

Perspectiva Bayesiana para estimar el efecto de las condiciones edafoclimáticas sobre el comportamiento fisiológico de la quinua

Bayesian perspective to estimate the effect of edaphoclimatic conditions on the physiological performance of quinoa

Lizeth Andrea Moreno Amaya^a
lizethmorenoa@usantotomas.edu.co

Wilmer Darío Pineda Ríos^b
wilmerpineda@usta.edu.co

Miguel Angel García Parra^c
magarciapa@ufpso.edu.co

Resumen

Las condiciones edafoclimáticas son esenciales para el desarrollo óptimo de la quinua, ya que incide en su desempeño fisiológico. Por lo tanto, es necesario identificar cultivares que se adapten y sean estables ante la interacción entre los cultivares y el ambiente. Por esta razón, este trabajo buscó analizar el desempeño fisiológico de siete cultivares de quinua en tres municipios del departamento de Boyacá, Colombia usando la metodología frecuentista y Bayesiana del modelo de efectos aditivos e interacción multiplicativa (AMMI). Según los resultados, la estimación Bayesiana tuvo mejor capacidad predictiva, así como un mejor desempeño en el estudio de adaptabilidad y estabilidad. Al respecto, el cultivar Pasankalla se destacó en términos de efecto principal y estabilidad. También se observó la adaptabilidad de los cultivares a lugares específicos, permitiendo el uso del efecto positivo de la interacción, evidenciado en el modelo Bayesiano.

Palabras clave: AMMI, BAMMI, interacción cultivar-ambiente, quinua.

Abstract

The edaphoclimatic conditions are essential for the optimal development of quinoa, as they influence its physiological performance. Therefore, it is necessary to identify cultivars that adapt and remain stable in the interaction between cultivars and the environment. For this reason, this study aimed to analyze the physiological performance of seven quinoa cultivars in three municipalities of the Boyacá department, Colombia, using the frequentist and Bayesian methodology of the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model. According to the results, Bayesian estimation showed better predictive capacity as well as better performance in the study of adaptability and stability. In this regard, the cultivar Pasankalla stood out in terms of main effect and stability. The adaptability of cultivars to specific locations was also observed, allowing for the utilization of the positive effect of interaction, as evidenced by the Bayesian model.

Keywords: AMMI, BAMMI, cultivars-environment interaction, quinoa.

^aEstudiante Maestría en Estadística Aplicada USTA

^bDirector: docente Maestría en Estadística Aplicada USTA

^cCodirector: docente FCA Universidad Francisco de Paula Santander

1. Introducción

La quinua es un cultivo andino que ha ganado popularidad en los últimos años, debido a su alto valor nutricional. Esta especie, es una fuente importante de proteína de alta calidad, además de ser rica en fibra, minerales y vitaminas. Estas características, la convierten en un alimento ideal para personas que buscan una dieta sana y equilibrada, así como para quienes padecen enfermedades crónicas como diabetes, hipertensión y obesidad (Chito et al., 2017). Además de sus propiedades nutricionales, la quinua es un cultivo sostenible y tolerante a condiciones adversas como escasez hídrica y salinidad. Lo anterior, la convierte en una especie ideal para la agricultura en zonas áridas y semidesérticas, y en una alternativa de diversidad agropecuaria clave en la lucha contra la pobreza y la inseguridad alimentaria en las zonas rurales de los países andinos (Bazile et al., 2014).

Al resaltar la importancia de la quinua, se evidencia la necesidad de entender el efecto de las condiciones agroclimáticas sobre su comportamiento fenológico, fisiológico y productivo. En este sentido, los estudios de Präger et al. (2018) demuestran que la expresión de las plantas de quinua difiere, no solamente por su variabilidad genética, sino también por factores como la temperatura, precipitación, humedad relativa, radiación solar, así como por las condiciones físicas, químicas y microbiológicas del suelo. Por esto, es fundamental comprender la capacidad de adaptación y la tolerancia de los cultivos a los cambios ambientales, especialmente ante el cambio climático, que afecta las condiciones agroclimáticas a nivel local (Fisher et al., 2016).

Según Bazile et al. (2014), existen cinco ecotipos principales de quinua, que incluyen tierras altas, valles interandinos, salares, yungas y tierras bajas costeras. Así se destaca en Bolivia, Perú y Colombia los cultivares de quinua, que crecen en zonas de valles interandinos, especialmente entre los 2500 y 3500 metros sobre el nivel del mar, con amplia diversidad genética para esta especie; aspecto que condiciona la alta complejidad en lo referente a la selección y evaluación agronómica de materiales vegetales. En este sentido, la gran parte de las investigaciones de evaluación agronómica, consolidan resultados que desligan la interacción entre la diversidad genética y las condiciones edafoclimáticas, al desconocer la importancia de la interacción de los factores del desempeño ecofisiológico con los contextos ambientales de las regiones del trópico andino (García-Parra et al., 2020).

Por lo anterior, el análisis estadístico ha sido una herramienta fundamental en la evaluación de la validez y confiabilidad de los hallazgos de investigación en el campo de la agricultura. Esto debido a que su desarrollo y aplicación a lo largo de los siglos ha sido esencial para el avance científico y la toma de decisiones informadas en diversas disciplinas. Este referente, respalda la investigación en el campo de la quinua y su impacto en la seguridad alimentaria y la sostenibilidad agrícola.

Sin embargo, el análisis de varianza (ANOVA) clásico presenta limitaciones notables. Una crítica común se centra en su sensibilidad a la igualdad de varianzas entre los grupos, y además, depende de la asunción de distribuciones normales y puede ser influenciado por tamaños de muestra desiguales. Por otro lado, en contraste con estas limitaciones, las técnicas Bayesianas ofrecen a los investigadores la capacidad de interpretar los parámetros como variables aleatorias con una distribución de probabilidad basada en el teorema de Bayes. Este enfoque proporciona mayor precisión y credibilidad en los parámetros estimados (Gelman et al., 2014). En el contexto de evaluar la adaptabilidad y estabilidad de los cultivos de quinua, las técnicas Bayesianas contribuyen significativamente a la comprensión de las relaciones entre los factores ambientales y la respuesta agronómica.

Con base en lo anterior, es relevante desarrollar modelos de índices de eficiencia agronómica, con el fin de estudiar el crecimiento y desarrollo de siete cultivares de quinua, en respuesta al efecto de las condiciones agroclimáticas desde una perspectiva Bayesiana. Esto con el fin de evaluar la adaptabilidad y estabilidad de siete cultivares de quinua en tres municipios del departamento de Boyacá en Colombia, empleando los modelos de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) y AMMI Bayesiano (BAMMI).

Con la finalidad de ampliar la comprensión en torno a la selección de cultivares en diversas zonas agroclimáticas, los resultados de este estudio buscan proporcionar una base sólida para la toma de

decisiones informadas en el ámbito agrícola. Así, evidenciar la aplicabilidad de los métodos Bayesianos para evaluar la adaptabilidad y estabilidad de los cultivos, a través de la comprensión de las relaciones entre los factores ambientales y la respuesta agronómica.

Al respecto, el documento se ha organizado en la sección dos, con la introducción al contexto de la quinua. A continuación, se estableció la revisión de literatura y los referentes teóricos relacionados con los modelos AMMI desde la perspectiva frecuentista. Dando luego espacio a la revisión teórica del paradigma Bayesiano, que sirve como base para la introducción de los modelos BAMMI. En la siguiente sección, se describen los aspectos metodológicos relacionados con la fuente de información de los datos, la descripción de las variables y el análisis estadístico. Luego, al final se presentan los resultados, conclusiones, trabajos futuros y la bibliografía del trabajo.

2. La quinua: contexto

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd) (Figura 1) es un cultivo que ha sido parte importante de la nutrición humana durante siglos. Es una planta originaria de la región andina de América del Sur, y se cultiva principalmente en países como Bolivia, Perú y Ecuador. Se caracteriza por ser valorado como alimento altamente nutritivo, que ofrece una excelente fuente de proteínas, fibra, vitaminas y minerales. La quinua es un tipo de grano sostenible y resistente que puede cultivarse en entornos desfavorables y requiere una mínima cantidad de agua para crecer. Con estas características, la quinua es una opción de cultivo ideal para áreas semiáridas y áridas, y se ha convertido en una herramienta valiosa para combatir la pobreza y la inseguridad alimentaria en las comunidades rurales de los países andinos (Alandia et al., 2019).



Figura 1: Variedades de quinua Colombiana (*Chenopodium quinoa* Willd.)

Según la Organización para la Agricultura y la Alimentación, la producción mundial de quinua ha aumentado significativamente en los últimos años. En 2016, el mundo produjo aproximadamente 148.720 toneladas métricas de quinua, frente a las 80.000 toneladas métricas de 2002. Al respecto, los principales productores de quinua son Bolivia, Perú y Ecuador, que juntos representan más del 92 % de la producción mundial. Además, la creciente popularidad de la quinua en los países desarrollados, particularmente en América del Norte y Europa, ha llevado a una mayor demanda y precios más altos para el cultivo (FAO, 2013, Coronado et al., 2021).

En América Latina, el cultivo de la quinua ha sido parte fundamental de la economía y la cultura local durante siglos. Por lo que, además, ha jugado un papel importante en la seguridad alimentaria y nutricional de las poblaciones andinas, particularmente en las zonas rurales. Aspectos, que, en los últimos años ha permitido el aumento de la demanda de quinua, contribuyendo a beneficios económicos

para muchos pequeños agricultores de la región. De esta manera, la quinua se considera un ejemplo que impulsa sistemas agroalimentarios locales inclusivos y eficientes, fomentando la conexión con el mercado y dinamizando las economías locales.

Respecto a Colombia, país ubicado en la parte norte de América del Sur, también se ha involucrado en la producción de quinua, a través de departamentos como Boyacá, ubicado en la región Andina del país y que según el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, en el 2020, produjo aproximadamente 1062 toneladas métricas de quinua, producidas principalmente en los municipios de Sogamoso, Duitama y Tibasosa (Coronado et al., 2021), destacándose así, como el tercer productor departamental del cultivo, en el país, seguido de los departamentos de Nariño y Cauca.

Sin embargo, el cultivo de la quinua en Boyacá enfrenta varios desafíos, particularmente relacionados con la adaptación del cultivo a las condiciones climáticas y edáficas de la región, que afectan significativamente el comportamiento fisiológico del cultivo, que junto con la inexistencia de variedades estables, adaptadas a las condiciones agroclimáticas propias del departamento, limitan el potencial productivo de Boyacá, por lo que es necesario identificar cultivares adaptados y estables para minimizar los efectos de la interacción entre cultivares y ambientes (García-Parra et al., 2020). Al respecto, varios estudios han evaluado el comportamiento de diferentes cultivares de quinua en la región, así como la identificación de las variedades más adecuadas a las condiciones locales. Por ejemplo, Morillo Coronado et al. (2020) evaluaron el rendimiento y adaptabilidad de seis cultivares de quinua en Boyacá y encontraron que los cultivares Puno, CICA-17 y Pasankalla mostraron un buen desempeño en cuanto a rendimiento y adaptabilidad a las condiciones locales.

En conclusión, la quinua es un cultivo de gran importancia económica, nutricional y cultural en América Latina, particularmente en la región andina. El cultivo ha desempeñado un papel crucial en la seguridad alimentaria y la nutrición de las poblaciones locales, y su creciente popularidad en los países desarrollados ha traído beneficios económicos a muchos pequeños agricultores de la región. De igual manera, se destaca en Colombia y específicamente en el departamento de Boyacá, sus procesos de producción de quinua y los desafíos relacionados con la adaptación del cultivo a las condiciones ambientales locales. Estos aspectos, requieren identificar cultivares que se adapten y sean estables, a las condiciones edafoclimáticas de la región, con el fin de mejorar la productividad y sostenibilidad del cultivo.

3. Modelo AMMI

Los modelos de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) son una metodología estadística ampliamente utilizada para conocer la relación entre las influencias genéticas y el medio ambiente, es decir, la interacción genotipo-ambiente. Este modelo combina el análisis de varianza (ANOVA) y el análisis de componentes principales (PCA) para descomponer la variación de los datos en tres componentes: efectos principales aditivos, efectos principales multiplicativos y efectos de interacción.

El modelo AMMI permite la visualización de los datos en un gráfico AMMI a través de un biplot de filas (genotipos) y columnas (ambientes), lo que facilita el análisis del comportamiento de cada variedad en diferentes entornos y su relación entre sí. Las posiciones de las regiones en el biplot se utilizan para identificar subgrupos separables de cultivares y ambientes relacionados con el efecto de la interacción genotipo-ambiente (GEI), así como para sugerir adaptabilidad de los genotipos a entornos específicos.

Uno de los primeros estudios que utilizó los modelos AMMI fue el de Gauch y Zobel (1988), quienes evaluaron la capacidad predictiva y postdictiva del modelo AMMI en el análisis de ensayos de rendimiento de trigo y maíz. Los autores encontraron que el modelo AMMI tuvo una alta capacidad predictiva y postdictiva en la mayoría de los ensayos evaluados y recomendaron su uso en la selección de genotipos estables y adaptados.

En un estudio más reciente, Ali et al. (2018) evaluaron cinco genotipos de quinua en diez entornos en todo Egipto, utilizando varios parámetros de estabilidad y análisis de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) para determinar el mejor genotipo para cada entorno/ubicación en

Egipto. El análisis biplot de AMMI mostró que la variedad KVL-SRA3 se adaptaba ampliamente a todos los entornos, a diferencia de Regalona, que presentaba una mala adaptación a la mayoría de los entornos.

En Irán, Karkaji et al. (2023) se presentaron los resultados de un ensayo con el propósito de obtener genotipos de trigo de alto rendimiento que fueran estables y adaptables a las condiciones climáticas frías. Evaluaron 25 genotipos de trigo en un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones durante tres temporadas de cultivo utilizando un modelo AMMI. El análisis combinado de varianza basado en este modelo mostró que la interacción es significativa en términos de rendimiento de grano. De acuerdo con el biplot, los genotipos G20, G18, G13, G16, G14 y el G5 se consideraron como recursos genéticos deseables en los programas de producción de trigo en ambientes variables en Irán. Asimismo, trabajos de autores como Mwale et al. (2022), Bayomi et al. (2022), Ajay et al. (2020) y otros se han enfocado en este tipo de modelos con el fin de analizar la estabilidad de genotipos de cultivos alimentarios como frijol, remolacha, maní, entre otros, a través de ensayos multiambientales.

En Rodríguez et al. (2011) se estableció un diseño experimental de bloques al azar con el objetivo de evaluar la estabilidad del rendimiento de tres variedades de trigo en el Valle de México y Baja California bajo cuatro ambientes de prueba. Los resultados encontrados en el análisis de la interacción genotipo-ambiente fueron altamente significativos para las variables de estudio. Por lo tanto, se concluyó que este modelo resulta ser una herramienta útil en la identificación de variedades de trigo con alto rendimiento.

En Colombia, se han realizado diversos estudios utilizando modelos estadísticos para evaluar la estabilidad fenotípica de diferentes cultivos. Por ejemplo, en Ligarreto et al. (2015) se usó un diseño de bloques completos al azar para medir variables relacionadas con el rendimiento y la calidad de los granos de una colección de frijol andino tipo arbustivo en diferentes ambientes de cultivo. Los resultados demostraron la utilidad del modelo AMMI para identificar genotipos estables y de alto rendimiento en diferentes localidades. Asimismo, en Vargas et al. (2016) se evaluaron nueve híbridos amarillos de maíz en 17 ambientes de seis zonas agroecológicas de Colombia, utilizando los modelos estadísticos de Eberhart y Russell, Lin y Binns, y AMMI para analizar la estabilidad y adaptabilidad de los genotipos. Por otro lado, Guerrero et al. (2021) evaluaron quince genotipos de arveja en tres ambientes de Nariño utilizando el modelo de estabilidad fenotípica, el biplot permitió un análisis eficiente de la interacción genotipo por ambiente.

No obstante, es importante señalar las limitaciones del modelo AMMI. Una de ellas radica en la ausencia de estadística inferencial asociadas a los parámetros de interacción utilizados para construir el biplot en los modelos AMMI de efectos fijos (Crossa et al., 2011). Además, el modelo AMMI ha sido objeto de críticas por su incapacidad para analizar la estructura del modelo lineal de efectos mixtos (LMM) (Pour-Aboughadareh et al., 2022). Se ha observado que el modelo AMMI es sensible a la presencia de valores atípicos individuales y carece de casos exitosos de análisis del modelo lineal de efectos mixtos (Dudhe et al., 2023). Asimismo, existen estudios limitados sobre el uso del modelo AMMI para micronutrientes en cultivos, indicando así una posible restricción en su aplicación (Oikeh et al., 2004).

3.1. Aspectos Teóricos del Modelo AMMI

Suponga que se han evaluado experimentalmente un total de “ g ” genotipos en “ a ” entornos diferentes. Las medias de cada combinación de genotipo y ambiente pueden expresarse en una matriz de dimensiones $(g \cdot a)$. En esta matriz, los genotipos, representados como g_i (donde $i = 1, 2, \dots, g$), se ubican en las filas, mientras que los ambientes, identificados como a_j (donde $j = 1, 2, \dots, a$), se sitúan en las columnas.

$$Y_{(g \cdot a)} = \begin{bmatrix} \bar{Y}_{11} & \bar{Y}_{12} & \dots & \bar{Y}_{1a} \\ \bar{Y}_{21} & \bar{Y}_{22} & \dots & \bar{Y}_{2a} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \bar{Y}_{g1} & \bar{Y}_{g2} & \dots & \bar{Y}_{ga} \\ \bar{Y}_{\cdot 1} & \bar{Y}_{\cdot 2} & \dots & \bar{Y}_{\cdot a} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \bar{Y}_{1\cdot} \\ \bar{Y}_{2\cdot} \\ \vdots \\ \bar{Y}_{g\cdot} \\ \bar{Y}_{\cdot\cdot} \end{bmatrix}$$

Los vectores marginales son las medias de las filas y columnas de los elementos contenidos en la matriz $Y_{(g \cdot a)}$, mientras que $(\bar{Y}_{..})$ representa la media general de esos datos. Este modelo se desarrolla en dos fases. En la primera fase, se procede a ajustar los efectos principales de la parte aditiva, tales como la media general, los genotipos y los ambientes, mediante un análisis de varianza (ANOVA) convencional aplicado a la matriz de medias $Y_{(g \cdot a)} = [Y_{ij}]$. El resultado de la no aditividad refleja la interacción genotipo-ambiente, conformando así la componente multiplicativa del modelo. En la segunda fase, se aborda el análisis de esta interacción mediante un Análisis de Componentes Principales (PCA).

De esta manera, el modelo AMMI tradicional para efectos fijos, con i genotipos ($i = 1, 2, \dots, g$) y j ambientes ($j = 1, 2, \dots, a$), se representa de la siguiente manera:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \epsilon_{ij}, \quad (1)$$

donde, y_{ij} es la respuesta media del genotipo $i = \{1, 2, \dots, g\}$ en el ambiente $j = \{1, 2, \dots, a\}$, μ es la media general del experimento (su estimación se hace por medio de $\hat{\mu} = \bar{Y}_{..}$), τ_i es el efecto del i -ésimo genotipo (es una medida que cuantifica el desvío de la respuesta media del genotipo i con respecto a la media general del experimento. Se estima mediante $\hat{\tau}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}$, donde $\bar{Y}_{i.}$ representa el promedio de las respuestas para el genotipo i), β_j es el efecto del j -ésimo ambiente (similar al efecto del genotipo, cuantifica el desvío la respuesta media en el ambiente j en comparación con la media general del experimento. Se estima mediante $\hat{\beta}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$, donde $\bar{Y}_{.j}$ es el promedio de las respuestas en el ambiente j), λ_k es el valor singular del k -ésimo componente principal, α_{ik} y γ_{jk} son coordenadas en un espacio euclídeo de vectores singulares de la k -ésimo componente principal para el i -ésimo genotipo y el j -ésimo ambiente, respectivamente, ϵ_{ij} es el error asociado con el i -ésimo genotipo del j -ésimo ambiente y $t \leq \min(g - 1, a - 1)$.

El objetivo del modelo, es evaluar el comportamiento de diferentes genotipos en diversos ambientes y analizar la interacción entre ellos. El análisis se divide en tres tipos: AMMI0, AMMI1 y modelos AMMI de orden superior. El AMMI0 es un análisis de varianza simple que solo considera los efectos aditivos de los genotipos y ambientes, sin incorporar ningún componente principal en el modelo. Por otro lado, el AMMI1 combina los efectos aditivos del AMMI0 con el efecto de interacción $g \cdot a$ estimado por el primer componente principal de la interacción. Los modelos AMMI de orden superior, como AMMI2, AMMI3, AMMI4, etc., incluyen todos los componentes principales adicionales que pueden ser relevantes para explicar la varianza en la interacción (Quevedo, 2018).

El propósito de los métodos biplot, al igual que otras técnicas del Análisis Multivariante, es mostrar la información presente en una matriz de datos en un espacio de menor dimensión, típicamente el plano, con una mínima pérdida de información. Para construir el biplot del modelo, primero se debe obtener la matriz $GE_{ga} = [(ge)_{ij}]$ de los residuos del modelo, donde cada elemento $(ge)_{ij}$ de GE , esta dado por $(ge)_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}$. Luego, se lleva a cabo la descomposición por valores singulares (SVD) de la matriz. A partir de la SVD, se obtienen los vectores singulares α y γ que representan la varianza del genotipo y del ambiente, respectivamente, y los valores singulares λ que indican la cantidad de varianza explicada por cada vector (Gabriel, 1971).

Con base en los resultados obtenidos, se puede generar un biplot que representa la interacción genotipo-ambiente en un plano bidimensional. En dicho gráfico, cada genotipo y ambiente se representa como un punto, y la distancia entre los puntos refleja las diferencias entre ellos. La distancia entre los puntos que representan diferentes genotipos indica la magnitud de estas diferencias en sus respuestas a distintos entornos; cuanto mayor sea la distancia, mayores serán las diferencias en el comportamiento de los genotipos en diversos contextos ambientales. De manera similar, la distancia entre puntos que representan diferentes ambientes refleja las variaciones en cómo estos afectan a los genotipos; si dos ambientes están cercanos en el biplot, sugiere que los genotipos responden de manera similar en esos entornos.

Adicionalmente, los vectores α y γ , representados como flechas en el biplot, indican la dirección y magnitud de las influencias de los genotipos y ambientes, respectivamente, en la variabilidad total observada.

La longitud de estas flechas ofrecen una representación gráfica de la importancia de cada vector en la explicación de la variabilidad presente en los datos.

No obstante, cuando la proporción de la varianza explicada en el primer componente es "baja", puede haber una interpretación sesgada con respecto a la estabilidad de los genotipos usando el biplot AMMI. En este sentido, en Olivoto et al. (2019) se propone un nuevo índice de estabilidad llamado WAAS (Weighted Average of Absolute Scores) que se calcula a partir de la descomposición en valores singulares de la matriz de BLUPs (Best Linear Unbiased Predictor) para los efectos de la interacción genotipo ambiente generados por un modelo lineal de efectos mixtos. Este índice no solo corrige el sesgo, sino que también potencia la interpretación del biplot. Al considerar todas las componentes principales del ANOVA AMMI en un nuevo biplot, donde la abscisa está representada por los valores WAAS y la ordenada se relaciona con la variable de respuesta, la principal ventaja de este biplot radica en su capacidad para utilizar todos los ejes del análisis de componentes principales estimado.

$$WAAS_i = \sum_{k=1}^p |PCA_{ik} \times EP_k| / \sum_{k=1}^p EP_k \quad (2)$$

donde $WAAS_i$ es el promedio ponderado de las puntuaciones absolutas del i -ésimo genotipo, PCA_{ik} es el valor del i -ésimo genotipo en el k -ésimo PCA y EP_k varianza explicada del k -ésimo PCA para $k = \{1, 2, \dots, p\}$, considerando p el número de PCA significativos.

4. Paradigma Bayesiano

La estadística Bayesiana emerge como un paradigma en contraposición al enfoque clásico o frecuentista, tradicionalmente usado en el ámbito estadístico. La principal diferencia entre estos paradigmas radica en su concepción de la probabilidad. En el enfoque Bayesiano, los parámetros se modelan como variables aleatorias, integrando distribuciones previas y actualizando constantemente las creencias con nueva evidencia mediante el teorema de Bayes. La inferencia bayesiana ofrece distribuciones posteriores y predicciones que capturan de manera integral la incertidumbre en los parámetros, permitiendo una adaptación dinámica a medida que se acumulan datos adicionales (Jackman, 2009). Por otro lado, el enfoque frecuentista como su nombre lo indica la probabilidad es vista como la frecuencia relativa de un evento. En este enfoque se condiciona una hipótesis para evaluar la plausibilidad de los datos. Es decir, se busca determinar qué tan probable es obtener los datos observados bajo la suposición de que la hipótesis es cierta.

El enfoque Bayesiano utiliza **el teorema de Bayes**, que combina la información a priori y la que suministran los datos, con el fin de determinar la distribución a posteriori. De acuerdo con Jackman (2009) el teorema de Bayes se puede expresar como sigue:

$$p(\theta|y) = \frac{p(\theta, y)}{p(y)} = \frac{p(\theta)p(y|\theta)}{p(y)} = \frac{p(\theta)p(y|\theta)}{\int_{\Theta} p(y|\theta)p(\theta)d\theta} \quad (3)$$

donde, $p(\theta|y)$ es la distribución de probabilidad posterior, $p(y|\theta)$ es la verosimilitud y $p(y)$ es la probabilidad marginal de los datos. Ya que $\int_{\Theta} p(y|\theta)p(\theta)d\theta$ es una integral que no depende del parámetro θ corresponde a una constante de normalización que permite expresar el Teorema de Bayes como:

$$p(\theta|y) \propto p(\theta)p(y|\theta) \quad (4)$$

Un concepto importante en la estadística Bayesiana es el de conjugación y es que cuando la verosimilitud y la previa se combinan de tal manera que la distribución posterior tiene una forma conocida, entonces se dice que $p(\theta)$ es conjugada para $p(y|\theta)$. No obstante, en situaciones donde la distribución posterior conjunta de los parámetros se vuelve intrincada, se hace necesario recurrir a las simulaciones Markov

Chain Monte Carlo (MCMC). Este enfoque se presenta como un instrumento esencial para explorar eficazmente la distribución posterior. Las simulaciones MCMC, basadas en el método Monte Carlo y las Cadenas de Markov, según Hoff (2009), emplean un muestreo aleatorio que emula el comportamiento de la distribución posterior mediante repeticiones. A continuación, se citan dos algoritmos específicos, fundamentales para abordar de manera sólida y eficiente el análisis de la distribución posterior conjunta.

Algoritmo Metrópolis

El algoritmo Metrópolis es una adaptación de un paseo aleatorio con una aceptación / rechazo regla para converger a la distribución objetivo especificada (Gelman *et al.*, 2014). Este algoritmo procede de la siguiente forma:

1. Simula como punto de partida θ^0 , donde $p(\theta^0|y) > 0$, para una distribución inicial $p_0(\theta)$.
2. Para $t=1,2,\dots$: se simula un valor θ^* cercano a $\theta^{(t-1)}$ de una distribución de salto en el tiempo t , $J_t(\theta^*|\theta^{t-1})$. La distribución de salto debe ser simétrica, y satisfacer la condición $J_t(\theta_a|\theta_b) = J_t(\theta_b|\theta_a)$ para toda θ_a, θ_b y t .
3. Calcular la razón

$$r = \frac{p(\theta^*|y)}{p(\theta^{t-1}|y)} \quad (5)$$

4. Determinar la probabilidad de aceptar el valor generado: $\alpha = \min(r, 1)$
5. Simular u de una distribución uniforme $U(0, 1)$.
6. si $u < \alpha$, entonces $\theta^t = \theta^*$, en caso contrario $\theta^t = \theta^{(t-1)}$ la iteración no se acepta.

Algoritmo Metrópolis-Hastings

El algoritmo Metrópolis-Hastings es el algoritmo MCMC más popular, generaliza el algoritmo básico de Metropolis presentado (Gelman *et al.*, 2014). En este contexto, se presentan dos extensiones fundamentales. En primer lugar, las reglas de salto J_t ya no necesitan ser simétricas. En segundo lugar, para corregir la asimetría en la regla de salto, la razón (5) se reemplaza por:

$$r = \frac{p(\theta^*|y)/J_t(\theta^*/\theta^{t-1})}{p(\theta^{t-1}|y)/J_t(\theta^{t-1}/\theta^*)} \quad (6)$$

Muestreador de Gibbs

En el caso de no poder determinar de manera analítica la distribución conjunta, el muestreador de Gibbs es una herramienta útil, ya que permite establecer todas las distribuciones condicionales y simular de ellas, esto para casos multidimensionales (Hoff, 2009).

Las distribuciones $p(\theta|\sigma^2, y_1, \dots, y_n)$ y $p(\sigma^2|\theta, y_1, \dots, y_n)$ se denominan distribuciones condicionales completas de θ y σ respectivamente, cada uno de ellos es una distribución condicional de un parámetro dado los demás. Dado un estado actual de los parámetros $\phi^{(s)} = \{\theta^{(s)}, \tilde{\sigma}^{2(s)}\}$ se genera un nuevo estado de la siguiente manera:

1. Simular $\theta_{(s+1)} \sim p(\theta|\tilde{\sigma}^{2(s)}, y_1, \dots, y_n)$.
2. Simular $\tilde{\sigma}^{2(s+1)} \sim p(\tilde{\sigma}^2|\theta^{(s+1)}, y_1, \dots, y_n)$.
3. Sea $\phi^{(s+1)} = \{\theta^{(s+1)}, \tilde{\sigma}^{2(s+1)}\}$.

Esto genera una secuencia dependiente de los parámetros $(\phi^1, \phi^2, \dots, \phi^S)$.

Diagnóstico de convergencia MCMC

Posterior a la determinación de la cadena, se vuelve crucial evaluar tanto la precisión como la convergencia

del algoritmo. Este análisis permite verificar si el algoritmo ha logrado capturar de manera adecuada la distribución posterior. Este diagnóstico puede llevarse a cabo mediante dos enfoques: una evaluación gráfica y otra analítica.

En la evaluación gráfica, se realiza un análisis visual del comportamiento de la cadena. Se examina la evolución de las muestras a lo largo de las iteraciones a través de gráficos, proporcionando una perspectiva visual de la convergencia y estabilidad del algoritmo. Este método ofrece una comprensión intuitiva del rendimiento del algoritmo y resalta patrones visuales que pueden indicar problemas potenciales o una convergencia efectiva.

Para la evaluación analítica, se emplea la prueba de Raftery y Lewis (1995), una técnica específica para diagnosticar la convergencia y evaluar la precisión de una cadena MCMC. Esta prueba ofrece información sobre la autocorrelación de las muestras generadas por el algoritmo y ayuda a determinar parámetros críticos, como la longitud de quemado y el tamaño de muestra necesario.

El Factor de Dependencia (I) es un componente clave del diagnóstico de Raftery y Lewis (1995), cuantificando la autocorrelación en las muestras. Un valor alto de I indica una fuerte autocorrelación, señalando posibles problemas en la convergencia del algoritmo, especialmente cuando el valor supera 5 ($I > 5$).

La Longitud de Quemado (burn-in) representa el número de iteraciones iniciales que deben descartarse para garantizar que la cadena haya alcanzado una distribución estacionaria. Esta determinación se realiza al analizar el comportamiento inicial de la cadena y buscar el punto donde la autocorrelación disminuye considerablemente.

Adicionalmente, el Tamaño de Muestra Requerido y el Mínimo Basado en Autocorrelación Cero son parámetros cruciales que ofrecen estimaciones para garantizar resultados confiables y eficientes en la evaluación de la distribución posterior. Ambos parámetros son indicadores clave para lograr una evaluación precisa del algoritmo MCMC.

Otra prueba diagnóstica valiosa para evaluar la convergencia en el proceso de MCMC es la prueba de Heidelberg y Welch (1983). Esta prueba utiliza el estadístico de Cramer-von-Mises para examinar la hipótesis nula de que los valores obtenidos en las muestras provienen de una distribución estacionaria.

El proceso de evaluación de convergencia se realiza de manera iterativa. Inicialmente, se aplica la prueba al conjunto completo de datos. Luego, se repite la prueba después de eliminar el 10 % inicial de la serie. Posteriormente, se repite en intervalos del 20 % de la serie, y este proceso continúa hasta que se logre la confirmación de la hipótesis nula o hasta que se haya descartado el 50 % de la serie. Si se llega a esta última instancia, se interpreta que la prueba de estacionariedad no ha tenido éxito, sugiriendo la necesidad de una ejecución más prolongada del método MCMC.

En caso de superar con éxito la prueba de estacionariedad, se obtiene información crucial, incluyendo el número de iteraciones que deben retenerse y el número de iteraciones que deben descartarse (burn-in). Estos resultados son fundamentales para asegurar que las muestras generadas por el algoritmo MCMC provengan de una distribución estacionaria, garantizando así la validez de los resultados obtenidos. La superación de esta prueba proporciona una guía clara sobre cómo utilizar las iteraciones del algoritmo de manera efectiva y confiable.

Luego de ajustar un modelo bayesiano, es indispensable conocer la precisión de la predicción ya que esto permite dos cosas: medir el rendimiento del modelo y realizar una comparación entre los modelos ajustados. Las medidas de precisión predictiva se denominan criterios de información y normalmente se definen en función de la desviación. A continuación se describen dos criterios que se usan con bastante frecuencia:

Criterio de Información de la devianza (DIC)

El DIC (Deviance Information Criterion) es una versión generalizada del AIC que incorpora el razonamiento de la estadística bayesiana, para medir la complejidad y la bondad de ajuste del modelo. El DIC busca el modelo verdadero mediante la implementación de métodos MCMC que brindan un escenario

más completo de las propiedades del modelo estadístico, este criterio se definen como:

$$DIC = -2 \log p(y|\hat{\theta}_{Bayes}) + 2p_{DIC} \quad (7)$$

donde,

$$\hat{\theta}_{Bayes} = E(\theta|y)$$

y el número efectivo de parámetros p_{DIC} es:

$$p_{DIC} = 2 \left(\log p(y|\hat{\theta}_{Bayes}) - \frac{1}{S} \sum_{s=1}^S \log p(y|\theta^s) \right) \quad (8)$$

Criterio de Información Watanabe-Akaike (WAIC)

El criterio de información de amplia aplicación (WAIC), también conocido como criterio de información de Watanabe-Akaike, es otra métrica utilizada para evaluar modelos bayesianos y se define como:

$$WAIC = -2 \text{ lppd} + 2p_{WAIC} \quad (9)$$

donde, lppd se conoce como el log de la densidad predictiva puntual y se determina

$$\text{lppd} = \log \prod_{i=1}^n p_{post}(y_i) = \sum_{i=1}^n \log \int p(y_i|\theta) p_{post}(\theta) d\theta$$

y el número efectivo de parámetros p_{WAIC} es:

$$p_{WAIC} = 2 \sum_{i=1}^n \left(\log \left(\frac{1}{S} \sum_{s=1}^S p(y_i|\theta^s) \right) - \frac{1}{S} \sum_{s=1}^S \log p(y_i|\theta^s) \right) \quad (10)$$

5. Estimación Bayesiana de los modelos AMMI

Los modelos AMMI han sido ampliamente utilizados en la literatura científica para evaluar la interacción genotipo-ambiente en diversos campos. Estos modelos son particularmente útiles para descomponer la variación de los datos en efectos principales aditivos, efectos principales multiplicativos y efectos de interacción, lo que permite identificar y comprender mejor los factores que influyen en los resultados observados.

Sin embargo, el uso de modelos AMMI tradicionales (modelos de efectos fijos) presenta dificultades en la incorporación de inferencias en una representación biplot de los parámetros que describen la interacción genotipo-ambiente (Yang et al., 2009). Afortunadamente, estas dificultades han sido superadas mediante la inferencia Bayesiana y la implementación de regiones de credibilidad en el biplot, lo que permite identificar genotipos y ambientes estables, así como subgrupos homogéneos de genotipos o ambientes con respecto a la interacción (Crossa et al., 2011). Es importante destacar que los autores pioneros en el desarrollo de la metodología Bayesiana en estos modelos son Viele y Srinivasan (2000), quienes presentaron un algoritmo MCMC (Cadena de Markov Monte Carlo) para muestrear correctamente los parámetros del modelo, especialmente aquellos que describen la interacción.

El enfoque Bayesiano permite identificar de manera efectiva los genotipos más productivos y también visualizar los subgrupos homogéneos de genotipos y ambientes en relación con la interacción. En investigaciones previas, tales como Cuevas et al. (2017), da Silva (2000) y Silva (2023), se ha demostrado la eficacia de esta metodología, obteniendo resultados satisfactorios.

El estudio de Crossa et al. (2011) presenta una interesante propuesta para la inferencia de parámetros en el modelo AMMI a través de un enfoque Bayesiano y el uso de un muestreador Gibbs. Para ilustrar el método, se utilizan datos de un ensayo multiambiental de maíz. Los autores emplean distribuciones previas no informativas y demuestran que las regiones de mayor densidad posterior (HPD) para las interacciones Bayesianas-AMMI en el biplot proporcionan una inferencia estadística precisa y efectiva sobre los parámetros bilineales. Además, el enfoque propuesto permite visualizar de forma clara y detallada los subgrupos homogéneos de ambientes y genotipos, lo que facilita la identificación de genotipos más productivos.

En Brasil, da Silva et al. (2015) empleó un enfoque Bayesiano en el modelo AMMI, con estimadores de contracción para los componentes principales, en un estudio que evaluó 55 genotipos de maíz en nueve ambientes diferentes, utilizando un diseño de bloques completos con tres repeticiones. Los resultados indicaron que el modelo AMMI Bayesiano tradicional mostró una reducción baja de los valores singulares, pero evitó los errores típicos al determinar los intervalos de credibilidad en el biplot.

El estudio llevado a cabo por Mendes et al. (2020) propone un modelo AMMI para analizar patrones de respuestas genotípicas en diferentes ambientes en ensayos agronómicos. El objetivo de este trabajo fue comparar los enfoques frecuentista-AMMI y Bayesiano-AMMI, y destacar las principales diferencias entre ellos. Para lograr esto, se consideró un escenario simulado con 9 genotipos evaluados en 14 ambientes. Los resultados demostraron la gran flexibilidad del método Bayesiano para incorporar inferencia a los parámetros del modelo, especialmente en relación con la interacción genotipo-ambiente en el biplot.

Freiria et al. (2020) evaluaron el rendimiento en grano de cinco líneas libres de lipoxigenasa destinadas al consumo humano del programa de mejoramiento de soja en cuatro municipios del Estado de Paraná, utilizando los parámetros lineales y bilineales del análisis de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) desde el enfoque Bayesiano. Los resultados obtenidos destacan la relevancia del análisis Bayesiano AMMI para el estudio de la adaptabilidad y estabilidad de los genotipos, lo que contribuye significativamente en la selección y/o recomendación de genotipos promisorios para el mejoramiento de la producción de soja destinada al consumo humano.

Bernardo-Junior et al. (2021) presentan un modelo de predicción de la capacidad combinatoria general y específica y las interacciones con el ambiente, basado en el uso de regiones creíbles en biplots obtenidos a través del modelo Bayesiano de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa. Su estudio demostró que el uso de los biplots para las interacciones permitió evaluar de manera más precisa la estabilidad del genotipo y la incertidumbre sobre las estimaciones de interacción. Además, concluyeron que este modelo es una herramienta prometedora para ayudar en la selección y recomendación de genotipos de manera más efectiva.

En línea con esto, el estudio reciente de Melo et al. (2023) también se centró en el análisis de datos de experimentos multiambientales utilizando el modelo AMMI en su versión Bayesiana BAMMI. Los resultados de este estudio mostraron que BAMMI superó las limitaciones del análisis estándar del modelo AMMI y fue más flexible en la evaluación de la adaptabilidad y estabilidad de los genotipos. En conjunto, estos estudios resaltan la importancia del uso de enfoques Bayesianos y modelos como el AMMI de contracción Bayesiana y BAMMI en la evaluación de la productividad y adaptabilidad de los genotipos en experimentos multiambientales.

5.1. Aspectos Teóricos del Modelo BAMMI

El modelo propuesto por Crossa et al. (2011) para la versión Bayesiana del modelo AMMI tiene la siguiente estructura:

$$y = X_1\beta + Z\delta + \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(Z\alpha_k)X_2\gamma_k + \epsilon \quad (11)$$

donde, y es el vector de observaciones de dimensión $n \times 1$. X_1 es la matriz de diseño con dimensión $n \times a$ asociada al vector de efectos del ambiente β . Z es una matriz de diseño con dimensión $n \times g$ asociada al vector de parámetros del genotipo δ de dimensión $g \times 1$. λ_k es el k -ésimo valor singular bajo las condiciones mencionadas anteriormente. α_k y γ_k son los k -ésimos autovectores para el genotipo y el ambiente, respectivamente. ϵ es el vector de los residuales con distribución de probabilidad normal multivariada con media de cero y matriz de varianza y covarianza $I\sigma_e^2$. La representación matricial del producto interno $diag(Z\alpha_k)X_2\gamma_k$ es usada para dar cuenta de la interacción genotipo-ambiente, esto a través de un biplot.

Distribuciones previas para los parámetros del modelo

Las distribuciones previas para los parámetros del modelo son similares a los utilizados por Crossa et al. (2011).

$$\beta|\mu_\beta, \sigma_\beta^2 \sim N(\mu_\beta, \sigma_\beta^2); \sigma_\beta^2 \rightarrow \infty \text{ equivalente a que } \beta \sim \text{constante.}$$

$$\delta|\mu_\delta, \sigma_\delta^2 \sim N(\mu_\delta, I\sigma_\delta^2); \text{ en el cual } \sigma_\delta^2 \sim \frac{1}{\sigma_\delta^2}$$

$$\lambda_k|\mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2 \sim N^+(\mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2); \sigma_{\lambda_k}^2 \rightarrow \infty \text{ en el cual } \lambda_k|\mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2 \sim \text{es constante}$$

A los vectores β y δ se les asigna previas normales multivariantes, mientras que a λ_k se le asigna una normal truncada, μ_β y σ_β^2 son los parámetros de media y varianza asociados con los efectos del ambiente, μ_δ y σ_δ^2 parámetros de media y varianza relacionado con los efectos de los genotipos y μ_{λ_k} y $\sigma_{\lambda_k}^2$ son los parámetros de media y varianza asociados con el k -ésimo valor singular.

$$\alpha_k \sim \text{uniforme esférico en el espacio correcto;}$$

$$\gamma_k \sim \text{uniforme esférico en el espacio correcto;}$$

$$\sigma_\delta^2|\nu, S_\delta^2 \sim \text{inv} - \text{escalada} - \chi^2(\nu, S_\delta^2)$$

$$\sigma_e^2|\nu, S_e^2 \sim \text{inv} - \text{escalada} - \chi^2(\nu, S_e^2)$$

Donde inv-escalada χ^2 es la distribución chi-cuadrado inversa escalada con parámetros ν para los grados de libertad y el parámetro de escala S^2 . Las previas para β , σ_δ^2 y σ_e^2 son equivalentes a previas de la distribución de Jeffreys, las cuales son proporcionales a la raíz cuadrada de la información de Fisher esperada, lo cual puede proporcionar una distribución a priori no informativa. En cuanto a los vectores singulares α_k y γ_k , se utilizó una distribución esférica uniforme previa y casos especiales de la distribución de von Mises-Fisher.

En el contexto de la estadística direccional, la distribución de von Mises-Fisher se refiere a una distribución de probabilidad definida en la superficie de una esfera. La función de densidad de probabilidad para la distribución de von Mises-Fisher de un vector aleatorio x de dimensión p , se expresa como:

$$f_p(x; \mu, \kappa) = C_p(\kappa)e^{(\kappa\mu^T x)}$$

Donde $k \geq 0$ y $|\mu| = 1$, y la constante de normalización se expresa como $C_p(\kappa) = \frac{\kappa^{p/2-1}}{(2\pi)^{p/2}I_{p/2-1}(\kappa)}$, en la que $I_v(\kappa)$ representa la función de Bessel modificada. Los parámetros μ y κ son conocidos como la media direccional y el parámetro de concentración, respectivamente (Mardia, Kent y Bibby, 1981).

Verosimilitud y posteriores condicionales completos para los parámetros del modelo AMMI

La función de verosimilitud juega un papel importante ya que es la función que determina cómo los datos modifican a θ , para el modelo AMMI se implementó de la siguiente manera:

$$L(\bar{\theta}, \sigma_e^2|y) = p(y|\theta, \sigma_e^2) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{n}{2}}|I\sigma_e^2|^{1/2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2}(y - \theta)^T(y - \theta) \right\} \quad (12)$$

siendo $\bar{\theta} = \{\beta, \delta, \lambda_k \alpha_k \gamma_k\}$ y $\theta = X_1 \beta + Z \delta + \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(Z \alpha_k) X_2 \gamma_k$.

De acuerdo con el teorema de Bayes la distribución de probabilidad posterior es proporcional al producto de la distribución de θ a priori y la función de verosimilitud, de esta forma la posterior para este modelo es:

$$P(\Phi|y) = p(y|\theta, \sigma_e^2) p(\beta|\mu_\beta, \sigma_\beta^2) p(\delta|\mu_\delta, \sigma_\delta^2) p(\sigma_\delta^2|v, S_\delta^2) p(\sigma_e^2|v, S_e^2) \prod_{k=1}^t p(\lambda_k|\mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2) p(\alpha_k) p(\gamma_k)$$

siendo $\Phi = (\alpha, \gamma, \lambda, \delta, \beta, \sigma_\delta^2, \sigma_e^2)$

Las distribuciones condicionales completas para los parámetros son obtenidos a partir de la distribución posterior conjunta.

$$\beta|\alpha, \gamma, \lambda, \delta, \sigma_\delta^2, \sigma_e^2 \sim N[(X_1^T X_1)^{-1} X_1^T (y - Z \delta - \Theta), (X_1^T X_1)^{-1} \sigma_e^2] \text{ donde } \Theta = \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(Z \alpha_k) X_2 \gamma_k$$

$$\delta|\alpha, \gamma, \lambda, \beta, \sigma_\delta^2, \sigma_e^2 \sim N\left[\left(Z_1^T Z + I_{\sigma_\delta^2}^{-1}\right)^{-1} Z_1^T (y - X_1 \beta - \Theta), \left(Z_1^T Z + I_{\sigma_\delta^2}^{-1}\right)^{-1} \sigma_e^2\right]$$

$$\lambda_k|\alpha, \gamma, \delta, \beta, \sigma_\delta^2, \sigma_e^2 \sim N^+[(\phi_k^T \phi_k)^{-1} \phi_k^T \Delta_{k'}, (\phi_k^T \phi_k)^{-1} \sigma_e^2]$$

Con $\Delta_{k'} = y - X_1 \beta - Z \delta - \sum_{k' \neq k}^t \lambda_{k'} \text{diag}(Z \alpha_{k'}) X_2 \gamma_{k'}$, $\phi = \text{diag}(Z \alpha_k) X_2 \gamma_k$ y $\lambda_1 \geq \dots \geq \lambda_t \geq 0$

$$\sigma_e^2|\alpha, \gamma, \lambda, \delta, \beta, \sigma_\delta^2 \sim \text{inv-escalada} - \chi^2[n, (y - \theta)^T (y - \theta)]$$

La distribución de la varianza de los valores singulares es la siguiente:

$$\sigma_\delta^2|\alpha, \gamma, \lambda, \delta, \beta, \sigma_e^2 \sim \text{inv-escalada} - \chi^2[n_\delta, \delta^T \delta]$$

La distribución posterior para el vector singular viene dada por:

$p(\alpha_k|\gamma, \lambda, \delta, \beta, \sigma_\delta^2, \sigma_e^2) \propto \exp\left\{\frac{\lambda_k}{\sigma_e^2} [\alpha_k^T \Lambda_k^T (y - X_1 \beta - Z \delta)]\right\}$ proporcional a una distribución von Mises-Fisher (VMF) $\alpha_k| \text{others} \sim \text{VMF}[k, \mu_{\alpha_k}]$ con parámetro de concentración $\frac{\lambda_k}{\sigma_e^2}$ y parámetro de media direccional $\mu_{\alpha_k} = \Lambda_k^T (y - X_1 \beta - Z \delta)$, siendo $\Lambda_k = \text{diag}(X_2 \gamma_k) Z$.

De forma análoga con $\gamma_k|\alpha, \lambda, \delta, \beta, \sigma_\delta^2, \sigma_e^2 \sim \text{VMF}[k, \mu_{\gamma_k}]$ con parámetro de media direccional $\mu_{\gamma_k} = \Omega_k (y - X_1 \beta - Z \delta)$, siendo $\Omega_k = \text{diag}(Z \alpha_k) X_2$.

Los detalles algebraicos pueden ser consultados en da Silva et al. (2015). Dado que se cuenta con información completa sobre las distribuciones posteriores condicionales de los parámetros del modelo, es posible realizar un muestreo directo. El muestreador Gibbs fue empleado en la implementación del método MCMC.

Comparación de Modelos

Los criterios de comparación de modelos son una herramienta esencial para seleccionar el modelo que tenga mejor ajuste a los datos observados y la mejor capacidad predictiva. En este contexto, para comparar el modelo AMMI y su versión Bayesiana BAMMI, se emplea la validación cruzada. Este método permite generalizar patrones y relaciones aprendidas a partir de los datos de entrenamiento y aplicarlos a nuevos datos para obtener predicciones precisas.

La capacidad predictiva de un modelo depende en gran medida de la calidad de los datos de entrenamiento y del algoritmo de aprendizaje utilizado para construir el modelo. En la validación cruzada, los datos se dividen en conjuntos de entrenamiento y prueba. El conjunto de entrenamiento se utiliza para ajustar el modelo AMMI, mientras que el conjunto de prueba se utiliza para evaluar el rendimiento predictivo del modelo. Este proceso se repite varias veces utilizando diferentes divisiones de los datos, y el rendimiento promedio se utiliza para evaluar el rendimiento general del modelo.

Para determinar la capacidad predictiva de los modelos AMMI y BAMMI, se usa la suma de cuadrados del error residual pronosticado promedio (PRESS), la correlación entre el valor predicho ($\hat{y}_{ij}$) y el observado (y_{ij}) (COR) y el Error Absoluto Medio (MAE) mediante procedimientos de validación cruzada. Como

se describe en Nuvunga et al. (2019), PRESS y COR son calculados por:

$$PRESS = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \hat{y}_{ij})^2 \quad (13)$$

$$COR = \frac{\sum_{j=1}^n (\hat{y}_{ij} - \bar{\hat{y}}_{ij})(y_{ij} - \bar{y}_{ij})}{\sqrt{\sum_{j=1}^n (\hat{y}_{ij} - \bar{\hat{y}}_{ij})^2} \sqrt{\sum_{j=1}^n (y_{ij} - \bar{y}_{ij})^2}} \quad (14)$$

dónde $\bar{\hat{y}}_{ij}$ la media de los valores predichos por el modelo, $\bar{y}_{ij}$ es la media de los valores previstos para la validación y n es el número de datos eliminados. Cuanto mayor sea la correlación y menor sean las estadísticas PRESS, mejor sera el desempeño del modelo.

Por otra parte, el MAE evalúa la magnitud promedio de los errores absolutos entre las predicciones del modelo y los valores reales. Su fórmula es la siguiente:

$$MAE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i| \quad (15)$$

donde, n es el número total de observaciones, y_i es el valor real en la observación i y $\hat{y}_i$ es la predicción del modelo para la observación i . La interpretación del MAE es directa: representa el error promedio en términos absolutos entre las predicciones y los valores reales. Cuanto menor sea el valor de MAE, mejor será la precisión del modelo en términos de magnitud de los errores.

6. Metodología

6.1. Tipo de Estudio

De acuerdo con Kirk (2012) y Montgomery (2012) (como se citó en Hernández, *et al.*, 2014, p. 130) el tipo de estudio que se llevo a cabo para recolectar los datos fue experimental, ya que el diseño tuvo como fin analizar si las variables: zona geográfica y cultivares de quinua (variables independientes) afectan a las variables relacionadas con el crecimiento de quinua como: producción en grano, densidad estomática, área foliar y contenido de proteína (variables dependientes).

Los datos fueron sometidos a procesos de tabulación y análisis estadístico, de corte transversal. De acuerdo con Liu (2008) y Tucker (2004) (como se citó en Hernández, *et al.*, 2014, p. 154) transversal porque se recolectan mediciones de las variables ya mencionadas en un solo momento del tiempo.

6.2. Información de los datos

La base de datos con la que se cuenta, corresponde a un experimento que se llevo a cabo en tres zonas con diferente gradiente altitudinal en el departamento de Boyacá: Oicatá, Moniquirá y San Pablo de Borbur con altitudes de 2648, 1707 y 698 m.s.n.m, que corresponde a ambientes: frío, medio y cálido, respectivamente. Estos datos fueron recolectados durante el período comprendido entre el 1 de julio y el 31 de diciembre de 2021 (ver Tabla 1).

El diseño experimental fue completamente aleatorio con un arreglo factorial 3x7 y tres réplicas, el primer factor correspondió a los tres gradientes altitudinales (ambientes) y el segundo factor a los cultivares de quinua evaluados (Salcedo, Pasankalla, Nariño, Titicaca, Puno, Soraca y Nueva). Las variables tomadas durante el proceso son:

Municipio	Posición geográfica		Ambiente	Altitud (m)	T (°C)	Precipitación (mm)
	Latitud	Longitud				
Oicatá	5°36'N	73°10'W	Frío	2648	12.1	741
Moniquirá	5° 52'N	73° 33'W	Medio	1707	18.1	1305
San Pablo de Borbur	5° 39'N	74°04'W	Cálido	698	23.1	1984

Tabla 1: Descripción agroclimática de las zonas experimentales

- Producción en grano (gramos por planta): la cantidad de grano por unidad de área se determinó cosechando manualmente todas las plantas completamente maduras presentes en un metro lineal. Posteriormente estas fueron secadas a temperatura ambiente durante 15 días y trilladas manualmente para facilitar la eliminación de todas las impurezas. Las semillas fueron puestas en una balanza digital para determinar su peso.
- Densidad estomática (DE): es el número de estomas por unidad de área foliar y representa un integrador de la interacción planta-ambiente a nivel foliar. Se determinó tomando hojas de los tres tercios de las plantas al momento de la fase de llenado de grano, cubriéndolas con resina industrial transparente, posteriormente fueron examinadas en microscopio óptico de 200x para facilitar su cuantificación.
- Área Foliar Específica (cm^2/g): se define como la razón entre área foliar y el peso de la hoja. Para determinar el área foliar específica se midió el área foliar utilizando un medidor portátil LI-3000-A (LI-COR, Lincoln, USA).
- Contenido de proteína (%): la concentración de proteína en los cultivares de quinua bajo los diferentes tratamientos se determinó al momento de la madurez de la planta utilizando la metodología de Kjeldhal y multiplicándolo por el factor de conversión 6.25 que es equivalente a 0.16 g de nitrógeno por gramo de proteína.

6.3. Análisis estadístico

El efecto de diferentes cultivares de quinua y su interacción con los tres ambientes fue evaluado por medio de modelos AMMI en su versión frecuentista y comparados con la adaptación Bayesiana de estos modelos (BAMMI). Los datos fueron analizados en el programa estadístico R versión 4.0.5 utilizando las librerías Agricolae y Metan, para los modelos frecuentistas, y las librerías ammiBayes y Bayesplot para los modelos Bayesianos, la convergencia de las cadenas fue monitoreada por los criterios de Raftery y Lewis, y Heidelberg y Welch. Por último, se realizó una comparación de modelos utilizando la correlación entre valores predichos y observados (COR), el estadístico PRESS y el MAE.

7. Resultados

7.1. Análisis Descriptivo

Los estadísticos descriptivos para las variables estudiadas en los siete cultivares de quinua se presentan en la tabla 2, en esta se aprecia que los valores para área foliar oscilan entre 80 y 450 (cm^2/g), presentando un coeficiente de variación de 41.54 % lo que indica una alta variabilidad en el tamaño de las hojas entre los diferentes cultivares de quinua. Por otra parte, se puede ver que, en promedio, la concentración de proteína de los cultivares en los ambientes evaluados fue de 14.38 %, con una desviación estándar de 1.62 y un coeficiente de variación del 11.2 %. Este bajo coeficiente de variación sugiere que los cultivares de quinua tienden a mantener un contenido de proteínas relativamente uniforme.

Respecto a la variable densidad estomática, el valor más alto fue de 140 estomas por unidad de área foliar, mientras que el mínimo es de 100. Y, por último, en cuanto a la producción en grano, se puede ver que la variabilidad de los datos fue alta (47.55 %), lo que indica una significativa disparidad en la cantidad de quinua cosechada tanto entre diversos cultivares como en distintos entornos. En otras palabras, la producción de quinua exhibe una notable fluctuación.

	Mínimo	Media	Desviación estándar	Máximo	CV (%)
Área Foliar	107.7	251.56	104.5	411	41.54
Contenido de Proteína	10.8	14.38	1.62	17.2	11.2
Densidad estomática	100	119.24	11.47	140	9.6
Producción en grano	30	110.81	52.7	230	47.55

Tabla 2: Estadísticos descriptivos para las variables

Variable Área Foliar

En la Figura 2 se representa el rendimiento de siete cultivares de quinua en tres entornos diferentes con respecto al área foliar. Se destaca que los mayores valores se registraron en los cultivares Nueva, Soraca y Pasankalla en el ambiente frío. En este entorno, cinco de los siete cultivares exhiben un rendimiento superior en comparación con los otros dos ambientes evaluados. Por el contrario, en el ambiente cálido, todos los cultivares muestran valores por debajo de $250 \text{ cm}^2/\text{g}$, en marcado contraste con los resultados obtenidos en los otros entornos. Asimismo, se observa que el cultivar Nariño presenta el promedio más bajo en los valores de área foliar específica obtenidos.

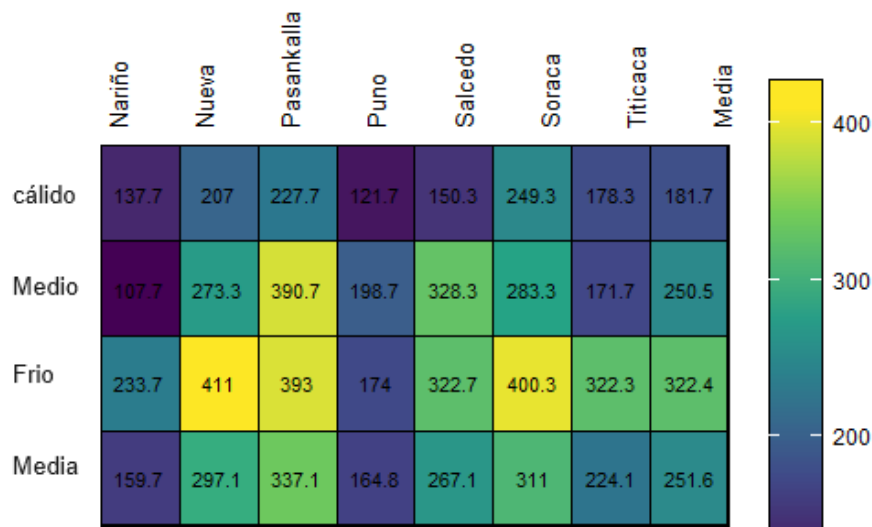


Figura 2: Desempeño de los siete cultivares en los ambientes para la variable variable Área Foliar

Variable Contenido de proteína

La Figura 3 presenta el análisis del contenido de proteína en distintas variedades de quinua en entornos diversos. En ambientes fríos, Titicaca se destaca con el contenido de proteína más elevado, sugiriendo una posible adaptación a las condiciones específicas de este entorno. En contraste, Nueva muestra el contenido más bajo, subrayando la variabilidad significativa entre las variedades en condiciones frías. De manera similar, en entornos de temperatura media y cálidos, se observan patrones distintivos de contenido proteico, resaltando la consistencia de altos valores en Titicaca.

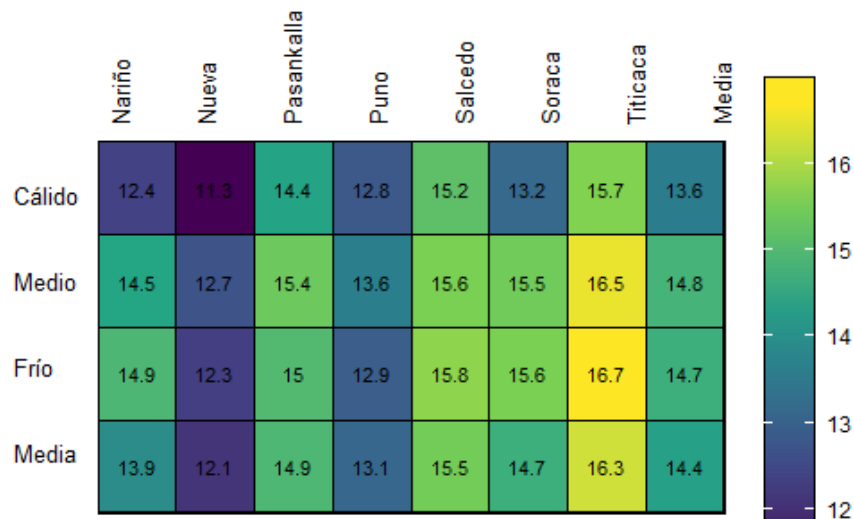


Figura 3: Desempeño de los siete cultivares en los ambientes para la variable Contenido de Proteína

Variable Densidad estomática

Con respecto a la característica de densidad estomática (figura 4), los resultados de desempeño de los siete cultivares en los ambientes, muestra que es el cultivar Salcedo en ambiente medio quien registra el mayor valor para esta variable, superando los 135 estomas por unidad de área foliar. Por otro lado, se aprecia que los cultivares Nariño, Puno, Salcedo y Soraca presentan un amplio rango de variabilidad cuando se comparan sus resultados en los ambientes cálido-frío y cálido-medio.

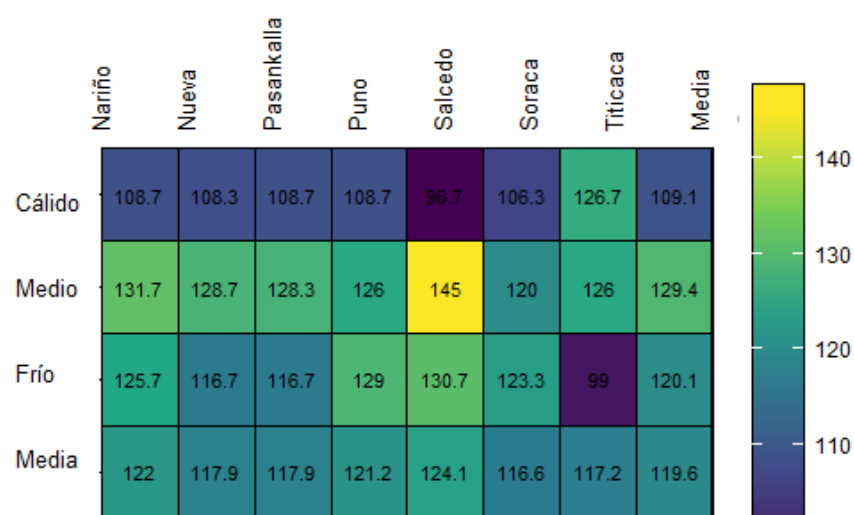


Figura 4: Desempeño de los siete cultivares en los ambientes para la variable Densidad estomática

Variable Producción en grano

Para el caso del rendimiento en cuanto a la producción en grano de los cultivares en los tres ambientes comparados, se puede observar que es el cultivar Soraca el que presenta la mayor cantidad de grano por unidad de área en ambiente frío superando los 200 gramos por planta. Por otra parte, los cultivares Puno y Salcedo muestran los niveles mas bajos de producción en los tres ambientes. Pasankalla presenta un amplio rango de variabilidad y además exhibe registros altos en ambiente frío. Por último, es el ambiente frío el que mayor promedio presenta en cuanto a producción en grano (figura 5).

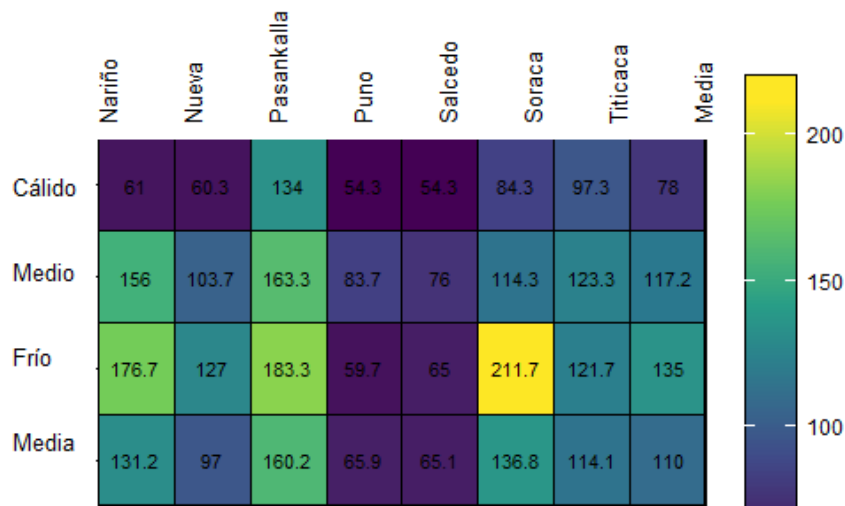


Figura 5: Desempeño de los siete cultivares en los ambientes para la variable Producción en grano

7.2. Implementación Modelos AMMI y BAMMI

7.2.1. Modelos AMMI

Inicialmente se realizó un análisis de varianza conjunto por grupos de experimentos y los resultados para los modelos AMMI frecuentista indicaron que los cultivares evaluados a través de las variables de contenido de proteína, área foliar, densidad estomática y producción de grano, presentaron una variabilidad significativa en diferentes ambientes. Se observaron diferencias estadísticamente significativas ($p - value < 0.01$) para el efecto de la interacción, según se indica en el Anexo 1. Estos resultados sugieren que el desempeño de los cultivares varía considerablemente en función del ambiente. Adicionalmente, se observa que los dos primeros componentes principales resultaron significativos en todos los modelos.

El modelo AMMI permitió proyectar la interacción cultivar-ambiente mediante el biplot y mostrar la estabilidad de algunos cultivares. A continuación, se presentan los modelos AMMI frecuentistas para las variables estudiadas.

AMMI - Contenido de Proteína. La Figura 6 (a), muestra la representación de la interacción cultivar ambiente por medio del Biplot (AMMI1) para la variable contenido de Proteína, en esta se puede ver que el primer componente explica el 90.3% de la variabilidad total. Además, se puede apreciar que los ambientes con las mayores contribuciones en esta dimensión son el ambiente cálido (1.016) de forma positiva y el ambiente frío (-0.77) de forma negativa. Asimismo, se puede ver que los cultivares Nariño y Soraca son los menos estables (alejados del origen) y altamente adaptados a ambiente frío.

Por otro lado, la figura 6 (b) permite apreciar que los cultivares Soraca, Nueva, Puno, Nariño y Salcedo se encuentran más alejados del origen, formando entre sí un polígono y siendo estos los más sensibles. Además, se dibujan líneas perpendiculares a cada lado de este polígono, lo que permite generar diferentes

sectores que muestran qué cultivar o qué cultivares interactúan mejor en un ambiente específico. En este sentido, se puede ver que en uno de estos sectores se encuentran los cultivares Titicaca y Salcedo, sin ningún ambiente de prueba, lo que nos lleva a interpretar que estos cultivares no aportan en la interacción cultivar-ambiente.

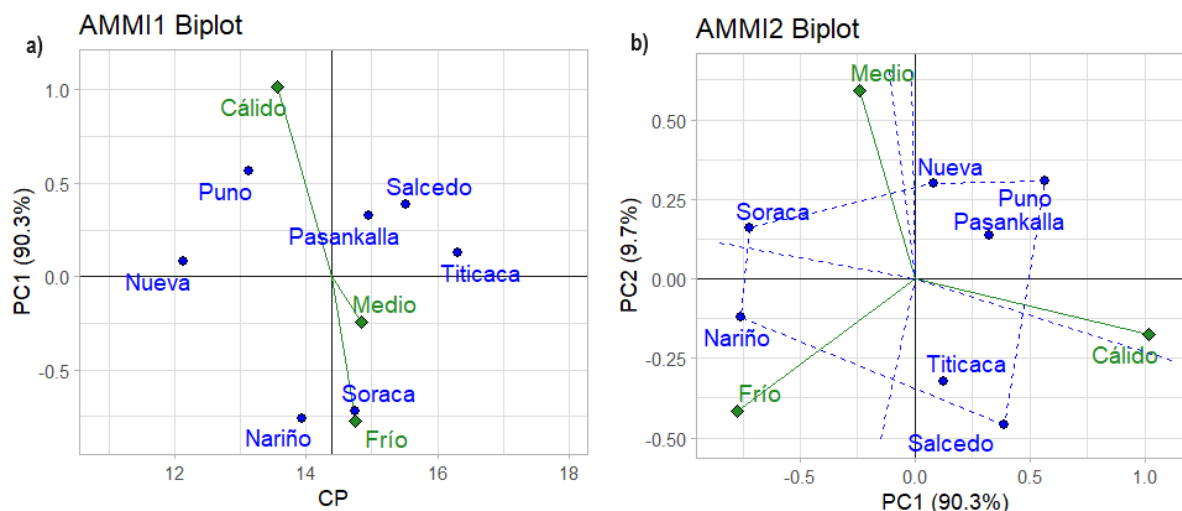


Figura 6: a) biplot AMMI1 primer eje del análisis de componentes principales en función de la variable Contenido de Proteína b) biplot AMMI2 representación del primer y segundo componente principal.

AMMI - Área Foliar. Para la variable área foliar, se analizó las interacciones respecto al rendimiento de cada cultivar en cada ambiente. El biplot para el modelo AMMI1 muestra que el primer componente principal explica el 73.8% de la varianza. En condiciones de ambiente frío, los cultivares Soraca y Nueva muestran un mejor rendimiento. Además, los cultivares Pasankalla y Soraca presentan los valores más altos para esta variable, ya que se encuentran ubicados más hacia la derecha en la figura 7 (a). Sumado a esto, otra regla utilizada es la siguiente: el rendimiento de un cultivar en un determinado ambiente es mayor que la media si el ángulo entre el vector cultivar y el vector ambiente es menor de 90° (AMMI 2), en ese sentido, se puede ver que en ambiente frío los cultivares Puno y Nariño presentan un rendimiento por debajo de la media en cuanto a la variable área foliar (figura 7 (b)).

AMMI - Densidad estomática. Respecto a la variable densidad estomática se evidencia que el primer componente principal en el modelo AMMI1, explica el 76.4% de la variabilidad y el segundo componente principal el 23.6%. De acuerdo con la figura 8 (a), se puede decir que es el cultivar Salcedo el que presenta el mayor número de estomas por unidad de área foliar al encontrarse ubicado en el extremo derecho. Por otro lado, el vector para el ambiente frío y cálido se encuentran en direcciones opuestas, es el cultivar Titicaca el que presenta una mejor adaptabilidad al ambiente cálido, mientras que Salcedo se comporta mejor en ambiente frío. En la figura 8 (b), se puede apreciar que los cultivares Salcedo, Pasankalla, Titicaca, Soraca y Puno, son los más alejados del origen, es decir que se consideran los más sensibles y los que aportan más en la interacción, además, son los cultivares Nariño y Nueva los más estables (ceranos al origen).

AMMI - Producción en grano. Con respecto a la producción de grano, se puede observar en el biplot del modelo AMMI1, el primer componente explica el 81.7% de la varianza. Asimismo, se puede ver que hay una interacción entre los cultivares Soraca y Nariño con el ambiente frío, mientras que los cultivares Puno y Salcedo tienen mayor interacción con el ambiente cálido. Por otro lado, el cultivar Pasankalla presenta una mejor producción de grano que los demás (Figura 9 (a)). De acuerdo con el biplot AMMI2 (Figura 9 (b)), se puede evidenciar que es el cultivar Nueva el más estable (cercano al origen).

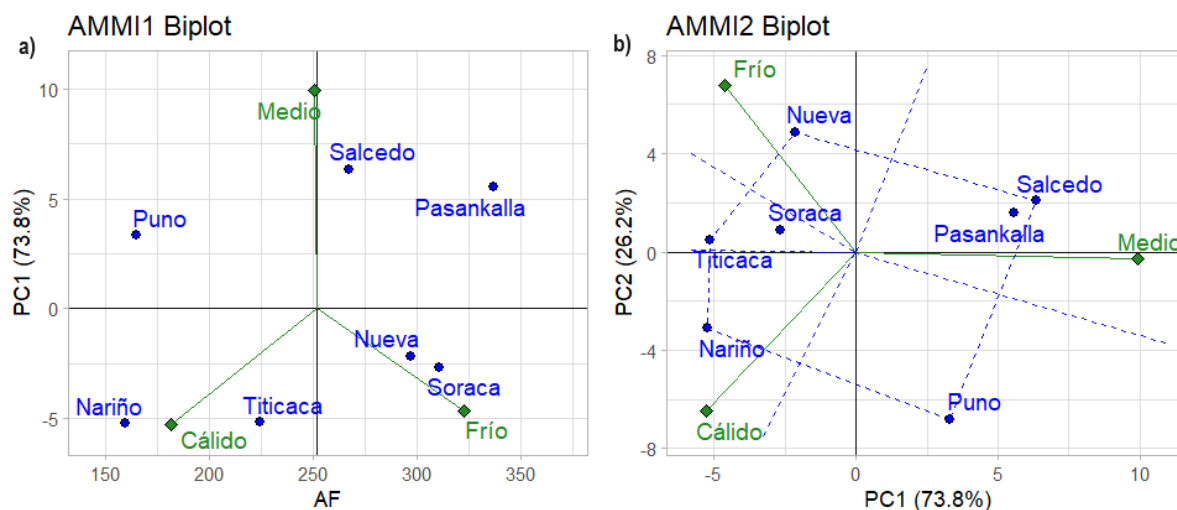


Figura 7: a) Biplot AMMI1 primer eje del análisis de componentes principales en función de la variable Área Foliar b) Biplot AMMI2 representación del primer y segundo componente principal.

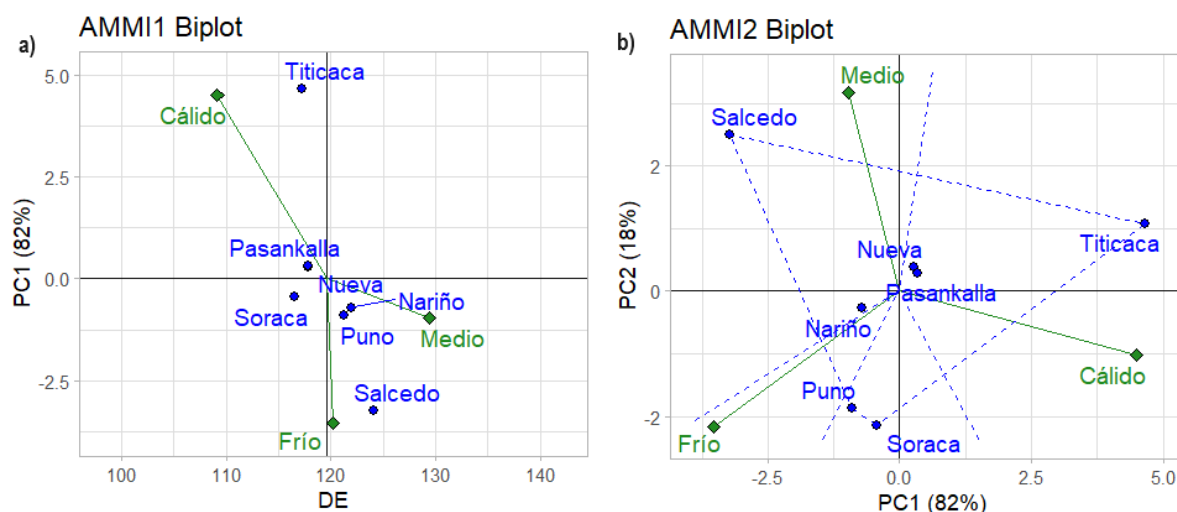


Figura 8: a) Biplot AMMI1 primer eje del análisis de componentes principales en función de la variable Densidad estomática b) Biplot AMMI2 representación del primer y segundo componente principal.

Promedio Ponderado de Puntajes Absolutos (WAAS)

De acuerdo con la metodología de análisis para los cuadrantes propuesta por Olivoto et al. (2019) para el análisis de cuadrantes, y al examinar el biplot presentado en la figura 10(a), se destaca que cultivares como Pasankalla, Salcedo y Titicaca exhiben una notable productividad y adaptación extensa, evidenciada por el alto contenido de proteína, situándose en el cuadrante IV. En contraste, los cultivares Nariño y Puno se caracterizan por su inestabilidad y productividad por debajo de la media (cuadrante I).

En relación con la variable de área foliar, cuyo biplot se presenta en la figura 10(b), se aprecia que los cultivares Puno y Nariño son considerados estables y con baja productividad (cuadrante III). Por otro lado, Salcedo y Pasankalla exhiben valores elevados en el área foliar, pero se catalogan como inestables debido a los valores altos del estadístico WAAS. En la representación de densidad estomática vs WAAS, ilustrada en la figura 10(c), se observa que el cultivar Salcedo se distingue por su inestabilidad, a pesar

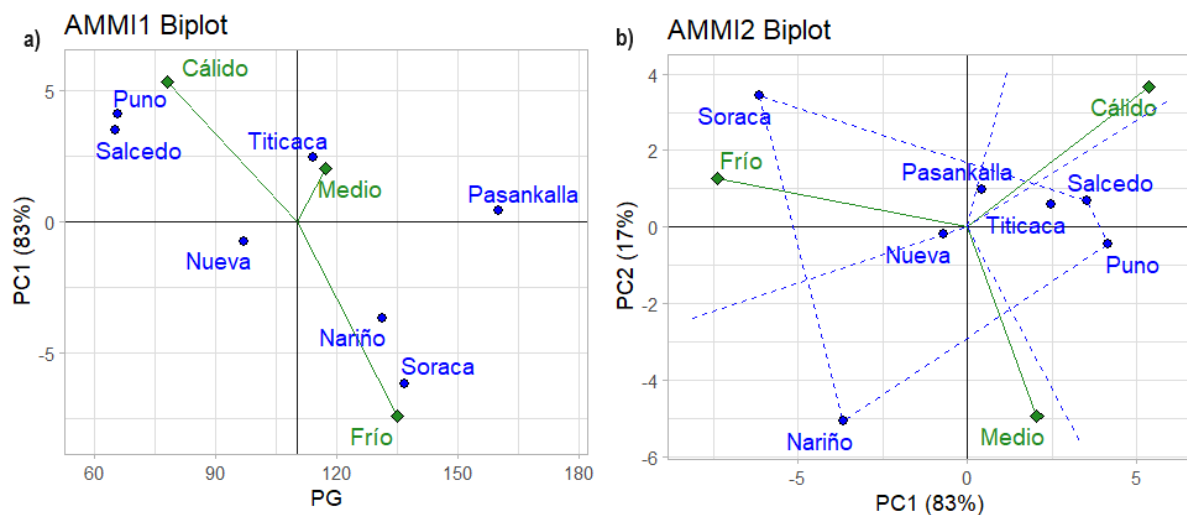


Figura 9: a) Biplot AMMI1 primer eje del análisis de componentes principales en función de la variable Producción en grano b) Biplot AMMI2 representación del primer y segundo componente principal.

de mostrar una productividad superior a la media. En el análisis de la producción de grano en relación con el índice WAAS, se destaca que los cultivares Titicaca y Pasankalla se posicionan como cultivares estables y altamente productivos al ubicarse en el cuadrante IV (figura 10(d)). En contraste, Salcedo, Titicaca y Nueva son clasificados como cultivares inestables, mostrando niveles de producción de grano por debajo del promedio en el cuadrante III.

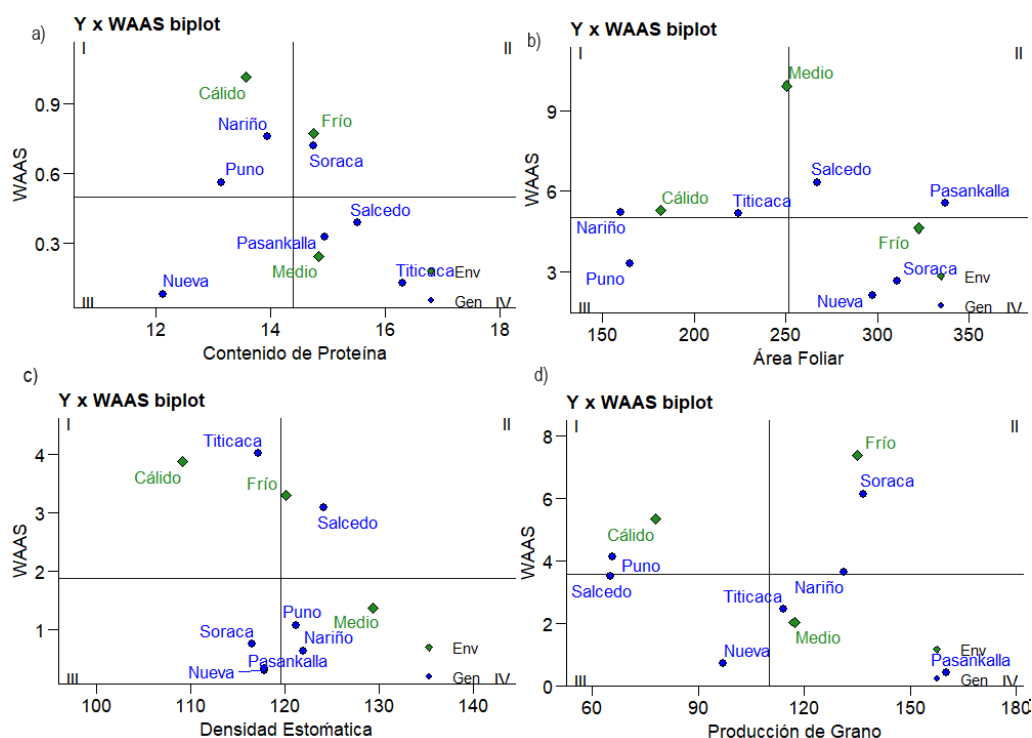


Figura 10: Promedio ponderado de puntajes absolutos (WAAS), de las variables: (a) Contenido de Proteína, (b) Área Foliar, (c) Densidad estomática, (d) Producción de grano

7.2.2. Modelos BAMMI

En este estudio, se optó por distribuciones previas no informativas. La elección fue establecer el valor cero como distribución previa para la media en todos los efectos de los cultivares y los ambientes, a la par que se asignaron valores de 0.5 para las varianzas, es decir, $\mu_\beta = 0$, $\mu_\delta = 0$, y $\mu_{\lambda_k} = 0$, y las varianzas $\sigma_\beta^2 = 0.5$, $\sigma_\delta^2 = 0.5$ y $\sigma_{\lambda_k}^2 = 0.5$. Estas elecciones de distribuciones previas son consistentes con las adoptadas por diversos autores, tales como Crossa et al. (2011), Bernardo Junior et al. (2018), Oliveira et al. (2018), entre otros.

Para la aplicación del modelo AMMI desde el enfoque Bayesiano se generaron cadenas de Markov con 100.000 iteraciones, descartando las primeras 1000 y adelgazando cada 10, dejando un total de 9900 observaciones para el proceso de muestreo. Los criterios de Raftery y Lewis (1992) y Heidelberger y Welch (1983) indicaron buenas propiedades de convergencia para todas las cadenas generadas en cada uno de los modelos realizados, además todos los parámetros de los modelo tuvieron un factor de dependencia inferior a 5. En el anexo 2, se muestran el gráfico de la traza para los efectos de los cultivares con respecto a los modelos BAMMI, los cuales corroboran los resultados de los criterios utilizados para el seguimiento del comportamiento de la convergencia.

Los tamaños efectivos de muestra y los errores estándar de Monte Carlo para los valores singulares y los componentes de varianza se presentan en la Tabla 3. Estos resultados evidencian de manera clara que las muestras recopiladas para cada parámetro son lo suficientemente robustas, permitiendo realizar inferencias con confianza y asegurando la convergencia efectiva de las cadenas.

		λ_1	λ_2	σ_g	σ_e
Contenido de Proteína	NEFF	8129	10000	4537	9276
	EE-MC	0.006	0.003	0.051	0.001
Área Foliar	NEFF	8325	9298	6953	8347
	EE-MC	0.460	0.316	0.129	0.834
Producción en grano	NEFF	9008	9441	4987	8916
	EE-MC	0.197	0.155	0.241	0.253
Densidad estomática	NEFF	8308	9189	5682	9154
	EE-MC	0.256	0.263	0.096	0.427

NEFF: tamaño efectivo de muestra, EE-MC: error estándar de Monte Carlo

Tabla 3: Tamaño efectiva de muestra y error estándar de Monte Carlos para los valores singulares y los componentes de varianza genotípica (σ_g) y residual (σ_e) de los modelo BAMMI

En la tabla 4, se presentan estimaciones puntuales y de intervalo relacionadas con valores singulares para los modelo BAMMI con dos componentes principales. Por otra parte, en la tabla 5 se aprecian las medias posteriores para los componentes de varianza y los intervalos de credibilidad.

	Valor singular	Media	Desviación estándar	LI	LS
Contenido de Proteína	λ_1	114.17	41.78	23.39	1891.28
	λ_2	50.87	30.52	0.002	103.88
Área Foliar	λ_1	114.17	41.78	23.39	191.28
	λ_2	50.87	30.52	0.002	103.88
Producción en grano	λ_1	78.05	17.68	42.50	112.07
	λ_2	28.16	15.45	0.001	54.73
Densidad estomática	λ_1	60.95	28.26	0.049	105.261
	λ_2	23.02	16.49	0.001	53.79

Intervalos HPD del 95 % (LI: límite inferior, LS: límite superior)

Tabla 4: Medias posteriores de los valores singulares de los modelos BAMMI

	Parámetro	Media	Desviación estándar	LI	LS
Contenido de Proteína	σ_g	6891.86	6992.45	868.78	117552.26
	σ_e	3278.29	831.75	1853.16	4930.22
Área Foliar	σ_g	6891.86	6992.45	868.78	17552.26
	σ_e	3278.29	831.75	1853.16	4930.22
Producción en grano	σ_g	1973.22	2060.57	292.06	4985.77
	σ_e	731.67	184.35	420.02	1098.33
Densidad estomática	σ_g	1838.62	1954.78	187.61	4795.29
	σ_e	1462.92	330.37	891.18	2127.05

Intervalos HPD del 95 % (LI: límite inferior, LS: límite superior)

Tabla 5: Medias posteriores componentes de varianza genotípica (σ_g) y residual (σ_e) de los modelos BAMMI

BAMMI - Contenido de Proteína

En la figura 11, se muestran las medias junto con regiones de credibilidad con una probabilidad del 95 % para el efecto principal de las siete líneas de cultivares. Las medias se clasifican de izquierda a derecha y las intersecciones entre los intervalos indican efectos similares entre los respectivos cultivares. A partir de los intervalos de credibilidad obtenidos por el modelo es posible inferir que el cultivar Pasankalla es el único que presenta efectos significativamente mayores que cero. Por otra parte, es el cultivar Salcedo y Puno aquellos que presentan un efecto negativo.

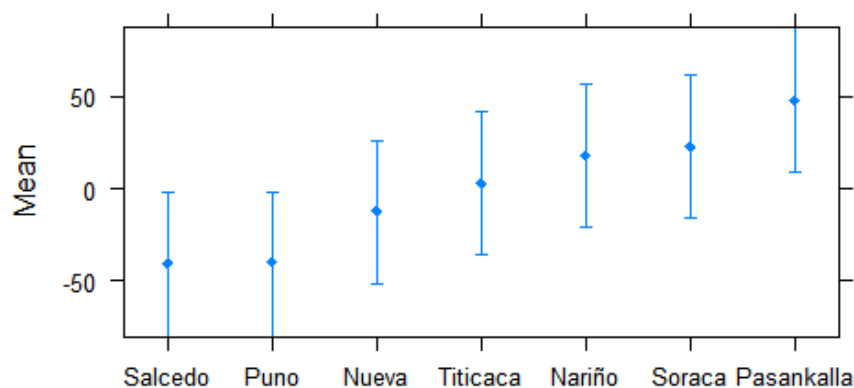


Figura 11: Regiones de credibilidad HPD al 95 % para el efecto principal de los cultivares, modelo BAMMI Contenido de Proteína

Como es necesario realizar una evaluación en cuanto a estabilidad y adaptabilidad, a continuación se presenta el biplot de las estimaciones posteriores (figura 12). Este análisis revela que las dos primeras componentes principales explican el 100 % de la variabilidad total. Las regiones bivariadas se construyeron con un nivel de credibilidad del 95 %. Se observa que el cultivar Pasankalla tiene un efecto de interacción con el ambiente medio. Además, es el cultivar Nueva el que mejor comportamiento tiene en ambiente cálido.

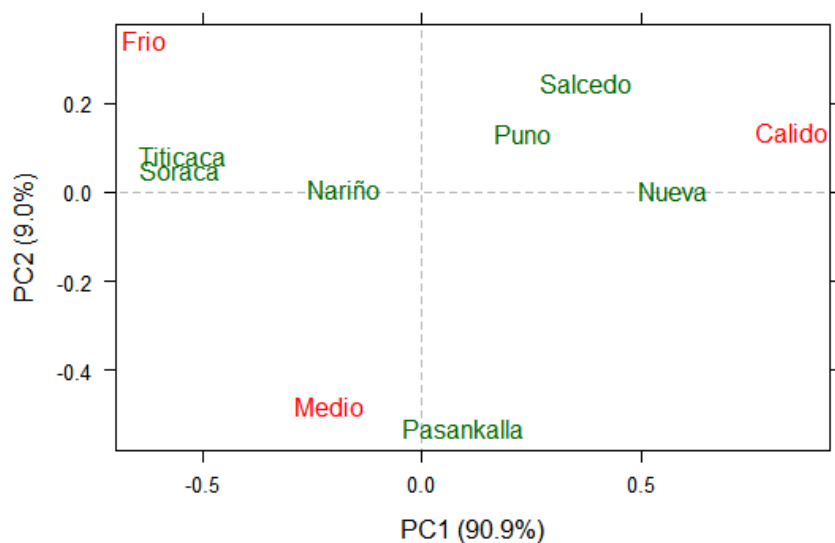


Figura 12: Biplot modelo BAMMI Contenido de Proteína

BAMMI - Área Foliar

Los intervalos de credibilidad obtenidos a través del modelo para área foliar permiten concluir que solamente el cultivar Pasankalla presenta efectos significativos mayores que cero. En contraste, los cultivares Nariño y Puno muestran un efecto negativo.

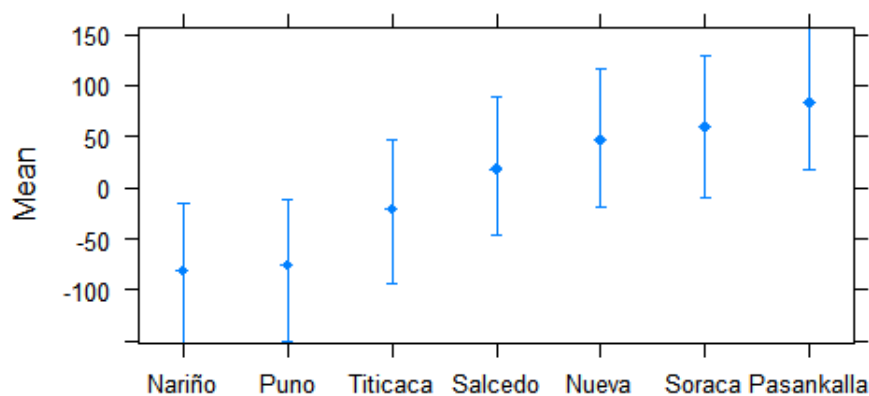


Figura 13: Regiones de credibilidad HPD al 95 % para el efecto principal de los cultivares, modelo BAMMI Área Foliar

Se presenta el biplot de las estimaciones posteriores (figura 14). Este análisis revela que la primera componente principal explica el 83.2 % de la variabilidad total. Se observa que el cultivar Nariño presenta un efecto de interacción con el ambiente cálido. Por otra parte, el cultivar Titicaca muestra el mejor comportamiento en ambiente frío. Además, se puede observar que el cultivar Nueva y Soraca son cultivares estables, ya que se encuentran cerca del centro.

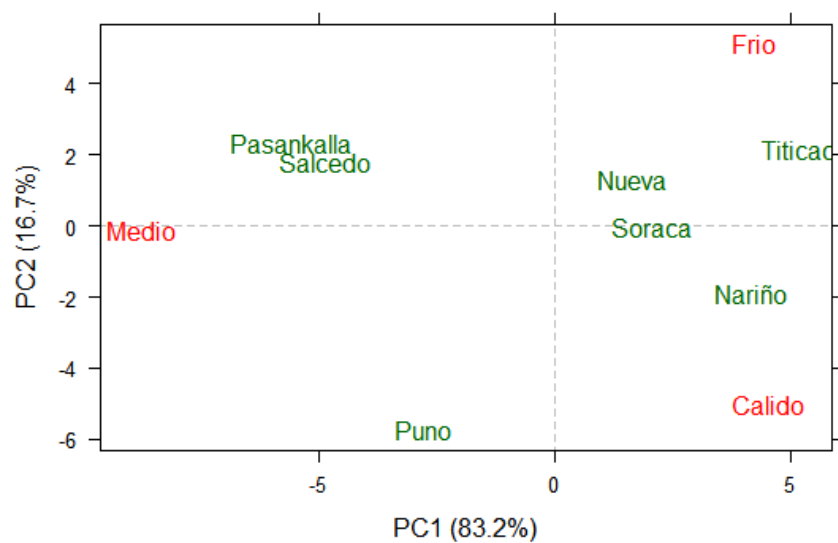


Figura 14: Biplot modelo BAMMI Área Foliar

BAMMI - Producción en grano

A continuación, se muestran las medias junto con regiones de credibilidad con una probabilidad del 95 % para el efecto principal de las siete líneas de cultivares para el modelo BAMMI Producción en grano. Se puede inferir, gracias a los intervalos de credibilidad obtenidos por el modelo, que únicamente el cultivar Pasankalla muestra efectos significativamente mayores que cero. En cambio, se observa un efecto negativo en los cultivares Salcedo y Puno.

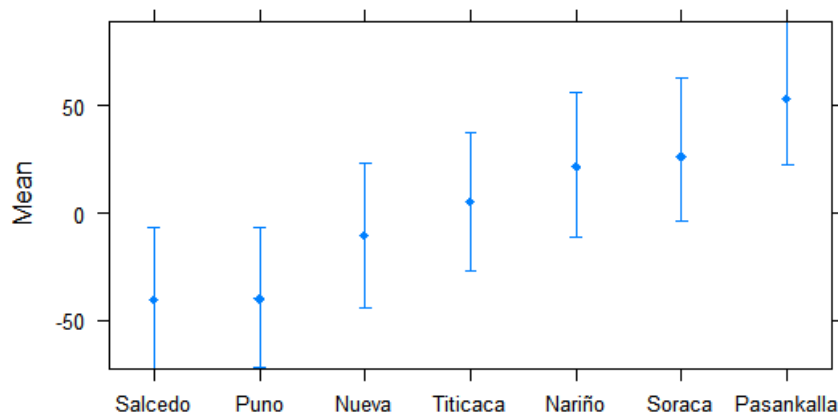


Figura 15: Regiones de credibilidad HPD al 95 % para el efecto principal de los cultivares, modelo BAMMI Producción en grano

El biplot para el modelo BAMMI Producción en grano, muestra que la primera componente principal explica el 88.8 % de la variabilidad total. Además, se observa que el cultivar Soraca tiene un efecto de interacción con el ambiente frío. Además, es el cultivar Puno el que mejor comportamiento tiene en ambiente cálido.

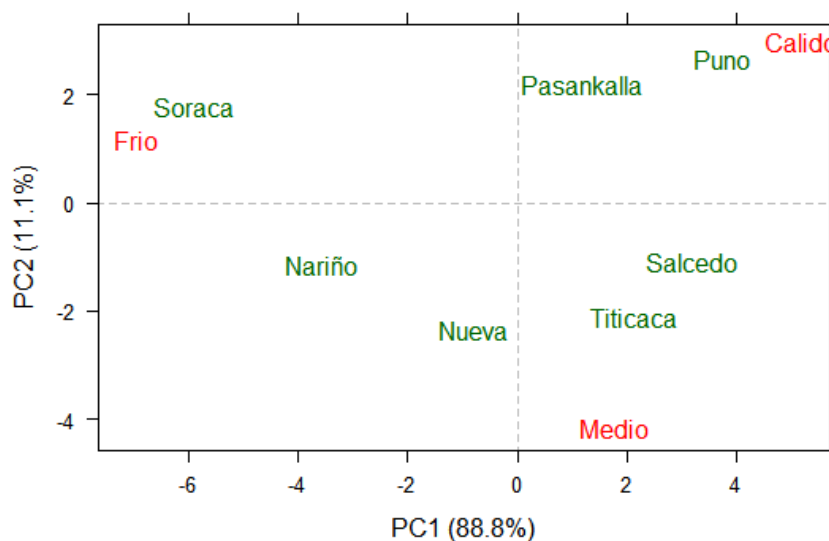


Figura 16: Biplot modelo BAMMI Producción en grano

BAMMI - Densidad estomática

A continuación se muestran las medias, junto con las regiones de credibilidad con una probabilidad del 95 %, para el efecto principal de las siete líneas de cultivares del modelo BAMMI densidad estomática. A través de los intervalos de credibilidad obtenidos por el modelo, se puede concluir que únicamente el cultivar Nariño muestra efectos significativamente mayores que cero. Por otro lado, se observa un efecto negativo en los cultivares Titicaca y Soraca.

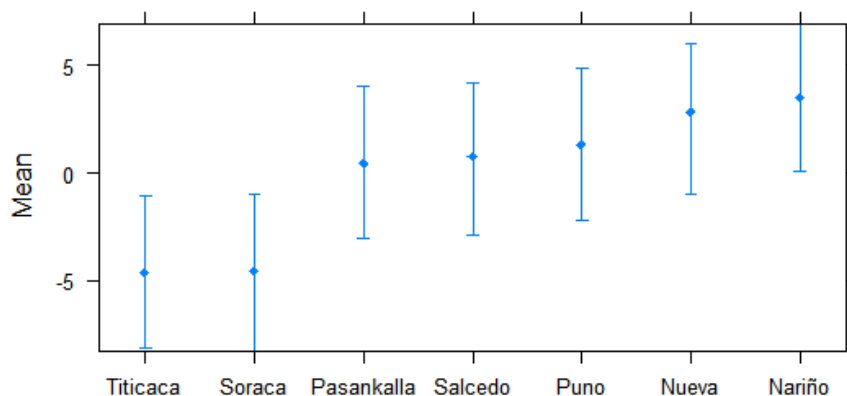


Figura 17: Regiones de credibilidad HPD al 95 % para el efecto principal de los cultivares, modelo BAMMI Densidad estomática

A continuación, se muestra el biplot de las estimaciones posteriores (Figura 18). De acuerdo a este análisis, se puede inferir que la primera componente principal explica el 67.5 % de la variabilidad total. En el biplot, se puede observar que los cultivares Pasankalla y Nariño presentan mayor estabilidad, ya que se encuentran cercanos al valor cero.

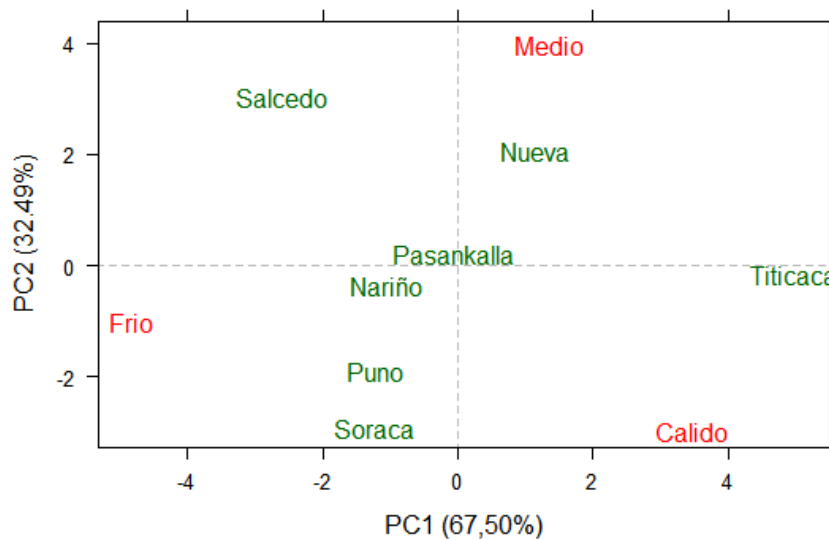


Figura 18: Biplot modelo BAMMI Densidad estomática

7.3. Comparación de modelos

Análisis de sensibilidad

El análisis de sensibilidad emerge como una herramienta esencial en la investigación y el modelado estadístico, desempeñando un papel fundamental en la evaluación de la robustez de los resultados. Su propósito central radica en examinar cómo las variaciones en los hiperparámetros afectan las conclusiones obtenidas.

En este estudio, se lleva a cabo un análisis de sensibilidad que considera la variabilidad de los hiperparámetros σ_β^2 , σ_δ^2 y σ_λ^2 en el modelo BAMMI. A continuación, se presentan detalladamente los resultados de las medidas de precisión predictiva para los tres escenarios propuestos en cada uno de los modelos, donde los valores más bajos de DIC y WAIC indican una mayor precisión predictiva.

Los resultados indican que los valores del WAIC y del DIC son bastante cercanos en los tres escenarios. La similitud en los resultados de las medidas de precisión predictiva sugiere que las variaciones en los valores de la varianza del error, el entorno y el cultivar no afectan significativamente el rendimiento del modelo. Este hallazgo respalda la solidez del modelo ante la variabilidad de dichos parámetros, indicando una capacidad constante para realizar predicciones precisas, independientemente de las condiciones específicas de varianza consideradas.

Escenario	Hiperparámetros	WAIC	DIC
1	$\sigma_\beta^2 = 0.5$, $\sigma_\delta^2 = 0.5$ y $\sigma_\lambda^2 = 0.5$	17109.20	30170.45
2	$\sigma_\beta^2 = 1$, $\sigma_\delta^2 = 1$ y $\sigma_\lambda^2 = 1$	17074.27	30042.29
3	$\sigma_\beta^2 = 1.5$, $\sigma_\delta^2 = 1.5$ y $\sigma_\lambda^2 = 1.5$	17075.44	30100.05

Tabla 6: Medidas de precisión predictiva DIC y WAIC. BAMMI Área foliar

Escenario	Hiperpárametros	WAIC	DIC
1	$\sigma_\beta^2 = 0.5, \sigma_\delta^2 = 0.5$ y $\sigma_\lambda^2 = 0.5$	-240.15	14000.01
2	$\sigma_\beta^2 = 1, \sigma_\delta^2 = 1$ y $\sigma_\lambda^2 = 1$	-241.15	13999.92
3	$\sigma_\beta^2 = 1.5, \sigma_\delta^2 = 1.5$ y $\sigma_\lambda^2 = 1.5$	-242.16	13999.98

Tabla 7: Medidas de precisión predictiva DIC y WAIC. BAMMI Contenido de Proteína

Escenario	Hiperpárametros	WAIC	DIC
1	$\sigma_\beta^2 = 0.5, \sigma_\delta^2 = 0.5$ y $\sigma_\lambda^2 = 0.5$	4338.12	13809.30
2	$\sigma_\beta^2 = 1, \sigma_\delta^2 = 1$ y $\sigma_\lambda^2 = 1$	4331.63	13912.16
3	$\sigma_\beta^2 = 1.5, \sigma_\delta^2 = 1.5$ y $\sigma_\lambda^2 = 1.5$	4327.68	14030.63

Tabla 8: Medidas de precisión predictiva DIC y WAIC. BAMMI Producción en grano

Escenario	Hiperpárametros	WAIC	DIC
1	$\sigma_\beta^2 = 0.5, \sigma_\delta^2 = 0.5$ y $\sigma_\lambda^2 = 0.5$	8356.46	15648.74
2	$\sigma_\beta^2 = 1, \sigma_\delta^2 = 1$ y $\sigma_\lambda^2 = 1$	8389.17	15659.23
3	$\sigma_\beta^2 = 1.5, \sigma_\delta^2 = 1.5$ y $\sigma_\lambda^2 = 1.5$	8398.62	15687.92

Tabla 9: Medidas de precisión predictiva DIC y WAIC. BAMMI Densidad estomática

Evaluación predictiva de modelos - Frecuentista vs Bayesiano

Con el objetivo de evaluar la capacidad predictiva de los modelos, se implementó un proceso de desequilibrio en los datos mediante la introducción de pérdidas aleatorias de cultivares en un 30 % y 50 % del conjunto de datos dentro de cada entorno. Las tablas 10 y 11 presentan los resultados del análisis predictivo aplicado a los modelos AMMI y BAMMI, respectivamente (70/30 y 50/50, datos de entrenamiento y de prueba). Los resultados demuestran que la precisión predictiva entre los modelos difirió.

Basado en la información proporcionada en las siguientes tablas, el modelo BAMMI muestra un desempeño superior en comparación con el modelo AMMI en términos de las métricas COR, PRESS y MAE. Un valor más alto de COR sugiere una mejor capacidad del modelo para capturar la relación entre las variables y los datos observados. Mientras un valor más pequeño de PRESS y MAE indica un mejor ajuste del modelo a los datos observados, lo que implica una menor cantidad de error en las predicciones del modelo.

	AMMI			BAMMI		
	COR	PRESS	MAE	COR	PRESS	MAE
Área Foliar	0.88	61.7	35.70	0.90	44.36	34.32
Producción en grano	0.87	34.8	16.43	0.92	20.66	17.28
Densidad estomatica	0.81	8.35	5.44	0.98	2.78	4.56
Contenido de Proteína	0.95	0.84	0.61	0.93	0.57	0.47

Tabla 10: Correlación media de Pearson (Cor), PRESS y MAE para modelos AMMI y BAMMI (70/30)

	AMMI			BAMMI		
	COR	PRESS	MAE	COR	PRESS	MAE
Área Foliar	0.90	62.65	33.38	0.92	32.64	27.28
Producción en grano	0.89	92.13	15.64	0.91	28.79	14.46
Densidad estomatica	0.73	8.35	13.86	0.86	5.84	11.58
Contenido de Proteína	0.96	3.16	0.31	0.94	2.84	0.27

Tabla 11: Correlación media de Pearson (Cor), PRESS y MAE para modelos AMMI y BAMMI (50/50)

8. Conclusiones

- El cultivar Pasankalla presenta efectos positivos con los ambientes para las variables área foliar, contenido de proteína y producción en grano, siendo clasificado como estable y recomendado con amplia adaptación a diferentes ambientes. Por otro lado, el cultivo Puno muestra efectos negativos en tres de las variables analizadas: contenido de proteína, producción de granos y área foliar.
- Los criterios Cor, PRESS y MAE, mostraron que los modelos AMMI en su versión Bayesiana tuvieron cierta superioridad con respecto al frecuentista en términos de capacidad predictiva, es decir que la metodología BAMMI se destaca por tener mayor precisión en el proceso de inferencia, aunque requiere más tiempo y recursos computacionales en comparación con los métodos convencionales, es importante resaltar que los avances en el ámbito computacional han permitido mitigar estas dificultades.
- El análisis estadístico mediante modelos AMMI y BAMMI brinda herramientas para la toma de decisiones acercada para los agricultores e investigadores de quinua en el departamento de Boyacá, a fin de identificar el cultivar que presenta los mejores atributos en torno al área foliar específica, el rendimiento en grano, densidad estomática y contenido de proteína, como variables decisivas al momento de implementar un cultivar, con fines comerciales.

9. Trabajos Futuros

- Extender el estudio a un rango más amplio de ubicaciones geográficas y períodos de tiempo para evaluar cómo los cultivares de quinua se desempeñan en una variedad de condiciones edafoclimáticas. Esto permitirá una evaluación más completa de su adaptabilidad y estabilidad en diferentes contextos.
- Refinar y mejorar la metodología utilizada para la evaluación de adaptabilidad y estabilidad, considerando posibles ajustes en el modelo AMMI Bayesiano.

Anexo 1.ANOVA Modelo AMMI Frecuentista

	GL	SC	MC	Valor F	Pr(F)
Ambiente	2	21,136	10,568	13,233	0,006**
Rep(amb)	6	4,791	0,799	1,557	0,188
Cultivar	6	110,415	18,403	35,884	0,000**
Amb:Cult	12	9,480	0,790	1,540	0,015**
PC1	7	25,670	3,667	7,150	0,000**
PC2	5	2,770	0,554	1,080	0,388
Residuales	36	18,462	0,513		
Total	74	192,724	2,604		
** Diferencias significativas ($P \leq 0,01$)					

Tabla 6: Análisis de varianza conjunta (Contenido de Protefna)

	GL	SC	MC	Valor F	Pr(F)
Ambiente	2	3992	1996	96.80	0.0001**
Rep(amb)	6	123.71	20.62	0.46	0.8309
Cultivar	6	483.87	20.62	1.81	0.1245
Amb:Cult	12	1960.8	163.41	3.66	0.0012**
PC1	7	4494.44	642.06	14.42	0.0001**
PC2	5	1388.21	277.63	3.24	0.0001**
Residuales	36	1602.95	44.52		
Total	74	14043.09	189.81		
** Diferencias significativas ($P \leq 0,01$)					

Tabla 7: Análisis de varianza conjunta (Densidad estomática)

	GL	SC	MC	Valor F	Pr(>F)
Ambiente	2	32770.67	16385.33	24.303	0.0000**
Rep(amb)	6	10961.33	1826.88	2.709	0.0282
Cultivar	6	75563.71	12593.95	18.68	0.0001**
Amb:Cult	12	28643.33	2386.94	3.540	0.0015**
PC1	7	70165.32	10023.61	14.87	0.0001**
PC2	5	15764.68	3152.93	4.68	0.0001**
Residuales	36	24270.67	674.18		
Total	74	258139	3488.37		
** Diferencias significativas ($P \leq 0,01$)					

Tabla 8: Análisis de varianza conjunta (Producción de grano)

	GL	SC	MC	Valor F	Pr(F)
Ambiente	2	207938.88	103969.44	104.98	0.0001 **
Rep(amb)	6	5942.09	990.34	0.33	0.9121
Cultivar	6	269080.44	44846.74	15.30	0.0001**
Amb:Cult	12	88748.88	7395.74	2.52	0.0104**
PC1	7	196511.26	28073.03	9.58	0.0001**
PC2	5	69735.40	13947.08	4.76	0.0001**
Residuales	36	105469.23	2929.70		
Total	74	943426.22	12749		
** Diferencias significativas ($P \leq 0,01$)					

Tabla 9: Análisis de varianza conjunta (Área Foliar)

Anexo 2. Trazas de las cadenas generadas por la posterior de los efectos cultivares modelo BAMMI.

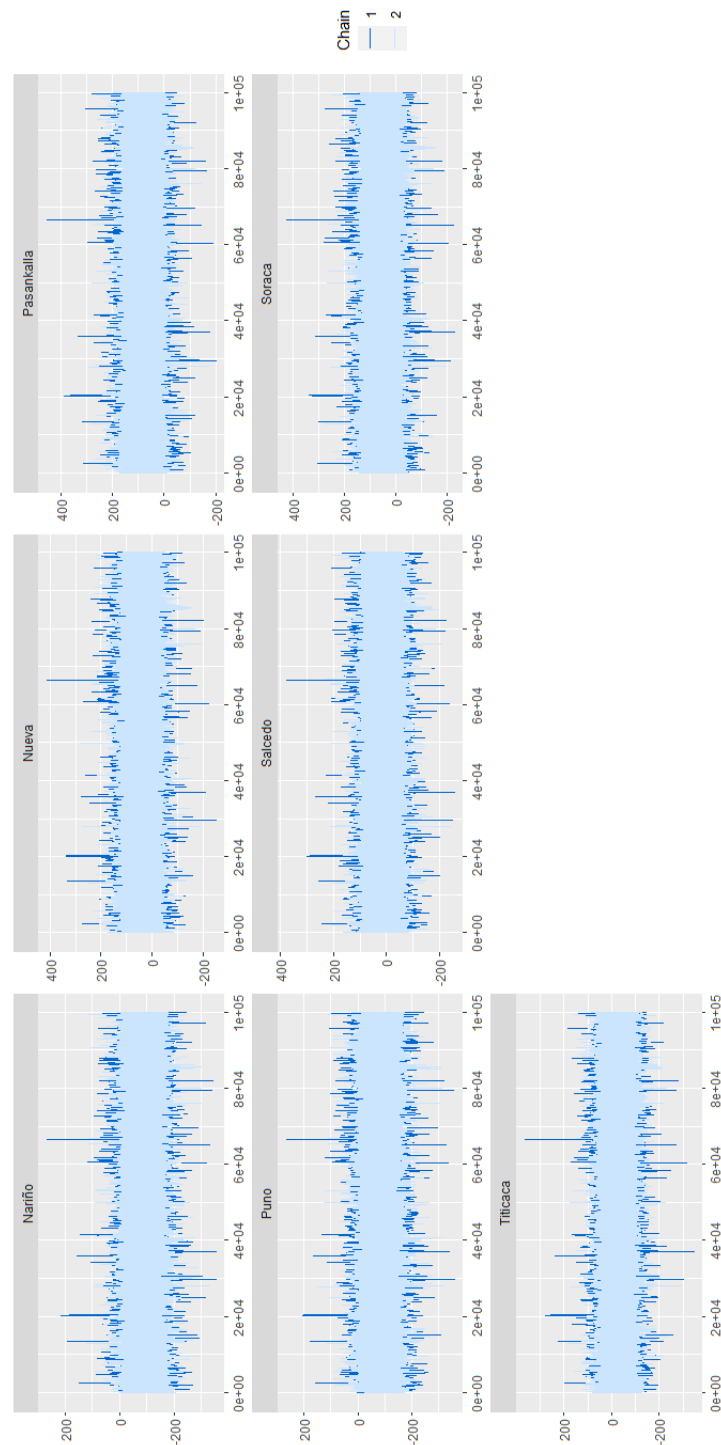


Figura 19: Trazas de las cadenas generadas por la posterior de los efectos cultivares, modelo BAMMI Área Foliar

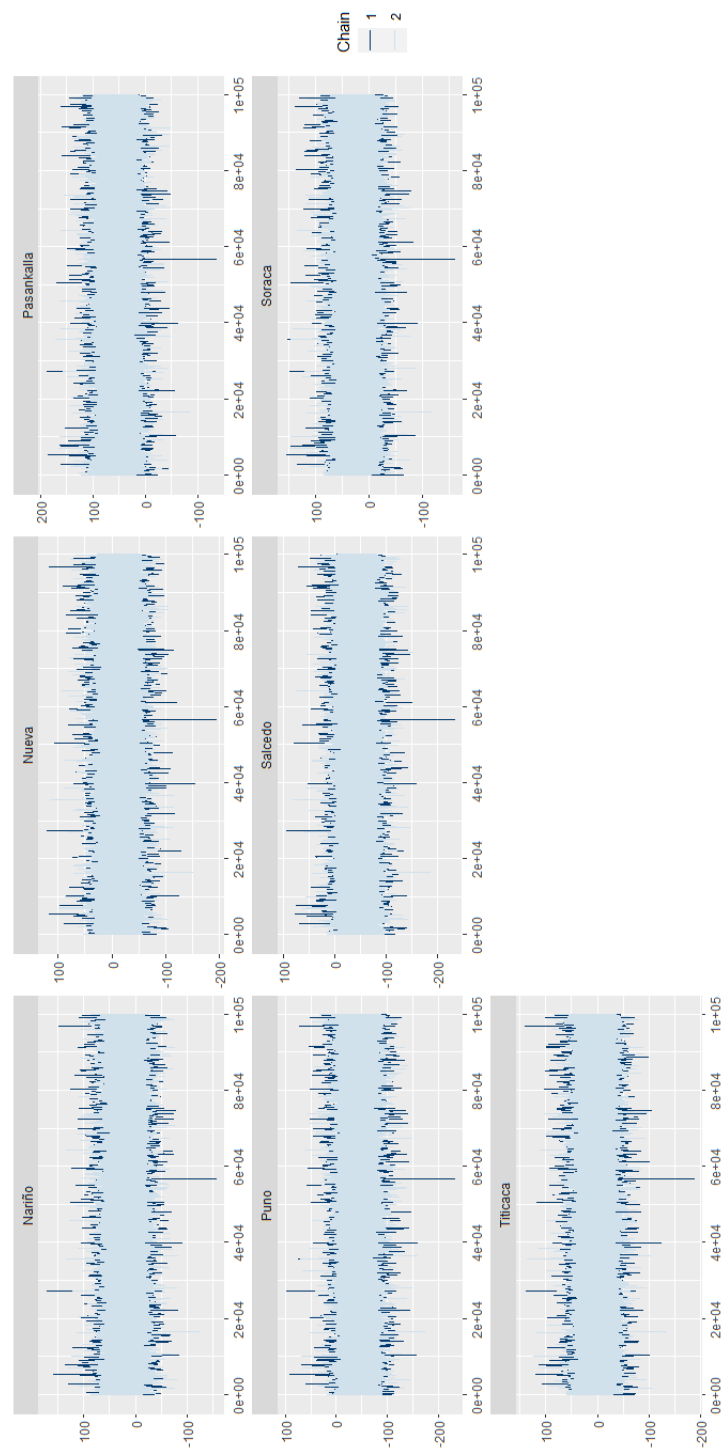


Figura 20: Trazas de las cadenas generadas por la posterior de los efectos cultivares, modelo BAMMI Producción en grano

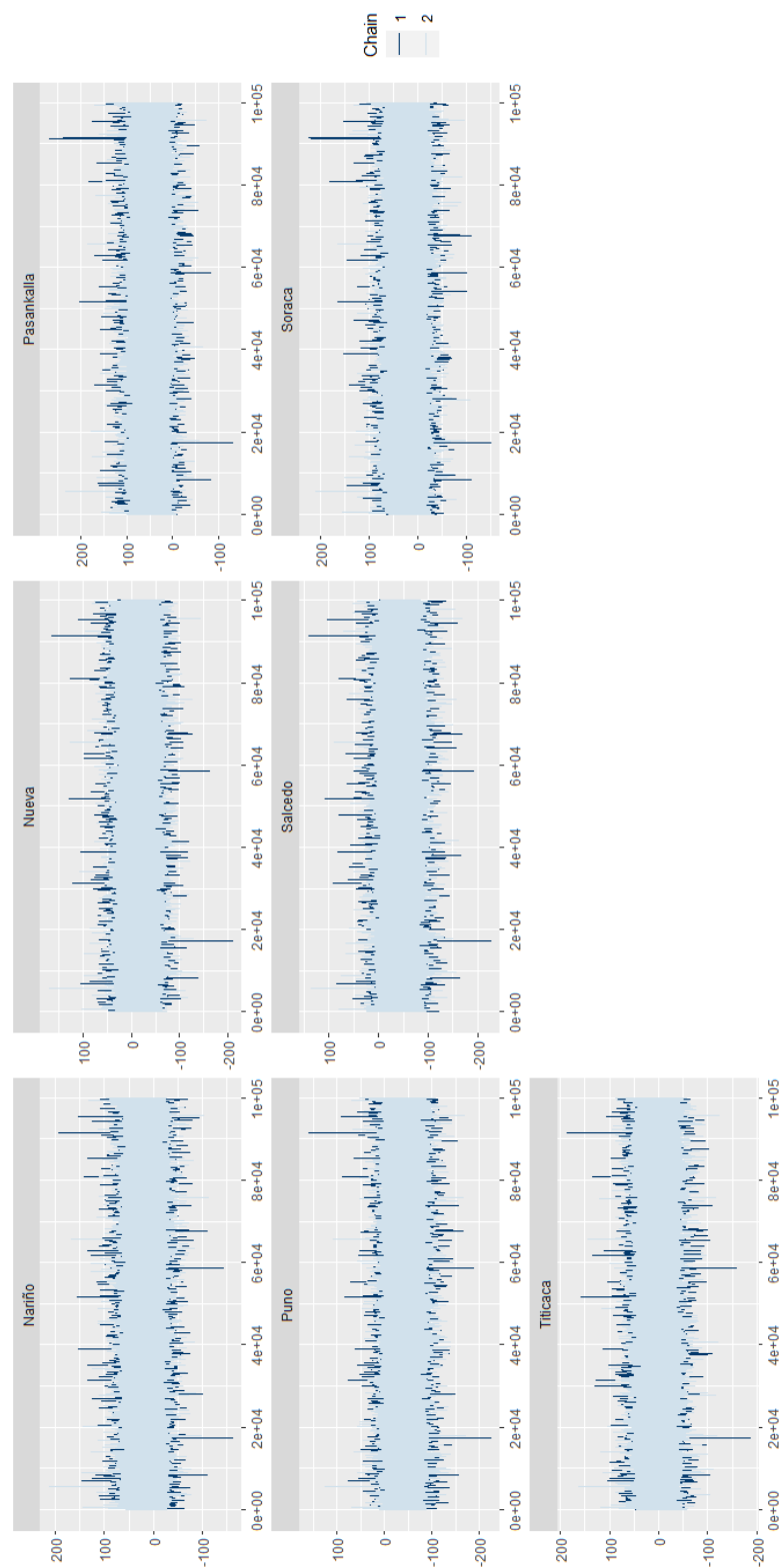


Figura 21: Trazas de las cadenas generadas por la posterior de los efectos cultivares, modelo BAMMI Densidad estomática

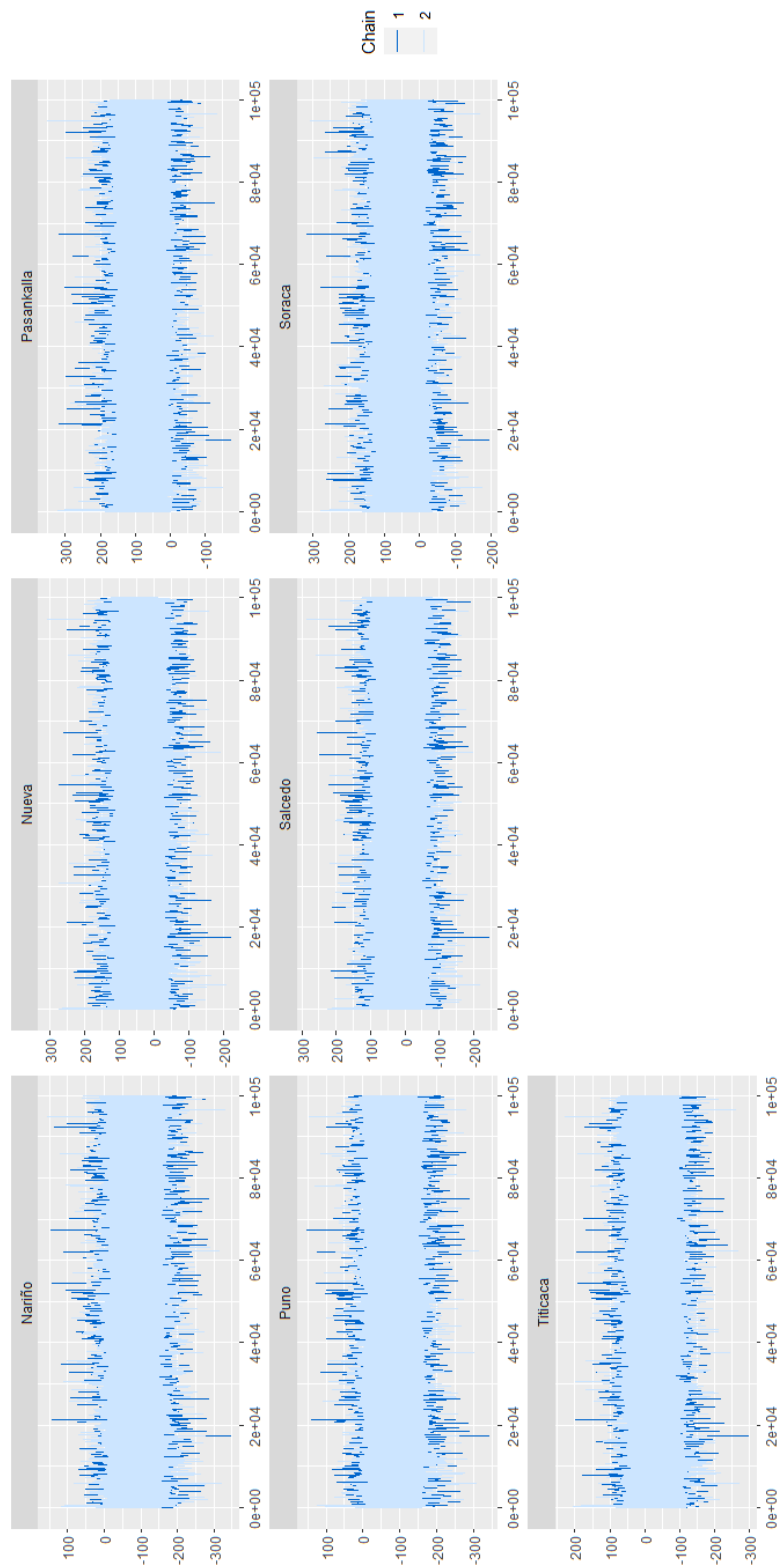


Figura 22: Trazas de las cadenas generadas por la posterior de los efectos cultivares, modelo BAMMI Contenido de Proteína

Referencias

- Ajay, B., Bera, S., Singh, A., Kumar, N., Gangadhar, K., and Kona, P. (2020). Evaluation of genotype $\times$ environment interaction and yield stability analysis in peanut under phosphorus stress condition using stability parameters of ammi model. *Agricultural Research*, 9(4):477–486.
- Alandia, G., Rodriguez, J., Jacobsen, S.-E., Bazile, D., and Condori, B. (2019). Un nuevo escenario para la producción de quinua: Desafíos para la región andina. In *Libro de Resúmenes. VII Congreso Mundial de la Quinua y otros granos Andinos. Ministerio de Agricultura, INDAP, Pontificia Universidad Católica de Chile, ODEPA (eds), Santiago de Chile*, volume 168.
- Ali, M., Elsadek, A., and Salem, E. (2018). Stability parameters and ammi analysis of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Egyptian Journal of Agronomy*, 40(1):59–74.
- Bayomi, K., El-Hashash, E. F., Ghura, N. S., and El-Absy, K. M. (2022). Genotype by environment interaction effects on the crop of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) using multivariate analysis. *Asian Journal of Research in Crop Science*, 7(4):135–149.
- Bazile, D., Martínez, E. A., and Fuentes, F. (2014). Diversity of quinoa in a biogeographical island: A review of constraints and potential from arid to temperate regions of Chile. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 42(2):289–298.
- Bernardo Júnior, L. A. Y., Von Pinho, R. G., da Silva, C. P., Vieira Júnior, I. C., de Oliveira, L. A., and Silva, E. V. V. (2021). Ammi-bayesian models and use of credible regions in the study of combining ability in maize. *Euphytica*, 217(8):1–19.
- Chito Trujillo, D. M., Ortega Bonilla, R. A., Ahumada Mamián, A. F., and Rosero López, B. (2017). Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) versus soja (*Glycine max* [L.] Merr.) en la nutrición humana: revisión sobre las características agroecológicas, de composición y tecnológicas. *Revista Española de Nutrición Humana y Dietética*, 21(2):184–198.
- Coronado, A. C. M., Hernández, E. H. M., Coronado, Y. M., and Mendoza, L. A. G. (2021). *Una mirada al cultivo de la quinua en el departamento de Boyacá*, volume 195. Editorial de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia-UPTC.
- Crossa, J., Perez-Elizalde, S., Jarquin, D., Cotes, J. M., Viele, K., Liu, G., and Cornelius, P. L. (2011). Bayesian estimation of the additive main effects and multiplicative interaction model. *Crop Science*, 51(4):1458–1469.
- Cuevas, J., Crossa, J., Montesinos-López, O. A., Burgueño, J., Pérez-Rodríguez, P., and de Los Campos, G. (2017). Bayesian genomic prediction with genotype $\times$ environment interaction kernel models. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 7(1):41–53.
- da Silva, A. Q., de Oliveira, L. A., da Silva, C. P., Mendes, C. T. E., de Medeiros, E. S., and Sáfiadi, T. (2020). Aplicação do modelo ammi-bayesiano no estudo de estabilidade e adaptabilidade genotípica em dados de mostarda. *Research, Society and Development*, 9(9):e166997023–e166997023.
- da Silva, C. P., de Oliveira, L. A., Nuvunga, J. J., Pamplona, A. K. A., and Balestre, M. (2015). A bayesian shrinkage approach for ammi models. *Plos one*, 10(7):e0131414.
- de Melo, G. G., de Oliveira, L. A., da Silva, C. P., da Silva, A. Q., Nascimento, M. R., de Sousa Gonçalves, R. J., Dos Santos, P. R., da Costa, A. F., Queiroz, D. R., and da Silva, J. W. (2023). Ammi-bayesian perspective in the selection of pre-cultivars of carioca beans in agreste-sertão of pernambuco, Brazil. *Scientific Reports*, 13(1):4700.
- dos S. Dias, C. T. and Krzanowski, W. J. (2003). Model selection and cross validation in additive main effect and multiplicative interaction models. *Crop Science*, 43(3):865–873.

- Dudhe, M., Jadhav, M., Sujatha, M., Meena, H., Rajguru, A., Gahukar, S., and Ghodke, M. (2023). Waasb-based stability analysis and validation of sources resistant to plasmopara halstedii race-100 from the sunflower working germplasm for the semiarid regions of india. *Genetic Resources and Crop Evolution*, pages 1–18.
- FAO (2013). Orígenes e historia- international year of quinoa 2013. Tomado de: http://www.fao.org/quinoa-2013/what-is-quinoa/origin-and-history/es/?no_mobile=1.
- Fischer, G., Ramírez, F., and Casierra-Posada, F. (2016). Ecophysiological aspects of fruit crops in the era of climate change. a review. *Agronomía Colombiana*, 34(2):190–199.
- Freiria, G. H., Gonçalves, L. S. A., Zeffa, D. M., Lima, W. F., Fonseca Júnior, N. d. S., Prete, C. E. C., and Fonseca, I. C. d. B. (2020). Bayesian ammi applied to food-type soybean multi-environment trials. *Revista Ciência Agronômica*, 51.
- Gabriel, K. R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, 58(3):453–467.
- García-Parra, M., Roa-Acosta, D., and Bravo-Gómez, J. E. (2022). Effect of the altitude gradient on the physiological performance of quinoa in the central region of colombia. *Agronomy*, 12(9):2112.
- García-Parra, M., Zurita-Silva, A., Stechauner-Rohringer, R., Roa-Acosta, D., and Jacobsen, S.-E. (2020). Quinoa (*chenopodium quinoa* willd.) and its relationship with agroclimatic characteristics: A colombian perspective. *Chilean journal of agricultural research*, 80(2):290–302.
- Gauch, H. G. and Zobel, R. W. (1988). Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. *Theoretical and Applied genetics*, 76:1–10.
- Gelman, A., Carlin, J. B., Stern, H. S., and Rubin, D. B. (2014). Bayesian data analysis (vol. 2).
- Gelman, A. and Rubin, D. B. (1992). A single series from the gibbs sampler provides a false sense of security. *Bayesian statistics*, 4(1):625–631.
- Guerrero, M. M. C., Chamorro, B. Y., and Romero, J. V. (2021). Estabilidad fenotípica de arveja (*pisum sativum* l.) en la zona productora de nariño, colombia. *Agronomía Mesoamericana*, 32(3):842–853.
- Heidelberger, P. and Welch, P. D. (1983). Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research*, 31(6):1109–1144.
- Hernández-Sampieri, R. and Torres, C. P. M. (2018). *Metodología de la investigación*, volume 4. McGraw-Hill Interamericana México^e D. F.
- Hoff, P. D. (2009). *A first course in Bayesian statistical methods*, volume 580. Springer.
- Jackman, S. (2009). *Bayesian analysis for the social sciences*, volume 846. John Wiley & Sons.
- Karkajı, F. A., Hervan, E. M., Roustaıı, M., BıHamta, M., and MOHAMMADI, S. Comprehensive stability analysis of wheat genotypes through multi-environmental trials.
- Ligarreto, G. A., Castro, O. A., and Cháves, B. (2015). Estabilidad fenotípica de una colección de frıjol andino (*phaseolus vulgaris* l.) tipo arbustivo. *Revista UDCA Actualidad & Divulgación Científica*, 18(1):109–118.
- Mardia, K. and Bibby. (1981). Multivariate analysis, pp 522.£ 14· 60. 1979. isbn 0 12 471252 5 (academic press). *The Mathematical Gazette*, 65(431):75–76.
- Mendes, C. T. E., de Oliveira, L. A., da Silva, A. Q., da Silva, C. P., dos Santos, P. M., and Sáfadi, T. (2020). Comparing frequentist and bayesian approaches in ammi analysis in a simulated scenario.

- Morillo Coronado, A. C., Manjarrez Hernández, E. H., and Morillo Coronado, Y. (2020). Evaluación morfoagronómica de 19 materiales de chenopodium quinoa en el departamento de boyacá. *Biotecnología en el Sector Agropecuario y Agroindustrial*, 18(1):84–96.
- Mwale, S., Shimelis, H., Nkhata, W., Sefasi, A., Fandika, I., and Mashilo, J. (2022). Genotype-by-environment interaction in tepary bean (*phaseolus acutifolius* a. gray) for seed yield. *agronomy* 2022, 13, 12.
- Nuvunga, J. J., da Silva, C. P., de Oliveira, L. A., de Lima, R. R., and Balestre, M. (2019). Bayesian factor analytic model: An approach in multiple environment trials. *Plos one*, 14(8):e0220290.
- Oikeh, S., Menkir, A., Maziya-Dixon, B., Welch, R., Glahn, R. P., and Gauch, G. (2004). Environmental stability of iron and zinc concentrations in grain of elite early-maturing tropical maize genotypes grown under field conditions. *The Journal of Agricultural Science*, 142(5):543–551.
- Olivoto, T., Lúcio, A. D., da Silva, J. A., Marchioro, V. S., de Souza, V. Q., and Jost, E. (2019). Mean performance and stability in multi-environment trials i: combining features of ammi and blup techniques. *Agronomy Journal*, 111(6):2949–2960.
- Pour-Aboughadareh, A., Khalili, M., Pocza, P., and Olivoto, T. (2022). Stability indices to deciphering the genotype-by-environment interaction (gei) effect: An applicable review for use in plant breeding programs. *Plants*, 11(3):414.
- Präger, A., Munz, S., Nkebiwe, P. M., Mast, B., and Graeff-Hönniger, S. (2018). Yield and quality characteristics of different quinoa (*chenopodium quinoa* willd.) cultivars grown under field conditions in southwestern germany. *Agronomy*, 8(10):197.
- Quevedo Buitrago, J. E. (2018). Aplicación del modelo estadístico ammi como método de selección en mejoramiento de plantas de cultivos anuales.
- Raftery, A. E. and Lewis, S. M. (1995). The number of iterations, convergence diagnostics and generic metropolis algorithms. *Practical Markov Chain Monte Carlo*, 7(98):763–773.
- Rodríguez-González, R. E., Ponce-Medina, J. F., Rueda-Puente, E. O., Avendaño-Reyes, L., Paz Hernández, J. J., Santillano-Cazares, J., and Cruz-Villegas, M. (2011). Interacción genotipo-ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de mexicali, bc, México. *Tropical and subtropical agroecosystems*, 14(2):543–558.
- Silva, C. P. d., Mendes, C. T. E., Silva, A. Q. d., Oliveira, L. A. d., Von Pinho, R. G., and Balestre, M. (2023). Use of the reversible jump markov chain monte carlo algorithm to select multiplicative terms in the ammi-bayesian model. *Plos one*, 18(1):e0279537.
- Vargas Escobar, E. A., Vargas Sánchez, J. E., and Baena García, D. (2016). Análisis de estabilidad y adaptabilidad de híbridos de maíz de alta calidad proteica en diferentes zonas agroecológicas de colombia. *Acta Agronómica*, 65(1):72–79.
- Viele, K. and Srinivasan, C. (2000). Parsimonious estimation of multiplicative interaction in analysis of variance using kullback-leibler information. *Journal of statistical planning and inference*, 84(1-2):201–219.
- Yang, R.-C., Crossa, J., Cornelius, P. L., and Burgueño, J. (2009). Biplot analysis of genotype $\times$ environment interaction: Proceed with caution. *Crop Science*, 49(5):1564–1576.