto del genotipo, $f_{u,v}(col, row)$ modela los efectos espaciales de fila y columna mediante un polinomio bilineal con suavizado por *splines*, y ϵ es el error residual. En la especificación del modelo, el genotipo se consideró como efecto aleatorio, mientras que el ambiente se trató como efecto fijo. Tanto la interacción genotipo $\times$ ambiente, como el bloque y bloque incompleto se modelaron como efectos aleatorios. Para los análisis de los ensayos individuales se estimaron BLUPs excluyendo los efectos del ambiente y de la interacción genotipo $\times$ ambiente. Se realizaron comparaciones múltiples de medias ajustadas mediante la prueba de Tukey HSD para describir diferencias significativas entre ambientes. Para el análisis de correlaciones entre los rasgos se utilizó el paquete SpATS en la aplicación Mr.Bean, en cuanto a las significancias de las correlaciones se indica como ***: $p < 0,0001$; **: $p < 0,001$; *: $p < 0,01$; ns: no significativo.

3.6 Regresiones múltiples para contenido de Extracto fino

Para derivar una ecuación que estime el contenido de extracto fino, se utilizó un modelo de regresión lineal múltiple con selección de variables mediante el método *stepwise* (paso a paso). El modelo inicial incluyó como variables predictoras los siguientes parámetros morfométricos y de calidad del grano: proteína en grano, ancho, largo, canal de color CH1, peso de mil semillas y clasificación. Los datos usados para derivar el modelo fueron los datos de ensayos Finales y Elite.

La selección del modelo se realizó usando el paquete MASS de R, mediante la función *stepAIC()*, que permite la inclusión y exclusión automatizada de variables en base al criterio de información de Akaike (AIC), para obtener buen balance entre el ajuste y complejidad del modelo.

Para asegurar la ausencia de colinealidad entre las variables seleccionadas, se calculó el factor de inflación de la varianza (VIF) utilizando la función *vif()* del paquete *car*. Solo se consideraron para el modelo final aquellas variables con $VIF < 2$, para garantizar independencia entre los predictores.

El modelo final fue elegido en función de su significancia estadística ($p < 0.05$) y su capacidad explicativa (R^2 ajustado). Los coeficientes del modelo derivado de las muestras de ensayos Finales y ensayos Elite se utilizaron para estimar el contenido de extracto fino en muestras de ensayos Preliminares.

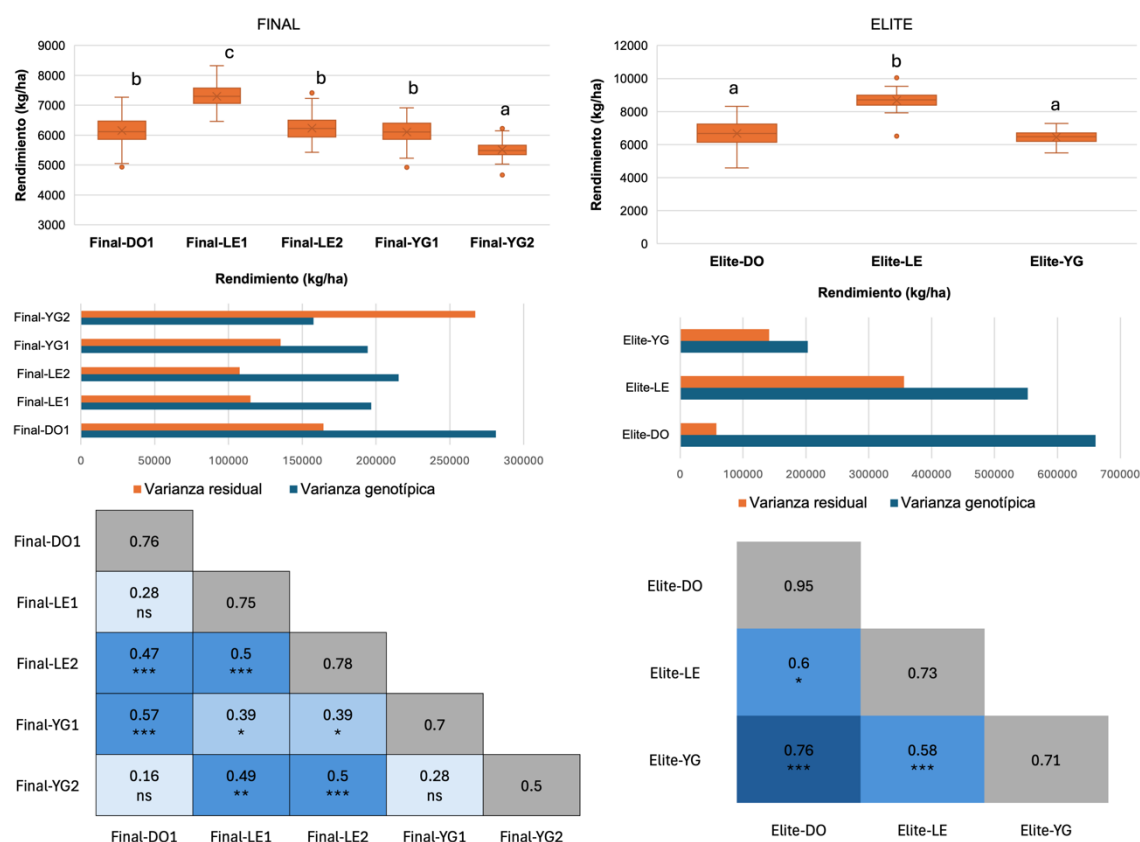
4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1 Datos fenotípicos de rendimiento de grano, clasificación de grano y peso de mil semillas

En este trabajo se analizaron muestras de grano de 116 genotipos que fueron evaluados en ensayos de rendimiento Finales y Elite del Programa de Mejoramiento Genético de Cebada de INIA en 2023. La combinación de tres localidades y dos fechas de siembra generó un rango de condiciones ambientales (cinco para ensayos Finales y tres para ensayos Elite) para poder evaluar el comportamiento de los genotipos tanto en condiciones de alto potencial de rendimiento como en condiciones más restrictivas (Figura 4). En cuanto a las condiciones ambientales, se detectaron heladas meteorológicas en los meses de junio y julio, y durante la primavera las temperaturas fueron frescas lo que fue favorable para un buen llenado de grano. Las precipitaciones en la localidad de La Estanzuela tuvieron un acumulado anual de 821 mm, en Young fue de 1377 mm y en Dolores de 991 mm (INIA & INASE, 2024). En esta sección, se presentan los datos fenotípicos de rendimiento, clasificación de grano, y peso de mil semillas analizados por ensayo, después de la estimación de la media ajustada para cada genotipo (BLUP).

Figura 4

Rendimiento de grano para ensayos Finales y Elite



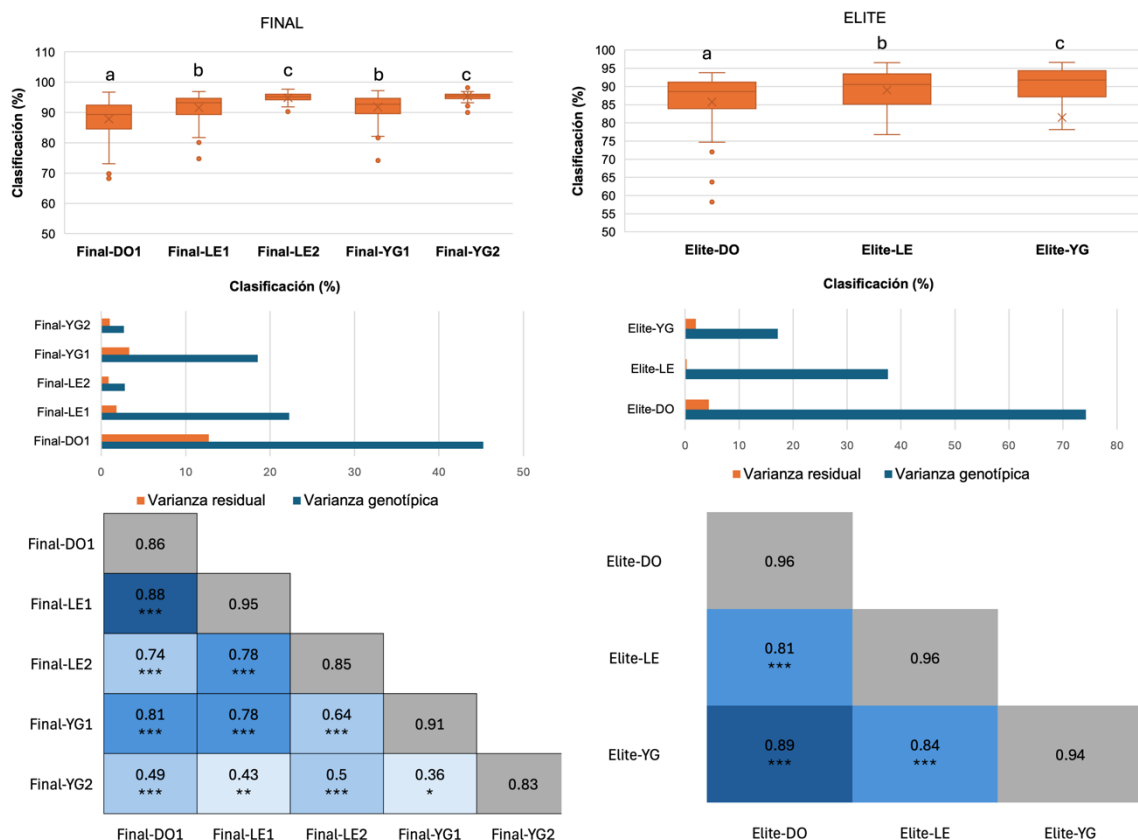
Nota. A la izquierda se presentan las medias ajustadas (BLUP), los rangos, varianzas, coeficientes de correlación Pearson, y en la diagonal la heredabilidad del parámetro rendimiento en los cinco ambientes del ensayo Final, y a la derecha se presentan los ambientes del ensayo Elite.

En los ensayos Finales se analizaron 84 genotipos en 5 ambientes, y se observó el mayor valor de rendimiento promedio en Final-LE1 de 7238 kg/ha, el rango para dicho ensayo se encontró entre mínimo y un máximo de 5455 kg/ha y 8814 kg/ha (Tabla A1 en Anexo). El rendimiento promedio más bajo se observó en Final-YG2 con 5524 kg/ha, y un rango entre 3443 kg/ha a 7443 kg/ha (Tabla A1 en Anexo). En el caso de los tres ensayos Elite, donde se evaluaron 32 genotipos, el máximo rendimiento promedio se vio en Elite-LE, alcanzando un valor de 8.675 kg/ha, con un mínimo y máximo de 4725 kg/ha y 10624 kg/ha respectivamente (Tabla A1 en Anexo). Otros estudios en Uruguay donde se evaluó el rendimiento promedio de grano durante diferentes años y en localidades reportaron una alta variabilidad similar a la que se observó en este estudio con valores mínimos y máximos de 3877 kg/ha y 7658 kg/ha respectivamente (Bhatta et al., 2020). En la Evaluación Nacional de Cultivares (ENC) para el año 2023 se analizó el rendimiento de 49 cultivares en las localidades de La Estanzuela, Young, Dolores, Mercedes y Ombúes de Lavalle, con valores promedio por ensayo de 6947 kg/ha, 6860 kg/ha, 9504 kg/ha, 6047 kg/ha y 6230 kg/ha respectivamente (INIA & INASE, 2024), otro estudio donde también se analizó el rendimiento promedio en 145 líneas para el año 2015 EEMAC, INIA, MOSA y MUSA, los valores fueron de 5410 kg/ha, 9112 kg/ha, 7132 kg/ha y 3839 kg/ha respectivamente (Verocai Britos, 2021).

La variabilidad en rendimiento, tanto en los ensayos Finales como en los Elite, fue explicadas en gran medida por la varianza genotípica, con la excepción del ensayo Final-YG2, donde la variación en el rendimiento se atribuyó principalmente a la varianza residual.

La heredabilidad en sentido amplio es explicada por el comportamiento de las varianzas residuales y genotípicas, observándose heredabilidades en un rango esperable, la más baja se vio en el ensayo de Final-YG2 con un valor de 0.50 (Figura 4). En otras publicaciones los valores de heredabilidad observados fueron más bajos con valores de 0.20 y 0.29 (Bhatta et al., 2020), lo cual se debe a que el rendimiento es una variable compleja influenciada por múltiples factores con alta heterogeneidad espacial, por lo que se debe manejar dentro de una red de ensayos eligiendo suficiente número de repeticiones para los factores implícitos, con localidades y fechas de siembra diferentes (Ceretta & van Eeuwijk, 2008). Para un uso eficiente de recursos, es importante usar un número apropiado de repeticiones y evitar repeticiones de entornos de prueba con respuestas ambientales similares para evitar la redundancia (Brandie & Arthur, 1992). En cuanto a las correlaciones entre ensayos, se encontraron valores no significativos en los casos de Final-LE1 con Final-DO1, y Final-YG1 con Final-YG2. Para el resto de los ensayos Finales, las correlaciones fueron positivas y significativas. En los ensayos Elite, todas las correlaciones fueron positivas estadísticamente significativas.

Figura 5
Clasificación de grano para ensayos Finales y Elite

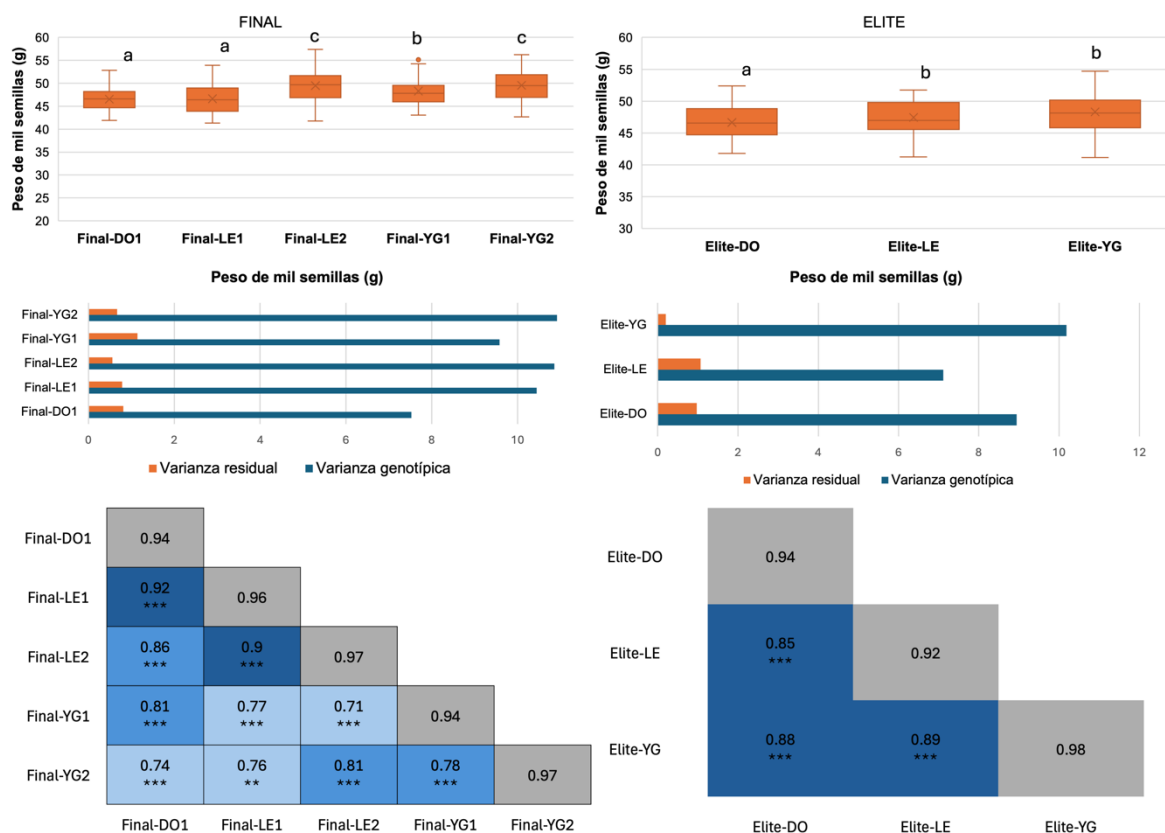


Nota. A la izquierda se presentan las medias ajustadas (BLUP), los rangos, varianzas, coeficientes de correlación Pearson, y en la diagonal la heredabilidad del parámetro clasificación en los cinco ambientes del ensayo Final, y a la derecha se presentan los ambientes del ensayo Elite.

Se analizó la clasificación de grano, un parámetro requerido por las malterías con valores mayores al 85%, en este estudio el valor promedio más alto en los ensayos finales se observó en el Final-YG2 (95%), con un rango que fue desde 86% a 100% (ver Tabla A1 en Anexo), otros estudios también reportaron valores altos de clasificación entre 84% y 96% como valores mínimos y máximos, respectivamente (Bhatta et al., 2020), y en la (ENC) los valores medios de clasificación para las localidades de La Estanzuela, Young, Dolores, Mercedes y Ombúes de Lavalle fueron de 67%, 89%, 88%, 90% y 97% respectivamente (INIA & INASE, 2024). El análisis de la distribución de datos para el mismo ensayo reveló una baja dispersión en los valores, lo que indica una alta consistencia en la clasificación (Figura 5). Un comportamiento similar se observó en el ensayo Final-LE 2 con un valor promedio de clasificación de grano de 95%. Por otro lado, en los ensayos Elite, se evidenció una mayor dispersión en los valores. No obstante, las medias fueron igualmente elevadas, con el promedio de ensayo más alto en Elite-YG con un 91% (Tabla A1 en Anexo). En todos los ensayos, tanto Finales como Elite, la variabilidad en la clasificación se explicó principalmente por la varianza genotípica. En cuanto a la heredabilidad en sentido amplio, los valores fueron altos en todos los

ensayos. Finalmente, los coeficientes de correlación entre ambientes fueron positivos y altos tanto para ensayos Elite y Finales lo que sugiere una tendencia consistente entre los resultados obtenidos.

Figura 6
Peso de mil semillas en ensayos Finales y Elite



Nota. A la izquierda se presentan las medias ajustadas (BLUP), los rangos, varianzas, coeficientes de correlación Pearson, y en la diagonal la heredabilidad del parámetro peso de mil semillas en los cinco ambientes del ensayo Final, y a la derecha se presentan los ambientes del ensayo Elite.

La figura 6 muestra el comportamiento de la variable peso de mil semillas en los ensayos Finales y Elite. Los valores promedio obtenidos en cada ensayo fueron bastante similares entre sí. Sin embargo, los ensayos Final-LE2 y Final-YG 2 registraron los valores promedio más altos, con un peso de mil semillas de 49.6 g, con un rango de 41.5 g a 57.3 g. El valor promedio más bajo fue observado en Final-DO1 con un valor de 46.5 g. Para el caso de los ensayos Elites, el ensayo Elite-YG tuvo el valor promedio más alto con un peso de mil semillas de 48.2 g, y un rango de 40.9 g a 55.2 g (Tabla A1 en Anexo). Publicaciones anteriores reportaron valores similares de peso de mil semillas oscilando entre 40.3 g y 50.5 g (Bhatta et al., 2020), otros entre 40.6 g a 55.3 g (Bouhlal et al., 2021).

Para el peso de mil semillas, la fuente de variabilidad dentro de cada ensayo se atribuyó principalmente a la varianza genotípica a diferencia de lo reportado en otros estudios donde la variabilidad fue mayor debido a la interacción genotipo x ambiente (Bhatta et al., 2020). Las

heredabilidades observadas en los diferentes ensayos fueron elevadas y muy similares tanto en los ensayos Finales como en los Elite, con valores entre 0.94 y 0.97 para ensayos Finales, y entre 0.92 y 0.98 en Elite (Figura 6), la heredabilidad reportada en otros estudios para esta variable fue entre 0.42 y 0.80 (Bhatta et al., 2020).

En cuanto a las correlaciones entre los ensayos para el peso de mil semillas, se obtuvieron valores muy altos positivos y significativos en todos los casos mayores a 0.70, en publicaciones donde se estudió la correlación entre ambientes para características agronómicas entre ellos el peso de mil semillas también reportó una alta correlación entre ambientes (Bhatta et al., 2020).

4.2 Análisis del efecto genotipo, ambiente y genotipo x ambiente para rendimiento, clasificación y peso mil semillas

Con el conjunto de los datos multiambientales, se analizó el efecto del genotipo, del ambiente y la interacción genotipo ambiente para los distintos parámetros. Los valores de varianza para rendimiento y rendimiento 1+2, tanto para ensayos Finales como Elite, evidenciaron que la mayor fuente de variabilidad en estas variables fue el efecto de ambiente (Tabla 4). Esto indica que las diferencias ambientales influyeron significativamente en el rendimiento y rendimiento 1+2, debido a variaciones en condiciones ambientales entre las diferentes localidades y fechas de siembra, estas estimaciones eran esperables ya que están gobernadas por muchos genes y son genéticamente más complejas por naturaleza (Bhatta et al., 2020). La recomendación de genotipos con alto rendimiento implica cierto desafío, debido a la complejidad inherente al rendimiento del grano y las interacciones entre los factores genotípicos, ambientales y edáficos. Uno de los principales obstáculos para maximizar el potencial genético en los programas de mejoramiento es precisamente la interacción del ambiente, que puede limitar la expresión estable del rendimiento en diferentes condiciones (Thuraga et al., 2023). Estudios enfocados en la identificación de genotipos de cebada estables de alto rendimiento, se vio mediante el análisis combinado de la varianza que el efecto ambiental representó más del 69% de toda la variación (Vaezi et al., 2019). Por lo tanto, el rendimiento es muy variable y debe ser probado en varios ambientes. Asimismo, se observó que el efecto genotipo fue significativo para rendimiento y rendimiento 1+2, lo que indica que hubo diferencias entre genotipos para estas dos variables. Por último, la interacción entre el genotipo y el ambiente también mostró un impacto considerable en la variación observada en rendimiento y rendimiento 1+2, lo que indica que los genotipos no respondieron de manera uniforme en los distintos ambientes evaluados, y que hay una gran influencia de los efectos de la interacción sobre los rasgos agronómicos (Bhatta et al., 2020).

Para la clasificación de grano en los ensayos Finales, la mayor parte de la variabilidad fue explicada por el efecto del genotipo seguido por el ambiente y, en menor medida, por la interacción genotipo x ambiente (Tabla 4). Sin embargo, en el caso de ensayos Elite, la mayor parte de la variabilidad estuvo determinada por el genotipo, seguido de la interacción genotipo x ambiente, y por último por el efecto ambiente (Tabla 4). El valor de heredabilidad fue mayor en ensayos Elite que Finales, en otros estudios el valor de heredabilidad reportado para esta variable fue de 0.38 (Bouhlal et al., 2021). Si bien algunos estudios reportaron clasificación como una variable estable

entre ambientes (Bertholdsson, 2004), en la mayor parte de los estudios se ha reportado una alta influencia del ambiente, con valores de heredabilidad entre bajos a moderados (0.25-0.53) (Bhatta et al., 2020).

Tabla 4

Varianza y heredabilidad para rendimiento, rendimiento 1+2 y clasificación para ensayos Finales y Elite

FINAL					
Variable	Genotipo	Ambiente	Genotipo x Ambiente	Residual	H ²
Rendimiento	135907 ***	393990 ***	81003 ***	179843	0.34
Rendimiento 1+2	157618 ***	290718 ***	113120 ***	175749	0.35
Clasificación	11.9 ***	9.8 ***	7.0 ***	5.8	0.48

ELITE					
Variable	Genotipo	Ambiente	Genotipo x Ambiente	Residual	H ²
Rendimiento	343911 ***	1510891 ***	136574 ***	189970	0.51
Rendimiento 1+2	615892 ***	1241377 ***	156853 ***	184570	0.64
Clasificación	31.87 ***	7.63 ***	8.14 ***	7.21	0.68

Nota. Los asteriscos indican resultados de razón de verisimilitud (*** $P \leq 0,001$; ** $P \leq 0,01$; * $P \leq 0,05$; NS $P > 0,05$).

Para el caso de la variable peso de mil semillas también se estudió el efecto ambiental, genotípico y la interacción genotipo x ambiente. Se observó que, en los ensayos Finales, la mayor parte de la variabilidad fue explicada por el genotipo, seguido por el ambiente y luego por la interacción genotipo x ambiente (Tabla 5). De manera similar, en los ensayos Elite la mayor parte de la variabilidad fue explicada por el genotipo, seguido de la interacción genotipo x ambiente y por último el ambiente (Tabla 5). Otros estudios mostraron que el efecto ambiente fue el que explicó en mayor medida la variabilidad en el peso de mil semillas entre los ensayos, en cuanto a la heredabilidad en los ensayos Finales fue de 0.77 y 0.84 en los ensayos Elite (Tabla 5), mientras que en otros estudios se reportaron valores de 0.98 (Wang et al., 2019), y 0.73 (Bouhlal et al., 2021).

Tabla 5*Varianza y heredabilidad para peso de mil semillas en ensayos Finales y Elite*

FINAL					
Variable	Genotipo	Ambiente	Genotipo x Ambiente	Residual	H ²
Peso de mil semillas	8.27 ***	2.22 ***	1.54 ***	0.87	0.77

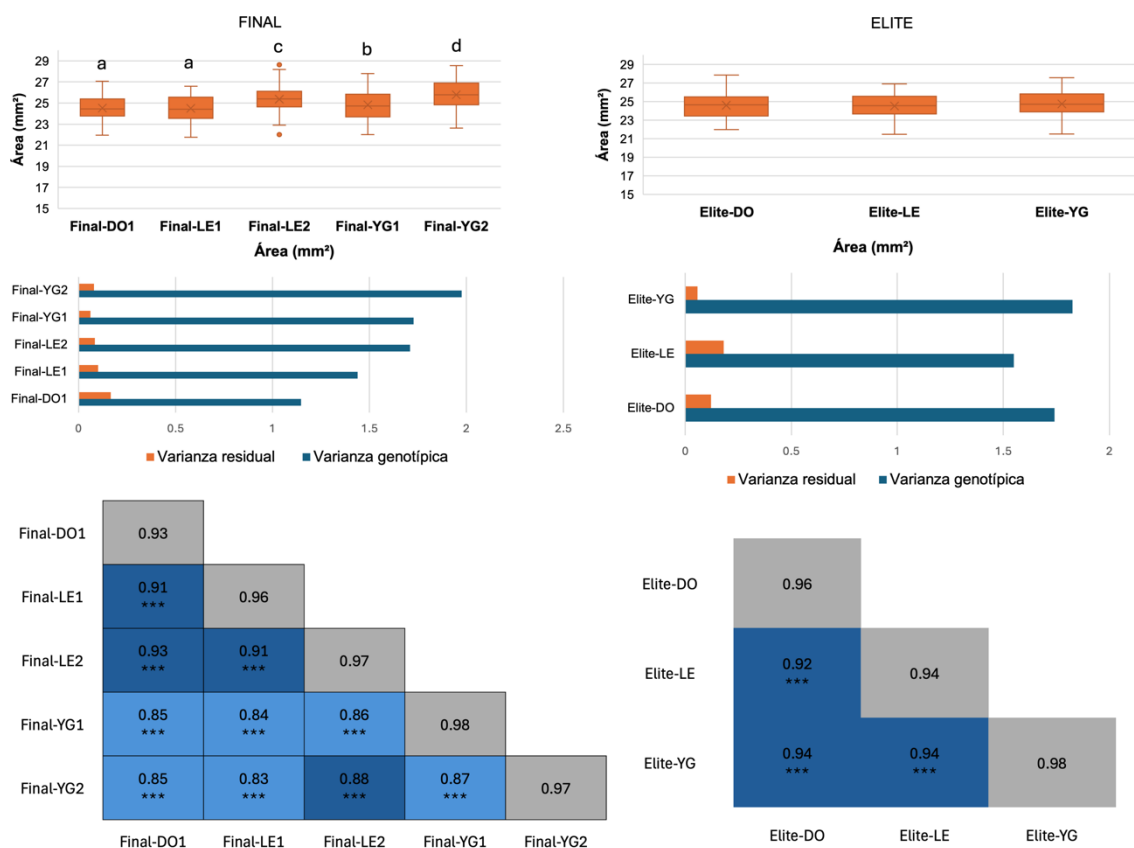
ELITE					
Variable	Genotipo	Ambiente	Genotipo x Ambiente	Residual	H ²
Peso de mil semillas	7.95 ***	0.56 ***	0.79 ***	0.77	0.84

Nota. Los asteriscos indican resultados de razón de verisimilitud (*** $P \leq 0,001$; ** $P \leq 0,01$; * $P \leq 0,05$; NS $P > 0,05$).

4.3 Datos fenotípicos de variables morfométricas

Para todas las parcelas de ensayos Finales y Elite donde se colectaron datos de rendimiento, clasificación de grano y peso de mil semillas, se determinaron también parámetros morfométricos, incluyendo el ancho, el largo, el área, el perímetro, la proporción ancho/largo, y el color RGB (Ch1, Ch2 y Ch3). En esta sección, se presentan los datos fenotípicos analizados por ensayo, después de haber realizado la estimación de la media ajustada para cada genotipo (BLUP).

Figura 7
Área de grano en ensayos Finales y Elite



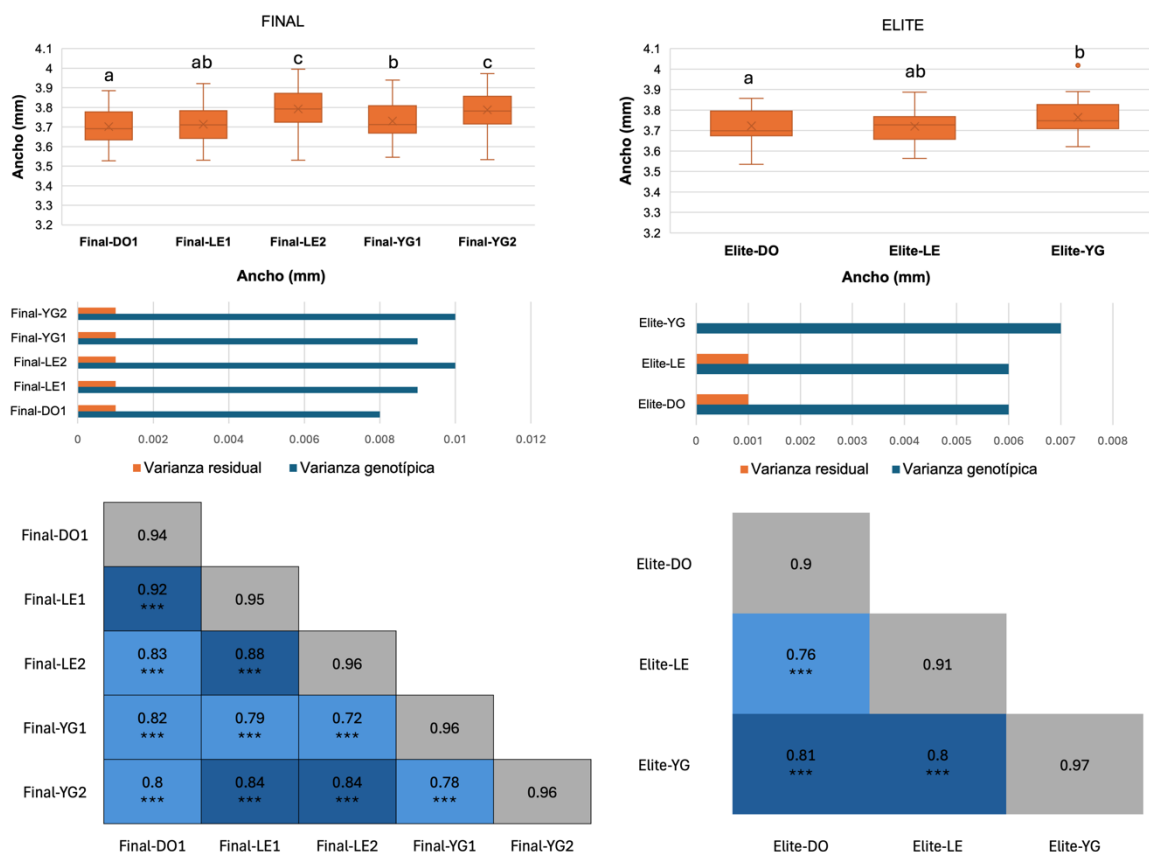
Nota. A la izquierda se presentan las medias ajustadas (BLUP), los rangos, varianzas, coeficientes de correlación Pearson, y en la diagonal la heredabilidad del parámetro área de grano en los cinco ambientes del ensayo Final, y a la derecha se presentan los ambientes del ensayo Elite.

Los valores de área de grano obtenidos en los ensayos tanto Finales como Elite mostraron una alta similitud entre ambientes (Figura 7). El valor promedio más alto fue observado en Final-YG2 de 25.9 mm², con un rango entre valores mínimos y máximos de 21.6 mm² y 29.3 mm² (Tabla A1 en Anexo) para el caso de los ensayos Finales. Para los ensayos Elite, no se observaron diferencias entre los tres ambientes, y el valor promedio fue de 24.6 mm², con un rango entre valores mínimos de 20.9 mm² y valores máximos de 28.0 mm² (Tabla A1 en Anexo). Los valores en el área de grano en otros estudios se encontraron entre 18 mm² a 23 mm² (Bouhlal et al., 2021), o con promedios de 24.8 mm² y 16.2 mm² (Wang et al., 2019). No obstante, los ensayos Finales presentaron una mayor dispersión en comparación con los de Elite (Figura 7).

La variabilidad del área de grano estuvo determinada mayormente por la varianza genotípica en todos los ensayos, tanto Finales como Elite. Las heredabilidades fueron altas en todos los ensayos, con valores mayores a 0.93, en otros estudios la heredabilidad presentó un valor menor de 0.68

(Bouhlal et al., 2021). Las correlaciones entre los ensayos resultaron altas, positivas y significativas, con valores mayores a 0.83 en ensayos Finales, y 0.92 para Elite (Figura 7).

Figura 8
Ancho de grano en ensayos Finales y Elite



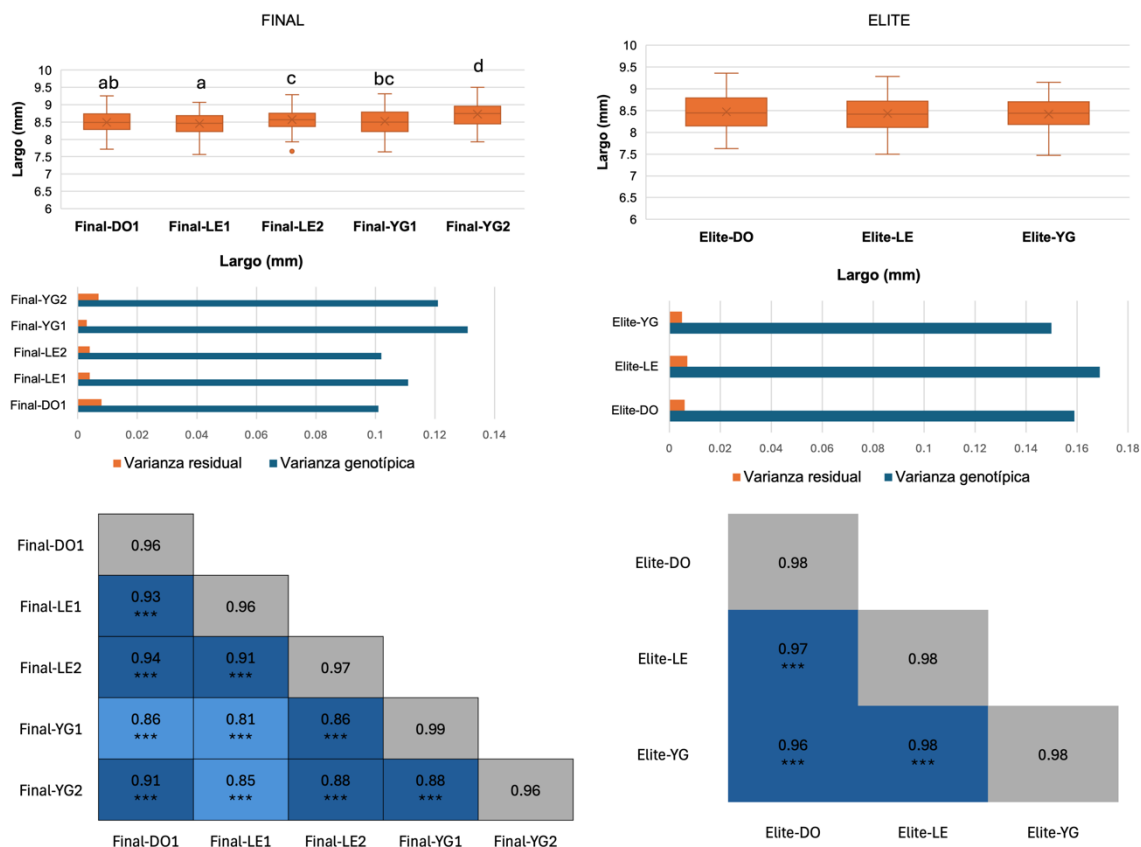
Nota. A la izquierda se presentan las medias ajustadas (BLUP), los rangos, varianzas, coeficientes de correlación Pearson, y en la diagonal la heredabilidad del parámetro ancho de grano en los cinco ambientes del ensayo Final, y a la derecha se presentan los ambientes del ensayo Elite.

Los valores del ancho de grano en cada uno de los ensayos fueron similares en los Finales y Elite, con un rango observado para ensayos Finales entre 3.46 mm y 4.06 mm (Tabla A1 en Anexo), con el promedio máximo observado en Final-LE2 y Final-YG2 con un valor promedio de 3.80 mm (Figura 8). En los ensayos Elite el rango de los valores observados fue entre 3.51 mm y 4.04 mm (Tabla A1 en Anexo), con el máximo valor promedio observado en Elite-YG de 3.60 mm. En otros reportes en que se estudió el ancho de grano de cebada, los valores se ubicaron entre 3.30 mm y 3.74 mm (Bouhlal et al., 2021) o con promedios de 3.89 mm y 3.35 mm (Wang et al., 2019).

Se observó que la variabilidad en la variable ancho de grano fue explicada en mayor parte por la varianza genotípica tanto en ensayos Finales y como Elite (Figura 8).

Las heredabilidades para ancho de grano fueron elevadas, lo que confirma la alta contribución de la varianza genotípica, con valores por encima de 0.94 en ensayos Finales, y 0.90 en Elite (Figura 8), esto mismo se vio en otros reportes donde reportó la heredabilidad de 0.82 (Bouhlal et al., 2021). Además, las correlaciones entre ensayos fueron elevadas para todos los casos, positivas y significativas, tanto en los Finales como en los Elite.

Figura 9
Largo de grano en ensayos Finales y Elite



Nota. A la izquierda se presentan las medias ajustadas (BLUP), los rangos, varianzas, coeficientes de correlación Pearson, y en la diagonal la heredabilidad del parámetro largo de grano en los cinco ambientes del ensayo Final, y a la derecha se presentan los ambientes del ensayo Elite.

Los valores promedio de largo de grano fueron similares entre ambientes. Para los ensayos Finales el promedio más alto fue observado en Final-YG2 con un valor promedio de 8.74 mm (Figura 9), y un rango entre un mínimo y máximo de 7.49 mm y 9.58 mm, respectivamente (Tabla A1 en Anexo). En ensayos Elite no se detectaron diferencias significativas entre ambientes. El valor promedio de ensayos Elite fue de 8.44 mm y rango que se ubicó entre 7.40 mm y 9.41 mm (Tabla A1 en Anexo). Otras publicaciones reportaron valores entre 6.94 mm a 8.23 mm (Bouhlal et al., 2021), o con promedios de 8.89 mm y 6.48 mm (Wang et al., 2019). En cuanto a la variabilidad observada, se debió en mayor parte a la varianza genotípica tanto en ensayos Finales como Elite, esto se vio

reflejado en las heredabilidades para longitud de grano donde todos los ensayos obtuvieron valores altos por encima de 0.96 y 0.98 en ensayos Finales y Elite, respectivamente. Otros estudios reportaron valores menores de 0.59 (Bouhlal et al., 2021) y mayores a 0.98 (Wang et al., 2019) lo que confirma que los efectos genéticos son el principal determinante en la varianza fenotípica para la longitud del grano. En cuanto a las correlaciones entre los ensayos, se observaron valores altos positivos y altamente significativas, para ambos ensayos (Figura 9).

4.4 Análisis del efecto genotipo, ambiente y genotipo x ambiente de variables morfométricas

Con el conjunto de los datos multiambientales, se analizó el efecto del genotipo, del ambiente y la interacción genotipo x ambiente para los distintos parámetros morfométricos para los ensayos Finales y Elite.

En los ensayos Finales, las variables ancho, largo, relación ancho/largo (A_L), perímetro y área de grano, la variabilidad en datos observados fue explicada en mayor medida por el genotipo. El efecto de ambiente fue significativo solamente para la proporción ancho/largo (A_L), y la interacción genotipo x ambiente para todos estos parámetros, con excepción de perímetro. En todos los casos, la varianza asociada al genotipo fue mayor que la asociada al ambiente o a la interacción genotipo x ambiente (Tabla 6). A diferencia de lo observado en el presente estudio, otras investigaciones que también analizaron el comportamiento de parámetros morfométricos reportaron que la variación en los datos se debió en mayor medida a factores ambientales. Esta tendencia fue particularmente evidente para variables como el ancho del grano, la relación ancho/largo, el área y el perímetro del grano (Wang et al., 2019), en cambio, la variable largo de grano presentó un efecto genético mayor que el ambiental.

Para el caso de los parámetros de color RGB Ch1, Ch2 y Ch3, la variabilidad fue explicada en mayor medida por el efecto del ambiente, luego por el genotipo seguido de la interacción genotipo x ambiente (Tabla 6).

Los parámetros morfométricos ancho y largo de grano en los ensayos Elite demostraron tener una varianza en los datos asociada al genotipo, ya que para el caso del ambiente los datos arrojaron no ser significativos, explicando que hay mayor probabilidad de que el ambiente no tenga efecto sobre dichas variables. Para el caso de la relación ancho/largo la variabilidad fue explicada por el genotipo con mayor efecto, seguido del ambiente y luego la interacción (Tabla 6). Otros reportes estudiaron la estabilidad homeostática que describe la variación entre entornos y un rasgo deseable muestra una baja varianza y se vio que el la longitud y perímetro del grano se encontraron entre los rasgos de alta estabilidad homeostática, mientras que el ancho y área se encontraron entre los de estabilidad dinámica indicando mayor variación ambiental dinámica (Bertholdsson, 2004).

Para la variable perímetro, el genotipo fue el factor que presentó el mayor impacto en la variabilidad observada, mientras que el ambiente no mostró un efecto significativo sobre dicha variable. De manera similar, en el caso del área de grano, el ambiente tampoco tuvo un impacto

relevante; sin embargo, a diferencia del perímetro, la interacción entre el genotipo y el ambiente si resultó ser significativa (Tabla 6).

Los resultados de la variable Ch1 indicaron que el genotipo, el ambiente y su interacción influyeron en la variabilidad observada, siendo el ambiente el factor de mayor impacto. En el caso de Ch2 y Ch3, se determinó que el genotipo fue el principal factor que afectó la varianza de los datos, seguido por la interacción genotipo x ambiente, mientras que el ambiente no mostró un efecto significativo sobre estas variables (Tabla 6).

Tabla 6*Varianza y heredabilidad para variables morfométricas de grano para ensayos Finales y Elite*

FINAL					
Variable	Genotipo	Ambiente	Genotipo x Ambiente	Residual	H ²
Ancho	0.0079 ***	0.0020 ***	0.0012 ***	0.0008	0.79
Largo	0.1025 ***	0.0119 ***	0.0100 ***	0.0080	0.85
A_L	0.000309 ***	0.000013 ***	0.000041 ***	0.000035	0.80
Perímetro	0.73 ***	0.15 ***	0.06 ***	0.05	0.86
Área	1.46 ***	0.34 ***	0.16 ***	0.12	0.84
Ch1	3.4 ***	7.3 ***	2.2 ***	1.1	0.51
Ch2	4.8 ***	9.3 ***	3.1 ***	1.1	0.53
Ch3	5.7 ***	13.2 ***	4.4 ***	1.3	0.50

ELITE					
Variable	Genotipo	Ambiente	Genotipo x Ambiente	Residual	H ²
Ancho	0.0057 ***	0.0003 NS	0.0010 ***	0.0008	0.76
Largo	0.1588 ***	0.0004 NS	0.0020 *	0.0052	0.96
A_L	0.0005 ***	0.000013 ***	0.00001 **	0.0000	0.91
Perímetro	1.02 ***	0 NS	0.01 NS	0.05	0.95
Área	1.70 ***	0 NS	0.06 **	0.09	0.92
Ch1	2.39 ***	244.63 ***	1.27 ***	0.76	0.54
Ch2	2.65 ***	0.37 NS	0.89 ***	0.74	0.62
Ch3	3.55 ***	0.12 NS	1.22 ***	0.95	0.62

Nota. Los asteriscos indican resultados de razón de verisimilitud (*** $P \leq 0,001$; ** $P \leq 0,01$; * $P \leq 0,05$; NS $P > 0,05$).

Para los parámetros morfométricos se vio que la variabilidad fue explicada en mayor medida por el genotipo, esto también se vio reflejado en una heredabilidad alta. El ancho, el largo, el área y el perímetro fueron los que presentaron mayor heredabilidad (Tabla 6). Esto coincide con distintos estudios donde las heredabilidades para el largo, ancho, relación ancho/largo, área y perímetro de

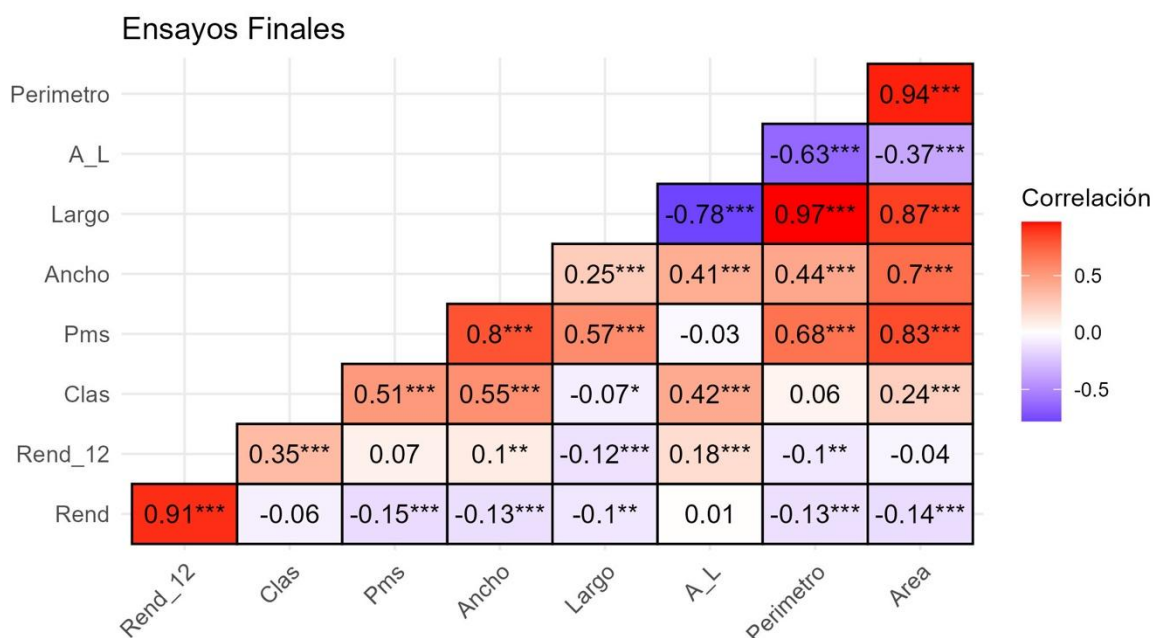
grano se ubicaron en valores de 0.99, 0.97, 0.97, 0.98 y 0.99, respectivamente, confirmando que los efectos genéticos son el principal determinante de la variabilidad fenotípica observada (Wang et al., 2019). Otros reportes donde también se estudiaron características físicas del grano de cebada se encontraron heredabilidades altas, para área de grano de 0.68, ancho del grano 0.82, perímetro del grano 0.62 y longitud del grano 0.59 (Bouhlal et al., 2021). Estos resultados permiten concluir que la variabilidad observada en dichos parámetros es atribuible en mayor medida al efecto genotípico, lo que indica que, para obtener una caracterización de parámetros morfométricos de un genotipo, la evaluación puede realizarse en un número reducido de ambientes sin comprometer la confiabilidad de la caracterización. Además, se trata de variables no destructivas y de bajo costo, lo que las convierte en herramientas eficientes para caracterización morfológica de genotipos.

4.5 Correlaciones entre las variables de rendimiento y tamaño de grano

Para explorar las correlaciones entre las variables, se usaron medias ajustadas (BLUP) obtenidas de todas las muestras de los ensayos Finales y Elite.

Figura 10

Correlaciones entre las variables de rendimiento y parámetros morfométricos en Ensayos Finales



Nota. Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables (correlaciones positivas representadas por el color rojo y correlaciones negativas con color azul). Los asteriscos indican resultados de razón de verisimilitud (***) $P \leq 0,001$; ** $P \leq 0,01$; * $P \leq 0,05$; NS $P > 0,05$).

En el análisis de la correlación entre los parámetros morfométricos y variables de rendimiento se observó una correlación positiva significativa ($r=0.91$) entre el rendimiento y el rendimiento 1+2 (Figura 10). En cuanto a la clasificación de grano, se identificó una correlación

positiva significativa ($r=0.35$) con el rendimiento 1+2, lo cual puede atribuirse con la presencia de granos de mayor tamaño, esto coincide con otras publicaciones (Bhatta et al., 2020).

Aunque el peso de mil semillas es un componente numérico de rendimiento de grano, la correlación entre ambas variables resultó ser débil y negativa ($r=-0.15$).

Por otro lado, se detectó una correlación positiva entre la clasificación de grano y el peso de mil semillas ($r=0.51$). Sin embargo, el largo del grano mostró una correlación negativa débil ($r=-0.07$) con la clasificación, lo que sugiere que un aumento en la longitud puede estar negativamente asociado a la clasificación.

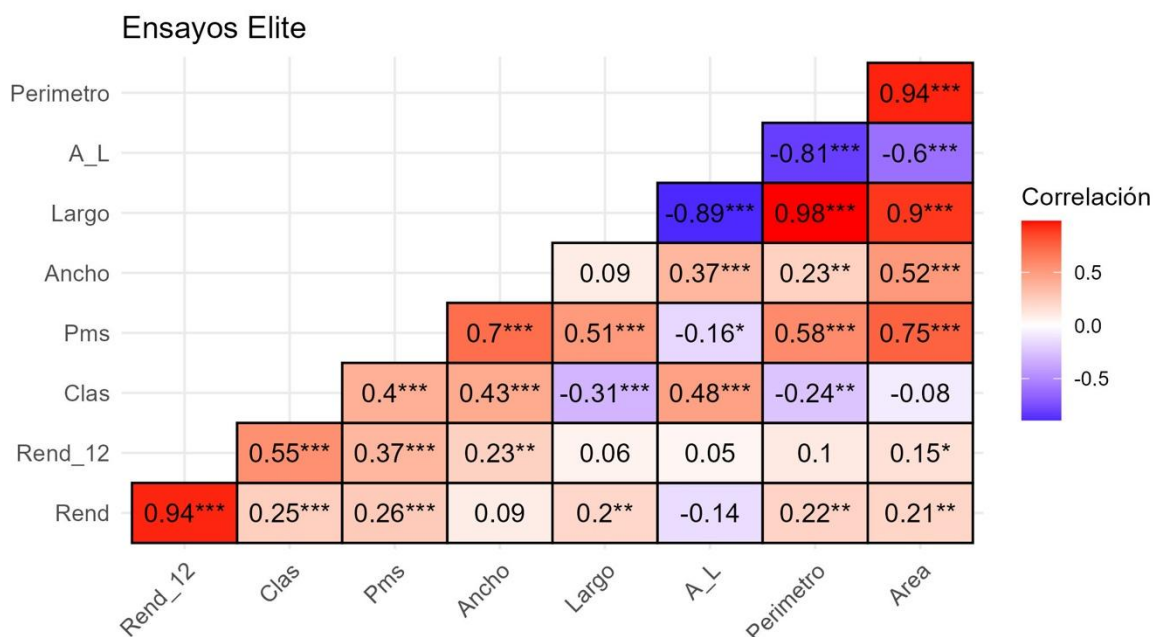
En contraste, el ancho del grano presentó una alta correlación positiva fuerte ($r=0.80$) con el peso de mil semillas, al igual que en otros estudios con valores reportados de $r=0.96$ (Wang et al., 2019), $r=0.78$ (Bouhlal et al., 2021), $r=0.79$ (Sharma et al., 2018) y $r=0.88$ (Xu et al., 2018). De manera similar, se observó una alta correlación positiva ($r=0.55$) del ancho de grano con la clasificación de grano (Figura 10), lo que indica que un mayor ancho de grano podría estar asociado con valores más altos de peso de mil semillas y clasificación. Además, se comprobó que la correlación entre el largo y el ancho del grano es relativamente débil ($r=0.25$), en otros reportes la correlación entre dichas variables no fue significativa en los ensayos evaluados (Hong et al., 2024), o con valores negativos (-0.05) (Bouhlal et al., 2021), lo que sugiere que son variables independientes entre sí.

Se observó una alta correlación entre las variables área de grano y perímetro de grano ($r=0.94$), consistente con otras publicaciones donde la correlación también fue positiva significativa con valores de $r=0.73$ (Bouhlal et al., 2021), $r=0.94$ (Wang et al., 2019). El área de grano y perímetro de grano fueron fuertemente correlacionadas con la variable largo de grano (Figura 10), estos resultados coinciden con lo reportado en otros estudios, donde se observaron correlaciones de 0.94 entre el perímetro y la longitud, y de 0.77 entre el área y la longitud de grano (Bouhlal et al., 2021). De forma similar, en otro reporte informaron valores de 0.99 para la correlación entre perímetro y longitud, y de 0.89 entre área y longitud (Wang et al., 2019). Esto sugiere que las tres variables están estrechamente relacionadas entre sí, lo que indicaría que modificar una afectaría a las demás.

Por otro lado, el ancho mostró una correlación más fuerte con el área ($r=0.70$) que con el perímetro ($r=0.40$).

Figura 11

Correlaciones entre las variables de rendimiento y parámetros morfométricos en ensayos Elite



Nota. Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables (correlaciones positivas representadas por el color rojo y correlaciones negativas con color azul). Los asteriscos indican resultados de razón de verisimilitud (*** $P \leq 0,001$; ** $P \leq 0,01$; * $P \leq 0,05$; NS $P > 0,05$).

De forma similar a lo observado en los ensayos Finales, se encontró una correlación positiva ($r=0.94$) entre el rendimiento y el rendimiento 1+2. En lo que respecta a la clasificación de grano, se identificó una correlación significativa con el rendimiento 1+2, posiblemente atribuible a su vínculo con una mayor proporción de granos de mayor tamaño.

Si bien el peso de mil semillas constituye un componente del rendimiento, la correlación fue significativa pero débil ($r=0.26$), en otros estudios no hubo correlación entre dichas variables (Bhatta et al., 2020) o si bien el rendimiento en grano estaba relacionado estadísticamente con el peso de mil semillas, la relevancia de esta relación no era tan fuerte, ya que en un meta-análisis de componentes de rendimiento, el peso del grano sólo explicó un 13% en la variación del rendimiento (Serrago et al., 2025). En cambio, se detectó una correlación positiva entre la clasificación y el peso de mil semillas ($r=0.40$). De manera similar como se observó en los ensayos Finales, el largo del grano si bien estuvo positivamente correlacionado con el peso de mil semillas ($r=0.51$), también presentó una correlación negativa con la clasificación de grano ($r=-0.31$), lo cual sugiere que un aumento en el largo podría incidir negativamente en dicha variable.

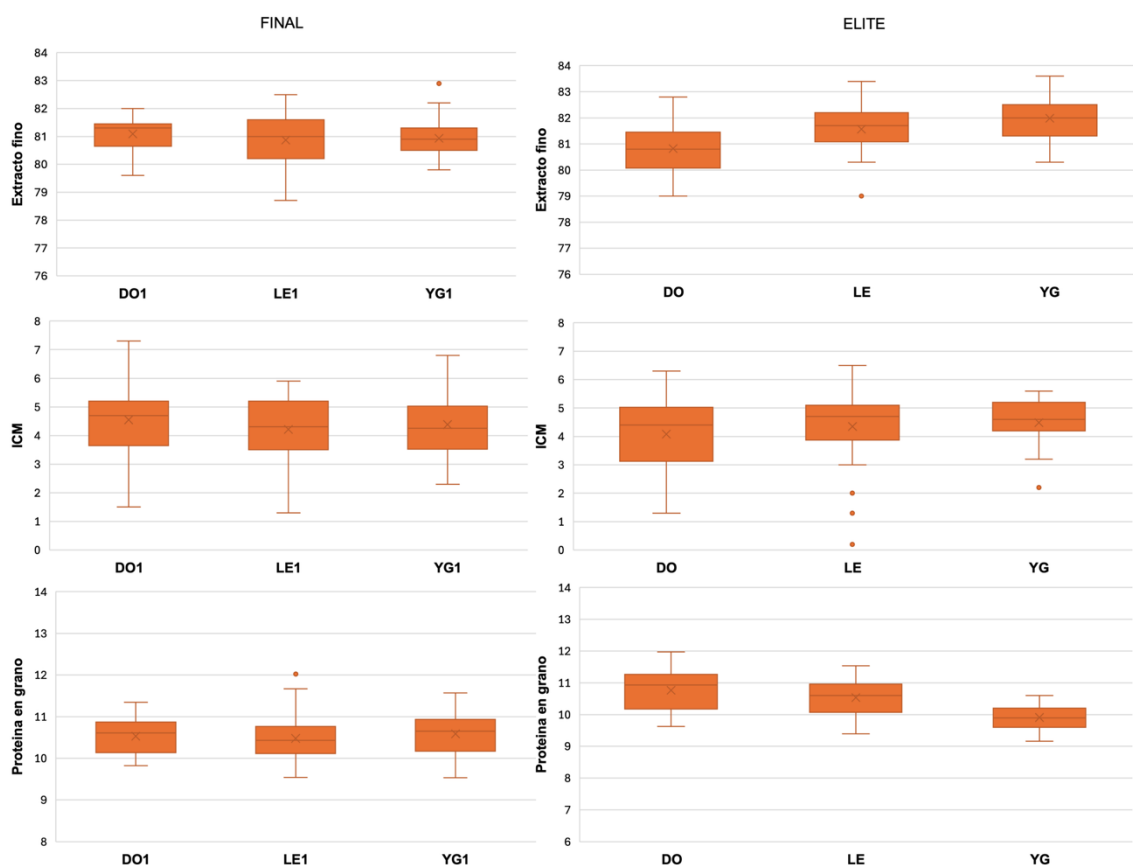
En contraste, el ancho del grano mostró correlaciones positivas tanto con la clasificación ($r=0.43$) como con el peso de mil semillas ($r=0.70$), indicando que un incremento en esta dimensión podría favorecer ambas características. Además, al igual que en los genotipos de ensayos Finales, la

falta de correlación observada entre el largo y el ancho del grano ($r=0.09$) sugiere que las dos dimensiones son en gran medida independientes. Asimismo, se halló una alta correlación entre las variables área y perímetro, ambas fuertemente relacionadas con el largo del grano. Esto indica que las tres variables están estrechamente interconectadas, por lo que modificaciones en una de ellas probablemente repercutan en las demás.

4.6 Parámetros de calidad maltera

Figura 12

Valores de parámetros de calidad maltera para ensayos Finales y Elite



Nota. Se presenta el rango de valores de extracto fino (%), índice de calidad maltera y proteína en grano (%), en cada una de las localidades de ensayos finales (izquierda) y ensayos elite (derecha).

El análisis de calidad maltera se realizó sobre un total de 188 muestras de grano, de las cuales 75 correspondieron a ensayos Elite (Elite-DO: 26, Elite-LE: 26, y Elite-YG: 23) y 113 a ensayos Finales (Final-DO1: 17, Final-LE1: 73, y Final-YG1: 23). Dado que el proceso de micromalteado presenta limitaciones tanto en términos de capacidad operativa como de tiempo de procesamiento, fue necesario realizar una selección previa, poniendo prioridad sobre el análisis de genotipos que presentaron características agronómicas favorables, como alto rendimiento, buena clasificación, sanidad y una adecuada concentración de proteína en grano, que debe encontrarse dentro del rango aceptado por la industria entre 9.5 y 12.5%.

La proteína en grano, parámetro clave para la calidad, mostró un promedio en las muestras analizadas en los ensayos Finales de 10.6 % para Final-YG1, 10.5 % en Final-DO1 y 10.5 % en Final-LE1, el rango de valores observados en todos los ensayos fue desde 9.5% a 12.0%. En los ensayos Elite, los valores fueron de 10.8 % en Elite-DO, 10.5 % en Elite-LE y 9.9 % en Elite-YG (Figura 12), con un rango desde 9.1% a 12.0%. En comparación, los valores en ENC en el mismo año reportaron valores de 10.9 % en Young, 12.5 % en Dolores y 10.9 % en Ombúes de Lavalle (INASE); otros estudios realizados en Uruguay en el año 2015 los valores se ubicaron en 10.9 % en EEMAC, 10.6 % en INIA y 10.5 % en MOSA (Cammarota Ricco, 2021); 10.6% en EELE, 10.9% en EEMAC y en MOSA 10.8% (Bhatta et al., 2020), así como 11.5 % y 11.6 % en La Estanzuela 2 y 3, respectivamente, y 11.9 % en Young para un estudio con datos extraídos de la ENC para el año 2002 (Galante Travieso, 2005).

En cuanto al extracto fino, los valores promedio de muestras analizadas obtenidas en los ensayos Finales fueron de 81.1 % en Final-DO1, 80.9 % en Final-LE1 y 80.9 % en Final-YG1, con un rango en los valores entre mínimo de 78.7% y máximo de 82.9%. Para los ensayos Elite, los valores fueron de 80.8 % en Elite-DO, 81.6 % en Elite-LE y 82.0 % en Elite-YG, lo que evidencia una alta similitud entre ensayos (Figura 12), con un rango que se ubicó entre un mínimo y máximo de 79.0% y 83.9% respectivamente. En 2023, en el marco de la Evaluación Nacional de Cultivares (ENC), se analizó la calidad maltera siguiendo un procedimiento similar al de este estudio, que incluyó una selección previa de los ensayos en función de sus características agronómicas. Las muestras destinadas a micromalteado se obtuvieron de ensayos de ENC ubicados en las localidades de Young, Dolores y Ombúes de Lavalle, donde se obtuvieron valores promedio de extracto fino de 81.0%, 80.8% y 82.0%, respectivamente (INIA & INASE, 2024). La comparación con datos históricos refleja que, si bien existe variabilidad interanual y entre sitios, los valores obtenidos en 2023 se encuentran dentro del rango superior de lo reportado previamente para la cebada cervecera en Uruguay. En 2015, por ejemplo, se registraron valores de 81.1 % en EEMAC, 81.2 % en INIA y 80.2 % en MOSA (Cammarota Ricco, 2021), así como 81.2 % en EELE, 81.0 % en EEMAC y 80.2 % en MOSA (Bhatta et al., 2020). Incluso en evaluaciones más antiguas, como la de 2002, se reportaron valores de 79.1 % en La Estanzuela (fecha de siembra 2), 79.8 % en La Estanzuela (fecha de siembra 3) y 79.2 % en Young (Galante Travieso, 2005).

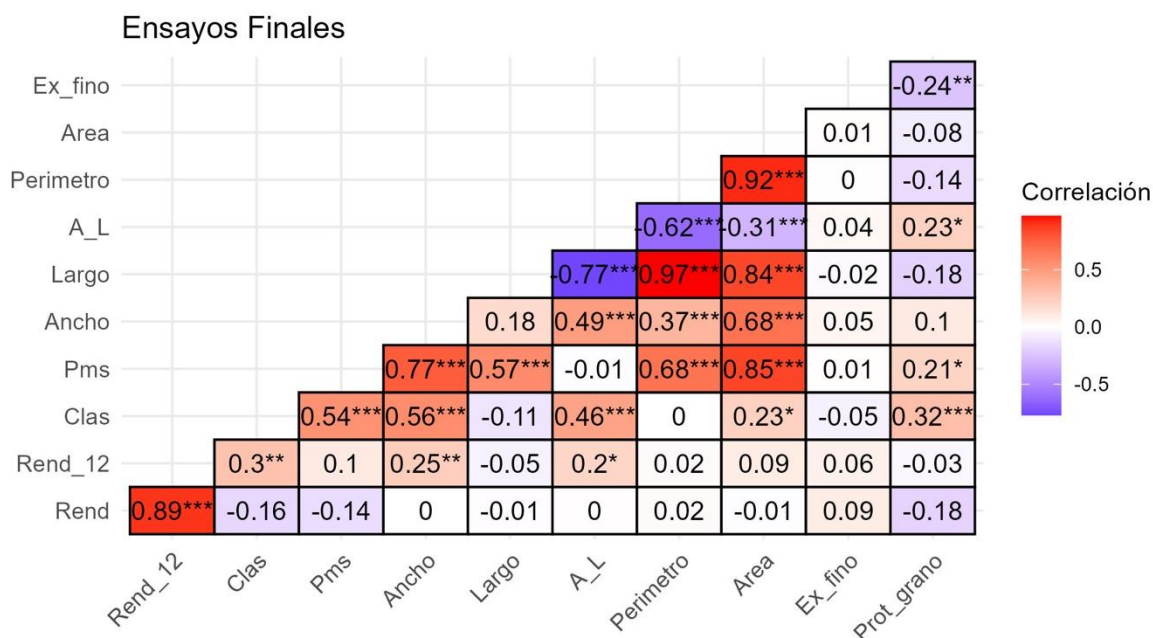
Respecto al índice de calidad maltera (ICM 2012), tanto los ensayos Finales como los Elite presentaron valores promedio de las muestras analizadas cercanos a 4.5, con baja variabilidad del valor promedio entre localidades. En los ensayos Finales, se destacó Final-DO1 con un valor de 4.5, de todos los ensayos seleccionados los valores mínimo y máximo se ubicaron entre 1.3 y 7.3. Por otra parte, en los ensayos Elite el ensayo Elite-YG registró un valor promedio de ensayo de 4.5 (Figura 12), mientras que el rango de los ensayos seleccionados fue de 0.2 a 6.5. Estos resultados son consistentes con los analizados en ENC para el año 2023, donde se informaron valores promedios en las muestras seleccionadas de 4.5, 5.9 y 5.9 (INIA & INASE, 2024).

4.7 Correlaciones entre parámetros morfométricos, proteína en grano y extracto fino.

En la siguiente sección se analizan las correlaciones observadas entre las variables en el subconjunto de las muestras micromalteadas provenientes de los ensayos Finales y Elite.

Figura 13

Correlaciones entre parámetros morfométricos y extracto fino de muestras micromalteadas de ensayos Finales

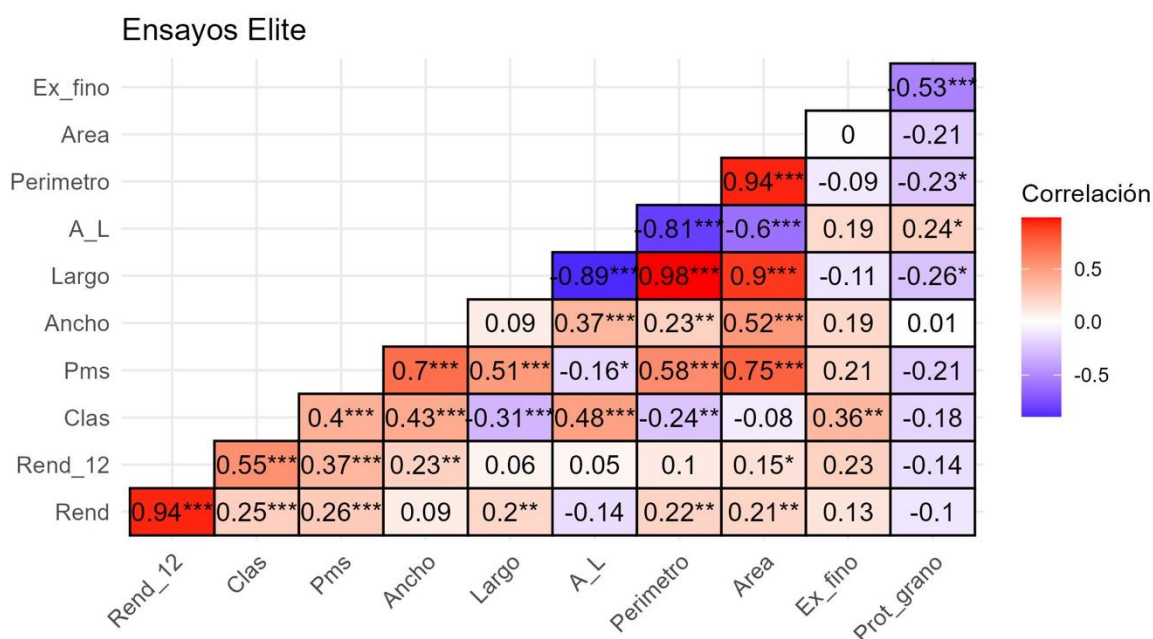


Nota. Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables (correlaciones positivas representadas por el color rojo y correlaciones negativas con color azul) en 113 muestras de ensayos Finales. Los asteriscos indican resultados de razón de verisimilitud (***) $P \leq 0,001$; ** $P \leq 0,01$; * $P \leq 0,05$; NS $P > 0,05$).

El análisis de correlaciones entre los parámetros morfométricos y de calidad maltera en las muestras destinadas a micromalteo se muestra en la Figura 13. Se vio que la correlación entre el extracto fino y proteína en grano fue negativa significativa ($r = -0.24$), coincidiendo con estudios anteriores donde se vio el mismo comportamiento entre dichas variables, con valores de $r = -0.78$ (Bouhlal et al., 2021), y se vio una correlación negativa significativa, similar a la observada en otros estudios (Bertholdsson, 2004; Bhatta et al., 2020; Bouhlal et al., 2021), así también se encontró una relación inversa entre el nitrógeno y el extracto para una misma variedad de cebada (Bishop, 1930).

Figura 14

Correlaciones entre parámetros morfométricos y de extracto fino de muestras micromalteadas de ensayos Elite



Nota. Coeficientes de correlación de Pearson entre las variables (correlaciones positivas representadas por el color rojo y correlaciones negativas con color azul) en 75 muestras de ensayos Elite. Los asteriscos indican resultados de razón de verisimilitud (***) $P \leq 0,001$; ** $P \leq 0,01$; * $P \leq 0,05$; NS $P > 0,05$).

En las muestras micromalteadas provenientes de los ensayos Elite se observó una correlación positiva significativa entre el extracto fino y la clasificación ($r=0.36$), estudios de campo anteriores afirman la correlación entre dichas variables (Bertholdsson, 2004; García del Moral et al., 1998; Pržulj et al., 1997). Al igual que en ensayos Finales se observó una correlación significativa y negativa entre la proteína en grano y el extracto fino ($r=-0.53$). Si bien en otros estudios se encontró significancia en la correlación entre dichas variables, mostró ser una relación débil con un valor de -0.21 (Li et al., 2008). Para los demás parámetros las correlaciones no fueron significativas (Figura 14).

A base de las correlaciones observadas, se eligieron las siguientes variables morfométricas y de calidad física de grano: proteína en grano, clasificación, peso de mil semillas, ancho de grano, largo de grano, proporción A_L y Ch1 como variables a incluir en el análisis de regresiones múltiples para predicción de extracto fino. Se consideró que las variables de perímetro, área de grano y A_L no aportaban información adicional por su alta correlación con el largo de grano.

4.8 Regresiones entre parámetros morfométricos y físicos, y parámetros de calidad en muestras de ensayos Finales y Elite

Con el fin de obtener una ecuación que estime el extracto fino a partir de parámetros relacionados e investigados en este estudio, se realizaron regresiones lineales múltiples paso a paso (step-wise) utilizando el modelo inicial que contenía parámetros morfométricos y de calidad física como parámetros predictivos del extracto fino.

El modelo inicial utilizado fue:

$$\text{Extracto fino (\%)} = \text{proteína en grano (\%)} + \text{ancho (mm)} + \text{largo (mm)} + \text{ch1} + \text{peso de mil semillas (g)} + \text{clasificación (\%)}$$

A este modelo se lo evaluó sacando y poniendo variables, para llegar a un modelo de regresión el cual contuviera parámetros significativos y que no estuvieran correlacionados entre sí.

En este estudio las regresiones se realizaron por separado con los datos de ensayos Finales, Elite, y con datos combinados de ensayos Finales y Elite. El modelo que cumplió con el requisito de colinealidad con valor de vif menor a 2 para todos los ensayos fue: extracto fino= proteína en grano + clasificación + ancho + largo + Ch1, y los restantes parámetros no fueron incluidos debido a que se encontró alta correlación con algunos de los parámetros incluidos.

Para las muestras de ensayos Finales se llegó a un modelo el cual contenía solamente proteína en grano como parámetro significativo en la predicción del extracto fino (Tabla A2 en Anexo).

El modelo significativo para datos de ensayos Finales fue:

$$\text{Extracto fino} = 85.22 - 0.41 \times \text{proteína en grano}$$

$$(R^2 = 0.059)$$

Con estos parámetros, el modelo explicó solamente un 5% de la variación observada en el extracto fino en los ensayos Finales.

El modelo derivado para las muestras de ensayos Elite incluía proteína en grano y dos parámetros independientes de la morfometría que fueron el ancho y el largo del grano (Tabla A2 en Anexo). Este modelo con más parámetros explicó un 40% de la variación observada en extracto fino. Los demás parámetros se descartaron debido a que su inclusión no mejoraba significativamente la proporción de la variación explicada.

El modelo significativo para datos del ensayo Elite fue:

$$\text{Extracto fino} = 86.40 - 0.94 \times \text{proteína en grano} + 2.81 \times \text{ancho} - 0.68 \times \text{largo}$$

$$(R^2 = 0.40)$$

Al incorporar parámetros morfométricos de ancho y largo de grano el modelo pudo explicar el 40% de la variación observada en el extracto de malta en las muestras de ensayo Elite.

Se evaluó si la predicción de extracto fino mejoraba al incluir todos los datos de las muestras Finales y Elite en un modelo de regresión. El modelo resultó tener como parámetros predictivos del extracto fino a la proteína en grano, ancho, largo y Ch1, resultando así en una explicación de la variación del extracto fino del 24%, menos que el modelo derivado de los ensayos Elite, pero más que el modelo derivado de los ensayos Finales.

El modelo de regresión para datos de los ensayos Finales y Elite combinados fue:

$$\text{Extracto fino} = 88.87 - 0.62 \times \text{proteína en grano} + 1.31 \times \text{ancho} - 0.37 \times \text{largo} - 0.019 \times \text{ch1}$$

$$(R^2 = 0.24)$$

Los valores de los coeficientes para cada modelo se presentan en anexo, ver Tabla A2.

En el marco del Institute Brewing Research Scheme en el año 1930 se estudió la relación entre el contenido de nitrógeno y peso de mil granos en cebada con el extracto obtenido de la malta (Bishop, 1930), lo cual fueron lo suficientemente alentadores como para sugerir que la determinación de ambos parámetros debería tener una utilidad práctica definida en la valoración de la cebada y en la conducción de las operaciones de malteo. Años después se vio que el efecto del contenido de nitrógeno y proteína en grano sobre el extracto de malta era prácticamente constante en las variedades estudiadas (Bishop & Day, 1933), por lo tanto, a través de métodos estadísticos se llegó a un modelo el cual podía estimarse el extracto de malta basado en la variedad, el contenido de nitrógeno y el peso de mil granos en cebada. En esta tesis se utilizó la ecuación de Bishop con sus coeficientes correspondientes para predecir el valor del extracto fino en muestras Preliminares, para comparar si las ecuaciones que incorporan parámetros morfométricos pueden mejorar la predicción de extracto fino en las muestras de grano.

Modelo Bishop (Błażewicz et al., 2007):

$$\text{Extracto fino (\%)} = 84.5 - 0.75 \times \text{proteína en grano} + 0.1 \times \text{peso de mil semillas}$$

Los resultados de este estudio confirman los reportes por Bishop y otros autores que la proteína en grano es uno de los componentes relevantes en la predicción de los niveles de extracto. La diferencia radica en que, en el presente estudio también se incorporaron al modelo predictivo parámetros morfométricos fáciles de medir como el ancho y largo de grano, lo que permitió mejorar la precisión en la estimación del extracto. En otros estudios los cuales también se realizó regresión lineal paso a paso con el fin de probar qué variables contribuyen a la predicción del extracto se observó que la proteína en grano explicaba el 30%, el PMS 28%, y el poder diastásico 24% de la variación de extracto fino (Li et al., 2008). El modelo predictivo explicó un 75% de la variación en el extracto de malta, este valor tan alto puede deberse a que el estudio se enfocó en un único cultivar

e incluía variables relacionadas a la capacidad de hidrolizar el almidón en azúcares (poder diastásico). El poder diastásico es un parámetro que se mide en la malta, por lo tanto, no aporta a una estimación temprana de calidad maltera. Otros reportes analizaron la influencia de la proteína en grano sobre el extracto fino y reportaron que el efecto se observa sólo por arriba de un umbral específico y el mismo variaba según el cultivar, esta influencia se veía aproximadamente cuando la proteína se encontraba por encima del 10% (Otero et al., 2021). En el mismo estudio también se reportó un efecto positivo de clasificación de grano, independiente de la concentración de proteína (Otero et al., 2021).

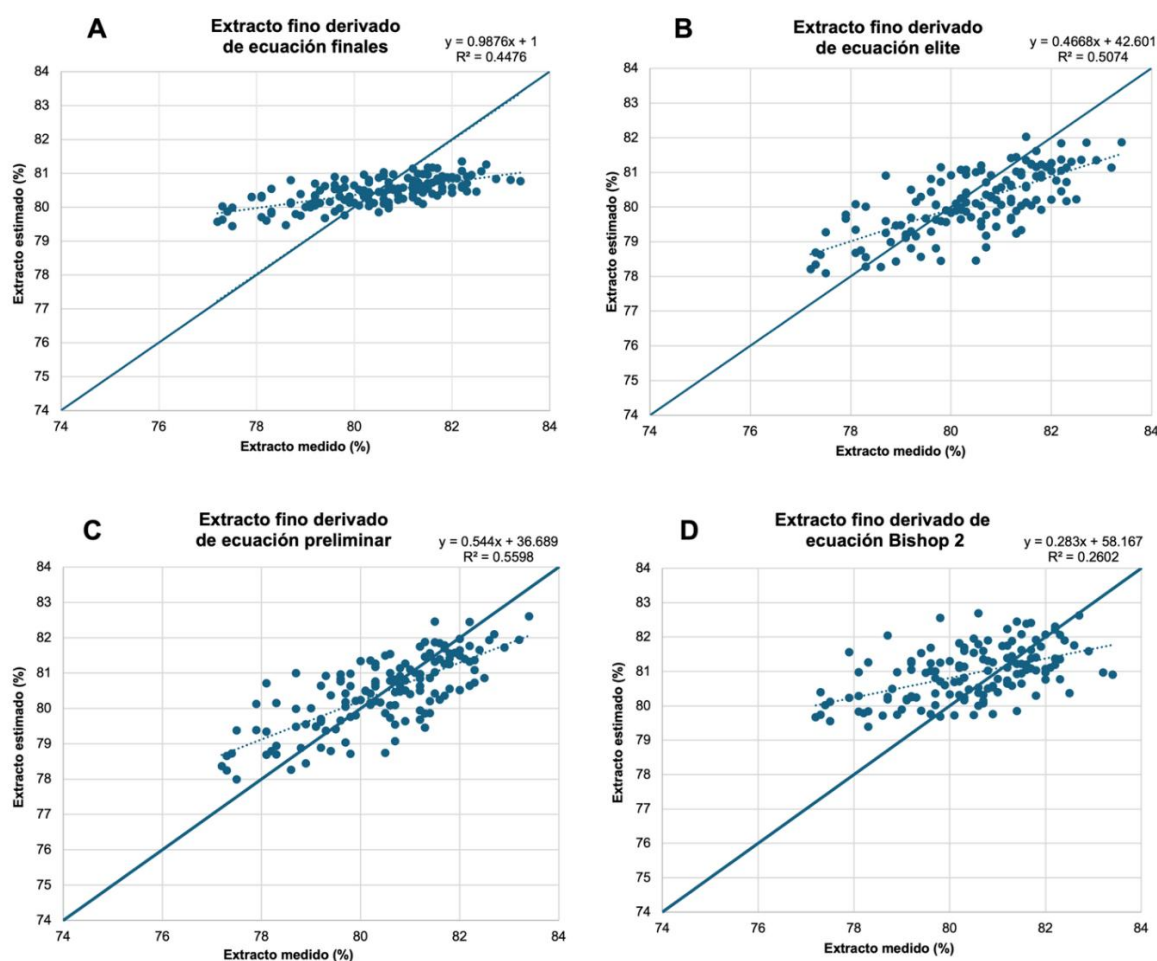
4.9 Predicción de concentración de extracto fino en muestras independientes de ensayos Preliminares

En el siguiente paso se estudió la utilidad de las ecuaciones para estimar extracto fino aplicadas a muestras independientes. Para este fin, se usaron las muestras de grano procedentes de ensayos Preliminares del PMGC analizados en 2023. Los datos de rendimiento, clasificación, peso mil semillas, y las variables morfométricas de los ensayos Preliminares se reportan en la Tabla A1 del Anexo.

Para comparar el poder predictivo de los diferentes modelos se aplicaron las ecuaciones derivadas de los ensayos Finales, Elite y de la ecuación de Bishop para estimar los valores de extracto fino de 141 muestras de grano procedentes de los ensayos Preliminares del PMGC de 2023. Posteriormente, dichos valores fueron comparados con los valores medidos experimentalmente en los ensayos Preliminares (Figura 16).

Figura 15

Extracto fino estimado y su relación con el valor medido en ensayos preliminares



Nota. Gráfico A representa la comparación del extracto fino estimado en muestras de ensayos Preliminares a partir de la ecuación del ensayo Final (eje y), con el medido (eje x). Gráfico B representa la comparación del extracto fino estimado en muestras de ensayos Preliminares a partir de la ecuación del ensayo Elite (eje y), con el medido (eje x). Gráfico C representa la comparación del extracto fino estimado en muestras de ensayos Preliminares a partir de la ecuación del ensayo Preliminar (eje y), con el medido (eje x). Gráfico D representa la comparación del extracto fino estimado en muestras Preliminares a partir de la ecuación de Bishop (eje y), con el medido (eje x).

La ecuación obtenida a partir de los datos de ensayos Finales permitió estimar el valor del extracto fino en las muestras de Preliminares, observándose un coeficiente de determinación del 44% con los valores medidos, con una tendencia a sobreestimar en rangos bajos de extracto fino y a la subestimar en rangos altos (Figura 15). Por su parte, la ecuación generada a partir de los ensayos Elite, que además de contener proteína en grano incorporó los parámetros de ancho y largo de grano, presentó un coeficiente de determinación del 50% entre los valores estimados y medidos

(Figura 16), además la tendencia a sobreestimar valores bajos de extracto fino y subestimar valores altos de extracto fino fue menor en este caso, esto indica que, al incorporar los parámetros morfométricos al modelo de predicción, mejoró el coeficiente de determinación.

Al aplicar la ecuación de Bishop se obtuvo un coeficiente de determinación del 26% (Figura 15). En evaluaciones previas, donde también se empleó dicha ecuación, se constató que su aplicación presentaba una elevada precisión para estimar la extractividad en maltas tipo Pilsen (Błażewicz et al., 2007). Sin embargo, al comparar distintas ecuaciones predictivas en este estudio, se observó que la derivada de los ensayos Elite permitió incrementar la capacidad predictiva a casi el doble en relación con la ecuación de Bishop.

Como último paso, se estudió si una ecuación derivada directamente de los datos de ensayos Preliminares era superior. El modelo de regresión derivado de datos de los ensayos Preliminares resultó en un modelo significativo que incluía a la proteína en grano y el ancho y largo del grano como parámetros predictivos del extracto fino.

El modelo significativo para datos de ensayos Preliminares fue:

$$\text{Extracto fino} = 96.30 - 1.00 \times \text{proteína en grano} + 1.60 \times \text{ancho} - 1.16 \times \text{largo}$$

$$(R^2 = 0.55)$$

En la Figura 16 se observa que este modelo explicó el 55% de la variación observada del extracto fino en las muestras de ensayos Preliminares, mejorando el coeficiente de determinación solamente en 5% en comparación con la ecuación derivada del Elite.

5. CONCLUSIÓN

Las variables relacionadas al rendimiento fueron considerablemente afectadas por el efecto de ambiente y la interacción genotipo por ambiente. Esto se evidenció en las variaciones observadas entre localidades y fechas de siembra, es así entonces que el rendimiento debe ser probado en varios ambientes. En contraste, las variables clasificación y peso de mil semillas mostraron un comportamiento con menos efecto del ambiente, lo cual indica que no resulta indispensable su evaluación en distintos ambientes para caracterizar el comportamiento de los genotipos.

Las variables morfométricas demostraron una alta estabilidad entre ambientes, y las variaciones en cada una de las variables eran atribuibles al efecto genotípico en su mayoría, indicando que su evaluación podría realizarse en un número reducido de ambientes sin tener que comprometer la caracterización de cada una de las variables.

Según el estudio de las correlaciones se comprobó (i) la relación positiva entre el ancho del grano y el PMS, y la clasificación; (ii) la relación positiva entre el largo de grano y el PMS; (iii) la relación negativa entre el largo de grano y la clasificación; (iv) la relación negativa existente entre la proteína en grano y el extracto fino de la malta; y (v) la relación positiva entre la clasificación y el extracto fino de la malta.

En el caso de las regresiones, se obtuvieron diferentes ecuaciones predictivas del extracto fino, destacándose las correspondientes a los ensayos Elite y ensayos Preliminares, los cuales incluyeron como variable predictiva el contenido de proteína en grano, así como el largo y el ancho de grano.

Al evaluar el poder predictivo de las ecuaciones estadísticas para estimar el valor de extracto fino en las muestras provenientes del germoplasma Preliminar, se observó que el uso de la ecuación derivada de datos del material Elite, presentó el mayor coeficiente de determinación, evidenciando una mejor capacidad predictiva.

La medición de proteína en grano constituye un aspecto relevante para la determinación de calidad maltera, junto con otras variables como la clasificación y el peso de mil semillas. Sin embargo, en este estudio se observó que, al incluir parámetros morfométricos, los modelos de predicción del extracto fino retuvieron parámetros morfométricos, particularmente el largo y el ancho de grano, como variables más explicativas. En consecuencia, dichos parámetros pueden aportar información valiosa para la estimación del extracto fino. En conclusión, no es necesario incluir todos los parámetros morfométricos, sino que la proteína en grano, el largo y ancho explicaron más que el 50% de la variabilidad observada en los valores de extracto fino.

El uso de una ecuación predictiva del extracto fino permitiría estimar este parámetro para la totalidad de las muestras de un conjunto de líneas, sin necesidad de realizar una preselección previa basada en características agronómicas. Esto evitaría el riesgo de excluir materiales que tengan un buen potencial en calidad maltera y hayan sido excluidos en primera instancia. De este

modo, a partir de mediciones simples como es la concentración de proteína, y el largo y el ancho de grano, sería posible estimar el valor del extracto fino y, en consecuencia, llevar a cabo una selección más efectiva dentro de poblaciones con un elevado número de genotipos.

La ecuación derivada de materiales Elite fue la que predijo de manera más precisa los valores de extracto fino en un germoplasma diferente en el rango en donde se calibró, específicamente en los genotipos Preliminares, lo que evidencia su aplicabilidad en distintos contextos genotípicos. El extracto es un parámetro influenciado tanto por el efecto de genotipo como ambiente y por una interacción genotipo x ambiente. Por lo tanto, la ecuación propuesta es aplicable en el rango de condiciones estudiadas en este trabajo, y contar con datos de más años y un rango más amplio podría aumentar aún más la precisión de esta y ser extrapolable a más ambientes.

6. BIBLIOGRAFÍA

- Akar, T., Avci, M., & Dusunceli, F. (2004). *Barley: Post-harvest operations*. FAO.
https://www.fao.org/fileadmin/user_upload/inpho/docs/Post_Harvest_Compendium_-_BARLEY.pdf
- Aparicio, J., Gezan, S. A., Ariza-Suarez, D., Raatz, B., Diaz, S., Heilman-Morales, A., & Lobaton, J. (2024). Mr.Bean: A comprehensive statistical and visualization application for modeling agricultural field trials data. *Frontiers in Plant Science*, 14, Artículo e1290078.
<https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1290078>
- Arias, G. (1991). *Calidad industrial de la cebada cervecera*. INIA.
- Badr, A., Müller, K., Schäfer-Pregl, R., El Rabey, H., Effgen, S., Ibrahim, H. H., Pozzi, C., Rohde, W., & Salamini, F. (2000). On the origin and domestication history of barley (*Hordeum vulgare*). *Molecular Biology and Evolution*, 17(4), 499-510.
<https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026330>
- Bamforth, C. W. (2009). Current perspectives on the role of enzymes in brewing. *Journal of Cereal Science*, 50(3), 353-357. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2009.03.001>
- Bertholdsson, N.-O. (2004). The use of environmentally stable grain characteristics for selection of high extract yield and low β -glucan in malting barley. *European Journal of Agronomy*, 20(3), 237-245. [https://doi.org/10.1016/S1161-0301\(03\)00019-4](https://doi.org/10.1016/S1161-0301(03)00019-4)
- Bhatta, M., Gutierrez, L., Cammarota, L., Cardozo, F., Germán, S., Gómez-Guerrero, B., Pardo, M. F., Lanaro, V., Sayas, M., & Castro, A. J. (2020). Multi-trait genomic prediction model increased the predictive ability for agronomic and malting quality traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *G3*, 10(3), 1113-1124. <https://doi.org/10.1534/g3.119.400968>
- Bishop, L. R. (1930). Statistical studies of the analytical data accumulated in the course of the barley investigations: 1. The prediction of extract. *Journal of the Institute of Brewing*, 36(5), 421-434. <https://doi.org/10.1002/j.2050-0416.1930.tb05275.x>
- Bishop, L. R. (1948). The prediction of extract: IV. The adjustment of prediction to give true extract in malt. *Journal of the Institute of Brewing*, 54(6), 330-333.
- Bishop, L. R., & Day, F. E. (1933). Barley protein researches: Prediction of extract: II. The effect of variety on the relation between nitrogen content and extract. *Journal of the Institute of Brewing*, 39(5), 545-551. <https://doi.org/10.1002/j.2050-0416.1933.tb05485.x>
- Błażewicz, J., Liszewski, M., & Zembold-Guła, A. (2007). Usability of Bishop formula in evaluation of malting quality of barley grain. *Polish Journal of Food and Nutrition Sciences*, 57(4A), 37-40.

- Bouhlal, O., Affricot, J. R., Puglisi, D., El-Baouchi, A., El Otmani, F., Kandil, M., Hafidi, A., Keser, M., Sanchez-Garcia, M., & Visioni, A. (2021). Malting quality of ICARDA Elite winter Barley (*Hordeum vulgare* L.) germplasm grown in Moroccan Middle Atlas. *Journal of the American Society of Brewing Chemists*, 80(4), 401-412.
<https://doi.org/10.1080/03610470.2021.1978036>
- Brandie, J. E., & Arthur, L. M. (1992). A comparative evaluation of two methods of selecting locations used for testing spring wheat cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, 83, 301-304. <https://doi.org/10.1007/BF00224275>
- Cammarota Ricco, L. (2021). *Determinación de componentes genéticos que afectan la calidad maltera en germoplasma elite de cebada (Hordeum vulgare L.)* [Tesis de maestría]. Universidad de la República.
- Castro, A. C. (2022). Cebada cervecera: Calidad. En M. R. Simón & S. I. Golik (Coords.), *Cereales de invierno* (pp. 387-399). Editorial de la Universidad Nacional de La Plata.
- Ceretta, S., & van Eeuwijk, F. (2008). Grain yield variation in malting barley cultivars in Uruguay and its consequences for the design of a trials network. *Crop Science*, 48(1), 167-180. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0428>
- Díaz, A., & Rava, C. (2024). Cebada y malta: Situación y perspectivas. En *Anuario OPYP* 2024 (pp. 2-24). MGAP.
- Dynamic Ventures. (s.f.). *CountThings* (versión 3.99.10) [Aplicación móvil].
<https://countthings.com>
- European Brewery Convention. (s.f.). *About Analytica EBC*. <https://brewup.eu/ebc-analytica/about>
- Galante Travieso, L. (2005). *Relación entre características de cebada y de calidad de malta para cultivares y líneas experimentales en evaluación* [Trabajo final de grado]. Universidad de la República.
- García del Moral, L. F., Sopena, A., Montoya, J. L., Polo, P., Voltas, J., Codesal, P., Ramos, J. M., & Molina-Cano, J. L. (1998). Image analysis of grain and chemical composition of the barley plant as predictors of malting quality in Mediterranean environments. *Cereal Chemistry*, 75(5), 755-761. <https://doi.org/10.1094/CCEM.1998.75.5.755>
- Germán, S. E. (2004). Breeding malting barley under stress conditions in South America. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 40(4), 140-147.
- Harris, R. H., & Banasik, O. J. (1952). Effect of environment, variety and season on barley quality. *Cereal Chemistry*, 29, 148-155.

- Hoffman Berasain, E., & Castro Tabó, A. (2007). Alta proteína en cebada cervecera: ¿Siempre la podemos evitar? *Cangüé*, (29), 25-31. <https://hdl.handle.net/20.500.12008/48099>
- Hong, Y., Zhang, M., Zhu, J., Zhang, Y., Lv, C., Guo, B., Wang, F., & Xu, R. (2024). Genome-wide association studies reveal novel loci for grain size in two-rowed barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 137(3), Artículo e58. <https://doi.org/10.1007/s00122-024-04562-8>
- Instituto Nacional de Investigacion Agropecuaria. (s.f.). *Mejorameinto genético de cebada*. <https://www.inia.uy/proyectos/mejoramiento-genetico-de-cebada>
- Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria & Instituto Nacional de Semillas. (2024). *Resultados experimentales de la evaluación nacional de cultivares de cebada: Período 2023*. https://www.inia.org.uy/convenio_inase_inia/Evaluacion_CI/Ano2023/PubCebadaPeriodo2023.pdf
- Instituto Nacional de Semillas. (2022). *Evaluación nacional de cultivares: Protocolo de evaluación de ebada*. <https://www.inase.uy/Files/Docs/0FFCA9942FD42BC1.pdf>
- INTA Pergamino. (2016). *Atributos de calidad en la red nacional de cebada cervecera* [Video]. Youtube. <https://www.youtube.com/watch?v=9QI3YHUSR6o>
- Kavanová, M., Rossi, C., Gómez-Guerrero, B., Cammarota Ricco, L., Lanaro, V., De León, T., & Vázquez, D. (2023). Desarrollo de cultivares de cebada cervecera: Un ejemplo de colaboración entre INIA y LATU-Latitud. *Revista INIA*, (74), 29-36. <https://ainfo.inia.uy/digital/bitstream/item/17371/1/Revista-INIA-74-set-2023-8.pdf>
- Laidig, F., Piepho, H.-P., Rentel, D., Drobek, T., & Meyer, U. (2017). Breeding progress, genotypic and environmental variation and correlation of quality traits in malting barley in German official variety trials between 1983 and 2015. *Theoretical and Applied Genetics*, 130(12), 2411-2429. <https://doi.org/10.1007/s00122-017-2967-4>
- Li, Y., Schwarz, P. B., Barr, J. M., & Horsley, R. D. (2008). Factors predicting malt extract within a single barley cultivar. *Journal of Cereal Science*, 48(2), 531-538. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2007.12.004>
- Molina-Cano, J., Francesch, M., Perez-Vendrell, A. M., Ramo, T., Voltas, J., & Brufau, J. (1997). Genetic and environmental variation in malting and feed quality of barley. *Journal of Cereal Science*, 25(1), 37-47. <https://doi.org/10.1006/jcrs.1996.0067>
- Observatory of Economic Complexity. (s.f.). *Malt*. <https://oec.world/en/profile/hs/malt?selector1699id=pctOption&selector1013id=2023>

- Otero, E. A., Miralles, D. J., Peton, A., Conti, V. A., Giménez, F. J., & Benech-Arnold, R. L. (2021). On-field assessment of the environmental modulation of malting quality in barley crops. *Field Crops Research*, 271, Article e108252. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2021.108252>
- Pržulj, N., Kladenov, N., & Momčilović, V. (1997). Genotype and year effects on some spring malting barley traits. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 3(6), 721-728.
- Rodríguez-Álvarez, M. X., Boer, M. P., van Eeuwijk, F. A., & Eilers, P. H. C. (2018). Correcting for spatial heterogeneity in plant breeding experiments with P-splines. *Spatial Statistics*, 23, 52-71. <https://doi.org/10.1016/j.spasta.2017.10.003>
- Rodríguez Decuadro, S. (2011). *Diversidad genética y funcional en la resistencia de la cebada a la mancha borrosa* [Tesis de maestría]. Universidad de la República.
- Serrago, R. A., García, G. A., Savin, R., Miralles, D. J., & Slafer, G. A. (2025). Relevance of grain number and grain weight on barley yield responses to environmental and genetic factors. *Field Crops Research*, 328, Artículo e109922. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2025.109922>
- Sharma, R., Draicchio, F., Bull, H., Herzig, P., Maurer, A., Pillen, K., Thomas, W. T. B., & Flavell, A. J. (2018). Genome-wide association of yield traits in a nested association mapping population of barley reveals new gene diversity for future breeding. *Journal of Experimental Botany*, 69(16), 3811-3822. <https://doi.org/10.1093/jxb/ery178>
- Thuraga, V., Martinsson, U. D., Vetukuri, R. R., & Chawade, A. (2023). Delineation of genotype X environment interaction for grain yield in spring barley under untreated and fungicide-treated environments. *Plants*, 12(4), Artículo e715. <https://doi.org/10.3390/plants12040715>
- Vaezi, B., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Mehraban, A., Hossein-Pour, T., Koohkan, E., Ghasemi, S., Moradkhani, H., & Siddique, K. H. M. (2019). Integrating different stability models to investigate genotype × environment interactions and identify stable and high-yielding barley genotypes. *Euphytica*, 215, Artículo e63. <https://doi.org/10.1007/s10681-019-2386-5>
- Verocai Britos, M. L. (2021). *Identificación de los componentes genéticos que determinan la adaptación de cebada (Hordeum vulgare L.) en condiciones de alto rendimiento* [Tesis de maestría]. Universidad de la República.
- Wang, Q., Sun, G., Ren, X., Du, B., Cheng, Y., Wang, Y., Li, C., & Sun, D. (2019). Dissecting the genetic basis of grain size and weight in barley (*Hordeum vulgare* L.) by QTL and comparative genetic analyses. *Frontiers in Plant Science*, 10, Artículo e469. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00469>

- Whan, A. P., Smith, A. B., Cavanagh, C. R., Ral, J. P. F., Shaw, L. M., Howitt, C. A., & Bischof, L. (2014). GrainScan: A low cost, fast method for grain size and colour measurements. *Plant Methods*, 10(1), Artículo e23. <https://doi.org/10.1186/1746-4811-10-23>
- Williams, E., Piepho, H. P., & Whitaker, D. (2011). Augmented p-rep designs. *Biometrical Journal*, 53(1), 19-27. <https://doi.org/10.1002/bimj.201000102>
- Xu, X., Sharma, R., Tondelli, A., Russell, J., Comadran, J., Schnaithmann, F., Pillen, K., Kilian, B., Cattivelli, L., Thomas, W. T. B., & Flavell, A. J. (2018). Genome-wide association analysis of grain yield-associated traits in a pan-European barley cultivar collection. *The Plant Genome*, 11(1), Artículo e170073. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2017.08.0073>

7. ANEXO

Tabla A1

Resultado de las variables para cada uno de los ensayos

Ensayo	Variable	N valido	Media	Desvio Estandar	Minimo	Q1	Mediana	Q3	Maximo	CV
Elite-DO	Rend	64	6671	900	4308	6094	6643	7269	8904	0.13
Elite-DO	Rend_12	64	5762	1170	2322	5419	5926	6420	8137	0.20
Elite-DO	Clas	64	85.6	9.1	53.9	84.9	88.7	91.7	94.6	0.11
Elite-DO	Pms	64	46.7	3.1	41.6	44.1	46.5	48.8	53.0	0.07
Elite-DO	Ancho	64	3.72	0.09	3.51	3.65	3.71	3.79	3.88	0.02
Elite-DO	Largo	64	8.47	0.40	7.55	8.19	8.46	8.80	9.41	0.05
Elite-DO	Ancho/largo	64	0.44	0.02	0.40	0.42	0.45	0.45	0.49	0.05
Elite-DO	Área	64	24.6	1.4	21.9	23.6	24.7	25.5	28.0	0.05
Elite-DO	Perimetro	64	25.9	1.0	23.5	25.1	25.9	26.7	28.1	0.04
Elite-DO	Ch1	64	154.9	1.9	150.3	153.7	154.9	156.3	160.6	0.01
Elite-DO	Ch2	64	129.1	2.2	124.2	127.8	129.3	130.6	134.6	0.02
Elite-DO	Ch3	64	109.7	2.7	103.8	108.0	109.7	112.1	114.4	0.02
Elite-LE	Rend	55	8675	941	4725	8169	8702	9190	10624	0.11
Elite-LE	Rend_12	56	7729	1016	3249	7293	7826	8436	9465	0.13
Elite-LE	Clas	55	88.8	6.4	68.8	85.5	91.2	93.8	96.1	0.07
Elite-LE	Pms	64	47.5	2.8	40.3	45.5	47.0	50.1	52.5	0.06
Elite-LE	Ancho	64	3.73	0.09	3.51	3.67	3.72	3.78	3.98	0.02
Elite-LE	Largo	64	8.43	0.42	7.40	8.11	8.43	8.70	9.38	0.05
Elite-LE	Ancho/largo	64	0.44	0.02	0.39	0.43	0.45	0.46	0.49	0.05
Elite-LE	Área	64	24.5	1.4	20.9	23.6	24.4	25.6	27.2	0.06
Elite-LE	Perimetro	64	25.8	1.1	23.0	25.0	25.9	26.7	27.9	0.04
Elite-LE	Ch1	64	154.7	3.5	145.1	152.8	155.2	156.8	163.5	0.02
Elite-LE	Ch2	64	127.7	3.5	118.8	126.0	128.2	130.0	137.1	0.03
Elite-LE	Ch3	64	108.5	4.0	98.8	106.1	109.1	111.2	118.9	0.04
Elite-YG	Rend	64	6477	592	5176	6155	6466	6917	7704	0.09
Elite-YG	Rend_12	64	5916	692	4308	5463	6029	6363	7141	0.12
Elite-YG	Clas	64	91.2	5.0	72.2	88.9	92.7	94.7	96.6	0.05
Elite-YG	Pms	64	48.2	3.3	40.9	46.0	48.0	50.5	55.2	0.07
Elite-YG	Ancho	64	3.76	0.09	3.60	3.68	3.74	3.83	4.04	0.02
Elite-YG	Largo	64	8.42	0.40	7.41	8.14	8.43	8.71	9.20	0.05
Elite-YG	Ancho/largo	64	0.45	0.02	0.40	0.43	0.44	0.46	0.50	0.05

Elite-YG	Área	64	24.7	1.4	21.3	23.9	24.6	25.7	27.7	0.06
Elite-YG	Perimetro	64	25.8	1.0	23.2	25.2	26.0	26.5	27.6	0.04
Elite-YG	Ch1	64	127.7	2.1	123.1	126.5	127.7	129.0	132.4	0.02
Elite-YG	Ch2	64	127.7	2.1	123.1	126.5	127.7	129.0	132.4	0.02
Elite-YG	Ch3	64	109.1	2.4	104.0	107.4	109.3	110.7	114.5	0.02
Final-DO1	Rend	166	6212	701	4108	5761	6235	6661	7941	0.11
Final-DO1	Rend_12	166	5449	853	2810	4908	5611	6131	7400	0.16
Final-DO1	Clas	166	87.5	7.9	61.0	83.0	89.0	93.0	104.0	0.09
Final-DO1	Pms	168	46.5	3.0	41.3	44.3	46.4	48.5	53.9	0.06
Final-DO1	Ancho	168	3.70	0.10	3.51	3.62	3.68	3.78	3.91	0.03
Final-DO1	Largo	168	8.49	0.34	7.64	8.27	8.51	8.74	9.32	0.04
Final-DO1	Ancho/largo	168	0.44	0.02	0.39	0.42	0.44	0.45	0.49	0.05
Final-DO1	Área	168	24.5	1.2	21.8	23.6	24.5	25.4	27.5	0.05
Final-DO1	Perimetro	168	26.0	0.9	23.7	25.3	26.0	26.6	28.2	0.03
Final-DO1	Ch1	168	157.2	2.2	148.4	155.7	157.2	158.7	163.4	0.01
Final-DO1	Ch2	168	131.0	2.7	120.5	129.2	131.0	132.7	137.8	0.02
Final-DO1	Ch3	168	112.3	3.2	101.3	110.4	112.2	114.3	119.1	0.03
Final-LE1	Rend	159	7286	611	5455	6933	7290	7702	8814	0.08
Final-LE1	Rend_12	159	6661	635	4531	6300	6712	7114	8384	0.1
Final-LE1	Clas	159	91.5	5.2	73.0	90.0	94.0	95.0	98.0	0.06
Final-LE1	Pms	167	46.6	3.3	40.3	43.8	46.3	49.0	54.5	0.07
Final-LE1	Ancho	167	3.71	0.10	3.46	3.64	3.71	3.79	3.94	0.03
Final-LE1	Largo	167	8.45	0.35	7.49	8.22	8.48	8.68	9.21	0.04
Final-LE1	Ancho/largo	167	0.44	0.02	0.39	0.43	0.44	0.45	0.50	0.05
Final-LE1	Área	167	24.5	1.3	21.6	23.5	24.4	25.6	27.0	0.05
Final-LE1	Perimetro	167	25.9	0.9	23.4	25.2	25.9	26.6	27.9	0.04
Final-LE1	Ch1	167	155.9	3.3	147.0	153.7	156.0	158.0	163.5	0.02
Final-LE1	Ch2	167	128.7	3.3	119.1	126.7	128.8	130.7	136.6	0.03
Final-LE1	Ch3	167	109.2	3.5	98.8	107.3	108.9	111.1	117.8	0.03
Final-LE2	Rend	168	6150	850	1516	5747	6256	6576	8220	0.14
Final-LE2	Rend_12	168	5837	816	1384	5444	5879	6239	7733	0.14
Final-LE2	Clas	168	94.9	3.8	70.0	94.0	95.0	96.0	128.0	0.04
Final-LE2	Pms	168	49.5	3.4	41.5	46.9	49.5	51.9	57.3	0.07
Final-LE2	Ancho	168	3.80	0.11	3.50	3.72	3.80	3.88	4.03	0.03
Final-LE2	Largo	168	8.57	0.33	7.56	8.36	8.57	8.78	9.32	0.04
Final-LE2	Ancho/largo	168	0.44	0.02	0.40	0.43	0.44	0.46	0.49	0.04
Final-LE2	Área	168	25.4	1.3	21.8	24.6	25.4	26.1	29.0	0.05
Final-LE2	Perimetro	168	26.5	0.9	23.7	25.9	26.5	27.1	28.6	0.03
Final-LE2	Ch1	168	154.2	2.4	147.5	153.0	154.2	156.0	159.3	0.02
Final-LE2	Ch2	168	129.0	3.0	121.1	127.1	129.3	130.8	137.3	0.02
Final-LE2	Ch3	168	110.0	3.6	101.6	107.8	110.0	112.2	121.0	0.03
Final-YG1	Rend	150	6117	640	3757	5657	6125	6606	7447	0.1
Final-YG1	Rend_12	150	5609	678	3529	5173	5629	6161	6980	0.12
Final-YG1	Clas	150	91.7	5.0	69.0	90.0	93.0	95.0	103.0	0.05
Final-YG1	Pms	168	48.3	3.3	42.7	45.9	47.8	50.1	57.1	0.07
Final-YG1	Ancho	168	3.73	0.10	3.50	3.66	3.71	3.80	4.02	0.03
Final-YG1	Largo	168	8.53	0.37	7.62	8.22	8.52	8.79	9.39	0.04
Final-YG1	Ancho/largo	168	0.44	0.02	0.40	0.42	0.44	0.45	0.49	0.05
Final-YG1	Área	168	24.8	1.4	21.8	23.7	24.7	25.9	28.2	0.06
Final-YG1	Perimetro	168	26.2	1.0	23.7	25.3	26.2	26.8	28.1	0.04
Final-YG1	Ch1	168	154.3	2.5	148.0	152.4	154.7	155.7	160.7	0.02
Final-YG1	Ch2	168	128.4	2.8	121.9	126.4	128.4	130.0	136.5	0.02
Final-YG1	Ch3	168	110.2	3.1	102.6	108.0	110.3	112.2	119.2	0.03
Final-YG2	Rend	161	5524	807	3443	5018	5533	6076	7445	0.15

Final-YG2	Rend_12	161	5261	772	3263	4763	5261	5788	7161	0.15
Final-YG2	Clas	161	95.3	2.1	86.0	94.0	95.0	96.0	100.0	0.02
Final-YG2	Pms	168	49.6	3.4	41.8	46.8	49.5	52.2	56.8	0.07
Final-YG2	Ancho	168	3.79	0.10	3.49	3.71	3.78	3.88	4.02	0.03
Final-YG2	Largo	168	8.74	0.36	7.87	8.45	8.78	9.00	9.58	0.04
Final-YG2	Ancho/largo	168	0.43	0.02	0.39	0.42	0.43	0.45	0.48	0.04
Final-YG2	Área	168	25.9	1.5	22.2	24.7	25.8	27.1	29.3	0.06
Final-YG2	Perimetro	168	26.8	1.0	24.4	26.0	26.9	27.6	29.0	0.04
Final-YG2	Ch1	168	150.0	3.3	139.7	147.6	150.1	152.3	159.2	0.02
Final-YG2	Ch2	168	122.9	3.8	113.2	120.1	122.6	125.6	133.3	0.03
Final-YG2	Ch3	168	102.7	4.6	90.8	99.3	102.3	106.1	115.0	0.04
Preliminar 1-YG	Rend	39	6647	904	4270	6059	6828	7137	8471	0.14
Preliminar 1-YG	Rend_12	39	6354	834	4132	5863	6578	6819	8162	0.13
Preliminar 1-YG	Clas	39	95.7	2.0	90.0	95.0	96.0	97.0	99.0	0.02
Preliminar 1-YG	Pms	39	50.6	3.5	42.0	48.0	51.0	53.0	61.0	0.07
Preliminar 1-YG	Ancho	39	3.81	0.10	3.59	3.74	3.82	3.86	4.13	0.03
Preliminar 1-YG	Largo	39	8.80	0.42	7.98	8.57	8.79	8.99	9.86	0.05
Preliminar 1-YG	Ancho/largo	39	0.43	0.02	0.38	0.42	0.43	0.44	0.48	0.04
Preliminar 1-YG	Área	39	26.1	1.5	22.6	25.2	26.1	27.1	31.8	0.06
Preliminar 1-YG	Ch1	39	151.3	2.4	145.7	149.8	151.2	152.8	156.4	0.02
Preliminar 1-YG	Ch2	39	125.3	4.3	119.6	124.3	124.9	126.9	130.4	0.03
Preliminar 1-YG	Ch3	39	106.5	2.2	100.5	105.2	106.4	107.9	111.7	0.02
Preliminar 2-YG	Rend	53	6703	753	4475	6309	6681	7162	8118	0.11
Preliminar 2-YG	Rend_12	53	6517	713	4402	6147	6564	7005	7809	0.11
Preliminar 2-YG	Clas	53	93.3	18.7	92.0	96.0	97.0	98.0	99.0	0.20
Preliminar 2-YG	Pms	53	51.4	3.6	45.0	49.0	52.0	53.0	62.0	0.07
Preliminar 2-YG	Ancho	53	3.81	0.08	3.66	3.76	3.80	3.86	3.98	0.02
Preliminar 2-YG	Largo	53	8.81	0.44	7.78	8.53	8.86	9.13	9.70	0.05
Preliminar 2-YG	Ancho/largo	53	0.43	0.02	0.40	0.42	0.43	0.44	0.50	0.05
Preliminar 2-YG	área	53	26.2	1.5	22.4	25.2	26.4	27.3	29.7	0.06
Preliminar 2-YG	Ch1	53	149.3	18.0	24.3	150.4	151.6	153.6	157.5	0.12
Preliminar 2-YG	Ch2	53	125.5	5.4	116.2	123.2	124.8	126.5	156.4	0.04
Preliminar 2-YG	Ch3	53	105.6	3.7	96.1	103.5	105.6	107.4	114.3	0.04
Preliminar 3-LE	Rend	64	7085	1460	2804	6243	6877	7860	10343	0.21
Preliminar 3-LE	Rend_12	64	6649	1313	2608	5961	6446	7292	9539	0.20
Preliminar 3-LE	Clas	64	94.1	2.3	87.0	93.0	95.0	96.0	99.0	0.02
Preliminar 3-LE	Pms	64	52.0	3.5	44.0	51.0	52.0	55.0	61.0	0.07
Preliminar 3-LE	Ancho	64	3.83	0.09	3.65	3.76	3.82	3.89	4.02	0.02
Preliminar 3-LE	Largo	64	8.76	0.33	8.03	8.52	8.79	8.94	9.69	0.04
Preliminar 3-LE	Ancho/largo	64	0.44	0.02	0.40	0.43	0.44	0.45	0.48	0.04
Preliminar 3-LE	Área	64	26.2	1.3	23.5	25.4	26.1	27.0	30.3	0.05
Preliminar 3-LE	Ch1	64	142.7	30.1	25.8	146.8	150.7	152.5	157.7	0.21
Preliminar 3-LE	Ch2	64	124.8	5.1	114.0	122.3	124.8	127.1	152.4	0.04
Preliminar 3-LE	Ch3	64	104.9	4.1	92.2	102.7	105.0	107.5	111.7	0.04

Tabla A2*Coeficientes de la regresión step-wise para cada ensayo*

		Valor estimado	Error estandar	Valor t	Pr(> t)
Final	Intercepción	85.2266	1.6285	52.334	< 2e-16 ***
	Proteína en grano	-0.4101	0.1548	-2.649	0.00924 **
Elite	Intercepción	86.4074	4.9154	17.579	< 2e-16 ***
	Proteína en grano	-0.9416	0.1484	-6.343	2.22e-08 ***
	Ancho	2.8107	1.1024	2.55	0.0131 *
	Largo	-0.6823	0.2687	-2.54	0.0134 *
Final-Elite	Intercepción	88.875182	3.169455	28.041	< 2e-16 ***
	Proteína en grano	-0.621883	0.117538	-5.291	3.53e-07 ***
	Ancho	1.313542	0.676932	1.94	0.0539
	Largo	-0.377858	0.194793	-1.94	0.054
	Ch1	-0.019612	0.006994	-2.804	0.0056 **
Preliminar	Intercepción	96.30977	3.44815	27.931	< 2e-16 ***
	Proteína en grano	-1.00678	0.07824	-12.868	< 2e-16 ***
	Ancho	1.60909	0.94507	1.703	0.0907 .
	Largo	-1.16516	0.20839	-5.591	1.05e-07 ***