



# Asociación de caracteres en líneas avanzadas de arroz tratadas con Biobras-16® y QuitoMax®

## Trait association in advanced rice lines treated with Biobras-16® and QuitoMax®

 Rogelio Morejón-Rivera<sup>1\*</sup>,  Sandra H. Díaz-Solís<sup>1</sup>,  Alfredo Miranda-Castillo<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Unidad Científico Tecnológica de Base “Los Palacios”. Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA), carretera San José-Tapaste, km 3½, Gaveta Postal 1, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba. CP 32 700

<sup>2</sup>Empresa Agroindustrial de Granos “Los Palacios”, calle 26 entre 19 y 21 # 1920, Los Palacios, Pinar del Río, Cuba.

**RESUMEN:** En la Finca del productor Rodolfo Miranda del municipio Los Palacios se desarrolló este trabajo con el objetivo de buscar una relación entre el rendimiento, sus componentes y otros caracteres en genotipos de arroz tratados con los bioestimulantes Biobras-16® y QuitoMax®. Se utilizó un diseño completamente aleatorizado con dieciocho tratamientos (un testigo sin aplicación y aplicaciones independientes de Biobras-16® y QuitoMax®), tres réplicas cada uno y se evaluaron seis caracteres cuantitativos. La matriz de datos obtenida fue procesada mediante los Análisis Multivariados de Componentes Principales, Regresión Lineal Múltiple y las correlaciones de Pearson. Los resultados revelaron que la mayoría de las variables evaluadas mostraron correlaciones, excepto el carácter granos llenos por panícula que no se interrelacionó con ningún otro carácter; el análisis de Componentes Principales explicó el 74 % de la varianza total; a la primera componente contribuyeron todas las variables originales, excepto los granos llenos y vanos por panículas que lo hicieron a la segunda; los grupos I y II, donde se incluyeron el cultivar INCA LP-7 y la Línea 4 en combinación con los productos en estudio y la Línea 3 con Biobras-16®, estuvieron caracterizados por poseer los mayores valores en cuanto a todos los caracteres, excepto los granos vanos por panícula. El modelo propuesto por el análisis de regresión lineal múltiple explicó más de un 85 % de la variabilidad en el rendimiento, siendo un predictor óptimo de este carácter para estudios en condiciones similares.

**Palabras clave:** *Oryza sativa*, rendimiento, fincas, estadísticas.

**ABSTRACT:** This study was carried out at the farm of producer Rodolfo Miranda in Los Palacios municipality with the objective of seeking a relationship between yield, its components and other traits in rice genotypes treated with the biostimulants Biobras-16® and QuitoMax®. A completely randomized design was used with eighteen treatments (a control without application and independent applications of Biobras-16® and QuitoMax®) and three replicates each, and six quantitative traits were evaluated. The data matrix obtained was processed by means of Multivariate Principal Component Analysis, Multiple Linear Regression and Pearson correlations. The results revealed that most of the variables evaluated showed correlations, except full grains per panicle that was not interrelated with any other trait. The Principal Component analysis explained 74 % of the total variance, all the original variables contributed to the first component, except full and vain grains per panicle that contributed to the second component. Groups I and II included the cultivar INCA LP-7 and Line 4 in combination with the products under study and Line 3 with Biobras-16®. They were characterized by having the highest values for all traits, except vain grains per panicle, and the model proposed by the multiple linear regression analysis explained more than 85 % of the variability in yield, being an optimal predictor of this trait for studies under similar conditions.

**Key words:** *Oryza sativa* L., yield, farms, multivariate technical..

\*Autor para correspondencia: [rogelio@inca.edu.cu](mailto:rogelio@inca.edu.cu)

Recibido: 16/09/2022

Aceptado: 15/12/2022

**Conflicto de intereses:** Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

**Contribución de los autores:** **Conceptualización-** Rogelio Morejón-Rivera, Sandra H. Díaz-Solís. **Investigación-** Rogelio Morejón-Rivera, Sandra H. Díaz-Solís, Alfredo Miranda-Castillo. **Metodología-** Rogelio Morejón-Rivera, Sandra H. Díaz-Solís, Alfredo Miranda-Castillo. **Procesamiento de los datos y Escritura del borrador inicial-** Rogelio Morejón Rivera. **Escritura y edición final-** Rogelio Morejón-Rivera, Sandra H. Díaz-Solís.

Este artículo se encuentra bajo los términos de la licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial (CC BY-NC 4.0). <https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>



## INTRODUCCIÓN

La producción mundial de arroz casi se ha triplicado en las últimas cinco décadas debido principalmente al aumento del rendimiento y, en parte, al incremento de la superficie de siembra. Con aproximadamente 154 millones de hectáreas cosechadas cada año, el arroz es uno de los cereales más importantes del mundo, siendo la principal fuente de ingesta de calorías y el alimento básico para más de tres mil millones de personas en el mundo (1).

En Cuba, el programa de mejoramiento genético ha liberado para la producción varios cultivares de arroz con alto potencial del rendimiento, adaptados a factores adversos, sin embargo, causas como las malas prácticas culturales, deterioro de las propiedades de los suelos, plagas, algunos cambios en variables climáticas, entre otras, han incidido negativamente en los resultados productivos, con bajos rendimientos que aún no superan las 3,6 t ha<sup>-1</sup> como promedio nacional (2).

La aplicación de bioestimulantes del crecimiento vegetal, pudiera ser una alternativa para dar solución a esta problemática, aspecto de gran importancia dentro de las investigaciones científicas para la agricultura, por las implicaciones de carácter social, económico y medioambiental que aportan (3), especialmente, en el contexto actual donde el bloqueo impone grandes limitaciones que impactan directamente en la economía del país y esencialmente en el sector agrícola cubano, lo que hace pensar en la necesidad de apostar por una agricultura más productiva, resiliente y compatible con el medio ambiente.

Por otro lado, en épocas pasadas, las estimaciones empíricas del rendimiento de un cultivo se construyeron a partir del conocimiento práctico de los agricultores o bien a partir de procedimientos de muestreo en áreas representativas, pero estos métodos son en general equívocos. En los últimos años, la información a priori del rendimiento se produce generalmente a partir de modelos, ya sea con información sobre el manejo del cultivo, datos del clima y de suelo, entre otros (4).

Basado en lo antes señalado, este trabajo tiene como objetivo buscar una relación entre el rendimiento, sus componentes y otros caracteres evaluados en genotipos de arroz tratados con los bioestimulantes Biobras-16® y QuitoMax® para proporcionar información útil a especialistas en el desarrollo de los programas de mejoramiento genético de este cultivo.

## MATERIALES Y MÉTODOS

En la Finca del productor Rodolfo Miranda, perteneciente a la Cooperativa de Créditos y Servicios (CCS) "Abel Santamaría", del municipio Los Palacios, se desarrolló este trabajo, sobre un suelo Fluvisol (5).

Seis genotipos de arroz (*Oryza sativa* L.) constituyeron el material vegetal estudiado, integrado por cuatro nuevas líneas avanzadas obtenidas mediante el método de hibridaciones (Línea 1, Línea 2, Línea 3 y Línea 4) y los cultivares comerciales INCA LP-5 de ciclo corto e INCA LP-7 de ciclo medio.

Se utilizó un diseño completamente aleatorizado con dieciocho tratamientos (un testigo sin aplicación y aplicaciones independientes de Biobras-16® y QuitoMax®) y tres réplicas cada uno (Tabla 1). En el campo los genotipos fueron trasplantados en parcelas de 2 metros de largo por 2 metros de ancho (4 m<sup>2</sup>) a una distancia de 15 cm entre plántulas y 50 cm entre parcelas.

Las labores y atenciones fitotécnicas (preparación del suelo, semillero, trasplante, fertilización, riego y tratamientos fitosanitarios) se efectuaron según lo que establece el Instructivo Técnico del Cultivo del Arroz (6).

Se aplicaron dos bioestimulantes: Biobras-16®, que tiene como ingrediente activo un análogo de brasinoesteroide y se utilizó una formulación a una concentración de 1 mg mL<sup>-1</sup> y QuitoMax®, formulación líquida a base de polímeros de quitosano, a una concentración de 4 g L<sup>-1</sup>.

Las aspersiones se hicieron manualmente, utilizando una mochila CareSpray de ocho litros de capacidad y con boquilla de cono a presión constante en el horario comprendido entre las 9 y 10 am, asperjándose el follaje hasta que el mismo estuvo bien humedecido. Las dosis empleadas fueron de 25 mg ha<sup>-1</sup> y 50 mg ha<sup>-1</sup> para Biobras-16® y QuitoMax®, respectivamente, en las fases de inicio de paniculación y llenado del grano, para ambos bioestimulantes.

Se evaluaron los siguientes caracteres cuantitativos, utilizando como metodología el Sistema de Evaluación Estándar para Arroz del IRRRI (7).

- Granos llenos por panícula, **Gll** (número).
- Granos vanos por panícula, **Gv** (número).
- Panícula por m<sup>2</sup>, **Pm**<sup>2</sup> (número).
- Masa de 1000 granos, **Mg** (g).
- Rendimiento agrícola, **R** (t ha<sup>-1</sup>).
- Ciclo del cultivo al 50 % de floración, **C** (días).

Tabla 1. Tratamientos empleados

No.	Tratamiento	No.	Tratamiento	No.	Tratamiento
1	INCA LP-7	7	INCA LP-7+Biobras-16®	13	INCA LP-7+QuitoMax®
2	INCA LP-5	8	INCA LP-5+Biobras-16®	14	INCA LP-5+QuitoMax®
3	Línea 1	9	Línea 1+Biobras-16®	15	Línea 1+QuitoMax®
4	Línea 2	10	Línea 2+Biobras-16®	16	Línea 2+QuitoMax®
5	Línea 3	11	Línea 3+Biobras-16®	17	Línea 3+QuitoMax®
6	Línea 4	12	Línea 4+Biobras-16®	18	Línea 4+QuitoMax®

Los caracteres granos llenos por panícula, granos vanos por panícula y masa de 1000 granos se determinaron en 20 panículas centrales tomadas al azar y el ciclo como el número de días desde la germinación hasta que el 50 % de las panículas de las plantas que habían emergido. Las panículas por metro cuadrado se muestrearon una vez por parcela, en un marco de 0 25 m<sup>2</sup> y el rendimiento agrícola del cultivo fue calculado en un área de 1 m<sup>2</sup>.

La matriz de datos obtenida fue procesada mediante los Análisis Multivariados de Componentes Principales (empleando la distancia Euclidiana al cuadrado), Regresión Lineal Múltiple (considerando el rendimiento como la variable dependiente y el resto como independientes) y las correlaciones de Pearson, todos con la ayuda del paquete estadístico Statgraphics Plus v.5.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Del análisis estadístico, en la [Tabla 2](#) se muestran las correlaciones fenotípicas (correlaciones de Pearson) existentes entre las variables analizadas.

El coeficiente de correlación es una herramienta estadística que generalmente muestra relaciones entre caracteres independientes, y el grado de relación lineal entre esas características. En investigaciones de fitomejoramiento, por lo general, se toman medidas de varios caracteres o variables a partir de la misma planta (8). Este puede tener valor entre 0 y  $\pm 1$ , el signo indica la dependencia o relación que existe. Cuando el valor está más cerca de uno, mayor es la dependencia de correlación entre los dos índices.

El rendimiento se correlacionó fuerte y positivamente con la masa de 1000 granos, las panículas por metro cuadrado y el ciclo, mientras que de forma negativa lo hizo con los granos vanos por panícula. El grado de asociación entre caracteres es un factor importante cuando se trata de una variable tan compleja como el rendimiento que está controlada por muchos genes y muy influenciada por el medio ambiente (9). La selección por rendimiento puede no ser efectiva, a menos que se tomen en consideración los otros componentes de este que influyen directa o indirectamente sobre él. Cuando se ejerce presión de selección para mejorar cualquier variable altamente asociada con el rendimiento, afecta simultáneamente a muchos otros caracteres correlacionados. Por lo tanto, el conocimiento sobre la asociación del carácter con el

rendimiento y entre ellos proporciona una guía al fitomejorador, brindando una comprensión clara de la contribución con respecto al establecimiento de la asociación por factores genéticos y no genéticos (10). En este sentido se han encontrado coincidencias en algunos trabajos (10-16) y no coincidencia en otro (9) donde se estudiaron las relaciones entre estos caracteres.

Además, una correlación fuerte y positiva se encontró entre el ciclo y los caracteres masa de 1000 granos y panículas por metro cuadrado. Resultados similares se informaron en otros estudios sobre diversidad genética en germoplasma de arroz (9,10).

El carácter granos llenos no mostró correlación con ningún otro carácter evaluado. En estudios realizados en China hubo un comportamiento similar entre cultivares del tipo japónica (15), sin embargo, en otras investigaciones este carácter expresó una relación fuerte y directa con el rendimiento (11,12,15,16).

Para reducir la dimensionalidad de los datos y explicar las principales fuentes de variabilidad del proceso, en la [Tabla 3](#) se muestran los valores propios, porcentajes de contribución y acumulado de los dos primeros componentes del Análisis de Componentes Principales, siguiendo el criterio de considerar aceptables los componentes cuyos valores propios expliquen un 70 % o más de la varianza total.

La primera componente contribuyó con el 46 % de la varianza total explicada y las correlaciones con las variables originales indican que los caracteres panículas por metro cuadrado, masa de 1000 granos, rendimiento y ciclo están entre los que más aportaron de forma positiva. Los granos llenos y vanos aportaron de manera positiva y negativa, respectivamente, a la segunda componente, explicando el 28 % de la varianza total.

La [Figura 1](#) muestra la ubicación gráfica de los tratamientos y las variables originales sobre el plano conformado por las componentes 1 y 2, la posición que ocupan los 18 tratamientos evaluados permitió la formación de cuatro grupos. Las medias por variables y los tratamientos pertenecientes a cada grupo se presentan en la [Tabla 4](#).

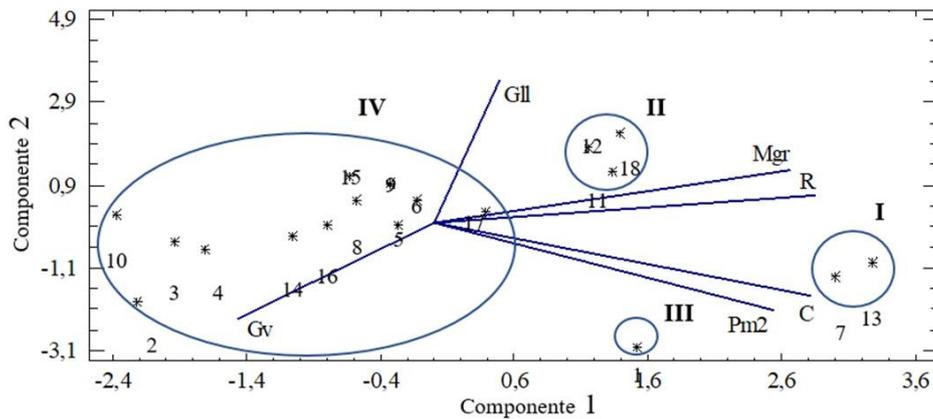
**Tabla 3.** Valores propios, porcentaje de contribución y acumulado de las componentes y las correlaciones con las variables originales

	C1	C2
<b>Valores Propios</b>	2.78	1.66
<b>% contribución</b>	0.46	0.28
<b>% acumulado</b>	0.46	0.74
<b>Gll</b>	0.08	0.66
<b>Gv</b>	-0.25	-0.44
<b>Pm<sup>2</sup></b>	0.44	-0.40
<b>Mgr</b>	0.47	0.24
<b>R</b>	0.50	0.12
<b>C</b>	0.49	-0.33

**Tabla 2.** Matriz de correlaciones fenotípicas

	Gll	Gv	Pm <sup>2</sup>	Mgr	R
<b>Gv</b>	-0.31				
<b>Pm<sup>2</sup></b>	-0.26	0.08			
<b>Mgr</b>	0.45	-0.26	0.27		
<b>R</b>	0.38	-0.51*	0.54*	0.57*	
<b>C</b>	-0.19	-0.02	0.80**	0.63**	0.47*

\*La correlación es significativa al nivel 0.05. \*\*La correlación es significativa al nivel 0.01



**Figura 1.** Distribución de los genotipos y las variables originales en las dos primeras componentes

**Tabla 4.** Distribución de los genotipos y medias por grupo, según el Análisis de Componentes Principales

Grupos	Gll	Gv	Pm <sup>2</sup>	Mgr	R	C
I	156,25	10,27	750,25	31,50	8,455	121,00
II	178,64	7,93	530,50	31,39	7,61	107,00
III	116,85	11,55	701,00	30,40	6,53	121,00
IV	159,96	10,80	519,50	29,56	4,98	103,67
Grupos	Genotipos					Efectivos
I	INCA LP-7+Biobras-16®, INCA LP-7+QuitoMax®					2
II	Línea 3+Biobras-16®, Línea 4+ Biobras-16®, Línea 4+QuitoMax®					3
III	INCA LP-7					1
IV	INCA LP-5, Línea 1, Línea 2, Línea 3, Línea 4, INCA LP-5+ Biobras-16®, Línea 1+Biobras-16®, Línea 2+Biobras-16®, INCA LP-5+QuitoMax®, Línea 1+QuitoMax®, Línea 2+QuitoMax®, Línea 3+QuitoMax®					12

El Análisis de Componentes Principales es una herramienta útil para analizar los datos que se generan de la caracterización y evaluación preliminar de germoplasma, y permite conocer la relación existente entre las variables cuantitativas consideradas y la semejanza entre las accesiones; en el primer caso, con el fin de saber cuáles variables están o no asociadas, cuáles caracterizan en el mismo sentido o en el sentido contrario; y en el segundo, para saber cómo se distribuyen las accesiones, cuáles se parecen y cuáles no. También, permite seleccionar las variables cuantitativas más discriminatorias para limitar el número de mediciones en caracterizaciones posteriores (17). Este método puede contribuir a la toma de decisiones del fitomejorador en la selección de genotipos valiosos, a través de muchas características morfológicas, ya que en la mayoría de los ensayos se consideran con mayor énfasis las características que intervienen en el rendimiento y algunos de sus componentes. En investigaciones sobre diversidad genética del germoplasma de arroz coreano para su adopción en Nigeria, esta técnica mostró que los primeros cuatro componentes explicaron el 73,59 % de la variación total, sugiriendo la presencia de una gran variabilidad genética, lo cual es importante, ya que otorga un amplio espectro de selección a los mejoradores (9). En otro estudio sobre relación genotipo ambiente, donde también se utilizó esta técnica multivariada en el cultivo del café, se demostró su efectividad (18).

La proyección opuesta de los granos vanos sobre el primer eje, en relación con las panículas por metro cuadrado, masa de 1000 granos, rendimiento y ciclo, significa que en la medida que sea menor el número de granos vanos, mayor será el valor de los otros cuatro caracteres. Además, en la figura se muestra el grado de asociación entre las variables, que está determinado por la separación angular que forman sus proyecciones y las distancias de cada una de estas a partir del origen, siendo su contribución mayor mientras más distantes se encuentren.

De acuerdo con la separación angular, las mejores asociaciones están constituidas por el rendimiento y la masa de 1000 granos, mientras que el ciclo con las panículas por metro cuadrado. Estos cuatro caracteres son los de mayor importancia por ser los más distantes desde el origen.

Los grupos I y II ubicados en el extremo derecho de la componente 1, donde se incluyeron el cultivar INCA LP-7 y la Línea 4 en combinación con los productos en estudio y la línea 3 con Biobras-16®, estuvieron caracterizados por poseer los mayores valores en cuanto a todos los caracteres, excepto los granos vanos por panícula. Por su posición cercana a estos, el grupo III, integrado por el testigo INCA LP-7, mostró características similares al grupo II, pero su posición en la parte inferior del componente dos lo ubican como el genotipo de mayor número de granos

**Tabla 5.** Resultados del Análisis de Regresión Lineal Múltiple donde la variable dependiente es el rendimiento

Parámetro	Estimación	Error Estándar	Estadístico T	P-Valor
Constante	-12,9269	6,07742	-2,12705	0,0548
GII	-0,0390683	0,0200319	-1,9503	0,0749
Gv	-0,240882	0,13377	-1,80072	0,0969
Pm <sup>2</sup>	0,0182466	0,00524716	3,47742	0,0046
Mgr	1,49982	0,439376	3,41351	0,0051
C	-0,259498	0,098433	-2,63629	0,0217

ANÁLISIS DE VARIANZA					
Fuente	Suma de cuadrados	GL	Cuadrado medio	F	P-Valor
Modelo	32,8549	5	6,57097	8,00	0,0016
Residuo	9,85239	12	0,821033		
Total	42,7073	17			
R <sup>2</sup>	86,93				

vanos por panícula. Se conoce que los bioestimulantes son sustancias orgánicas que se utilizan para potenciar el crecimiento y desarrollo de las plantas, además tienen una influencia positiva en la resistencia a las condiciones de estrés y en el control de plagas y por ende en los rendimientos. Disímiles investigaciones en diferentes cultivos han confirmado la efectividad de estos (19-23).

Los genotipos contenidos en el grupo IV exhibieron los valores más discretos de los caracteres estudiados, incluidos líneas y cultivares comerciales con la aplicación de los productos y aquellos a los cuales no se les aplicó ningún bioestimulante. En este sentido se afirma que los bioestimulantes se deben usar en pequeñas cantidades como complemento en la fertilización y control de plagas o enfermedades, con el fin de aumentar el rendimiento, calidad y protección ante las condiciones climáticas adversas (24).

Los resultados del análisis de regresión lineal múltiple se muestran en la Tabla 5, donde el rendimiento es la variable dependiente y los granos llenos y vanos por panícula, la cantidad de panículas por metro cuadrado, la masa de 1000 granos y el ciclo, fueron las variables independientes.

El modelo propuesto por el análisis de regresión lineal múltiple permite, a través de los coeficientes estimados, expresar el cambio esperado de la variable dependiente rendimiento para cada unidad de cambio de las variables independientes estudiadas. Dado que el p-valor en el análisis de varianza es inferior a 0,01, existe una relación estadísticamente significativa entre las variables para un nivel de confianza del 99 %. Los caracteres granos llenos y vanos presentan un p-valor superior a 0.05; los más altos en las variables independientes, siendo así los que menos información aportan al modelo.

La ecuación del modelo ajustado es:

$$R = -12,9269 - 0,0390683 \times GII - 0,240882 \times Gv + 0,0182466 \times Pm^2 + 1,49982 \times Mgr - 0,259498 \times C$$

El estadístico R<sup>2</sup> indica que el modelo explica un 86,93 % de la variabilidad en el rendimiento, determinando que la combinación lineal de las variables independientes, para estudios en condiciones similares, sea un predictor óptimo del rendimiento. En otras investigaciones se ha utilizado este análisis con buenos resultados (2,11,25).

Se plantea que el éxito de cualquier programa de mejoramiento de cultivos depende en gran medida de la magnitud de la variabilidad genética, la heredabilidad, el avance genético y la asociación de caracteres, de ahí la importancia de este tipo de trabajos para los fitomejoradores (26).

## CONCLUSIONES

- La mayoría de las variables evaluadas muestran correlaciones entre sí, excepto los granos llenos por panícula que no se interrelacionó con ningún otro carácter. El rendimiento se correlaciona fuertemente, de manera directa con la masa de 1000 granos, las panículas por metro cuadrado y el ciclo e inversa con los granos vanos por panícula.
- El análisis de Componentes Principales explica el 74 % de la varianza total en las dos nuevas variables, a la primera componente contribuyen todas las originales, excepto granos llenos y vanos por panículas que lo hacen a la segunda. Los grupos I y II, donde se incluyen el cultivar INCA LP-7 y la Línea 4 en combinación con los productos en estudio y la línea 3 con Biobras-16®, están caracterizados por poseer los mayores valores en cuanto a todos los caracteres, excepto los granos vanos por panícula.
- El modelo propuesto por el análisis de regresión lineal múltiple explica más de un 85 % de la variabilidad en el rendimiento, siendo un predictor óptimo de este carácter para estudios en condiciones similares.

## BIBLIOGRAFÍA

1. Calero A, Pérez Y, González Y, Yanes LA, Olivera D, Peña K, *et al.* Respuesta agronómica y productiva de ocho variedades de arroz bajo condiciones de manejo agroecológico. Revista de la Facultad de Ciencias. Universidad Nacional de Colombia. 2020;9(2):43-55. doi: <http://doi.org/10.15446/rev.fac.cienc.v9n2.84629>.
2. Calero A, Pérez Y, Quintero E, González Y. Densidades de plantas adecuadas para incrementar el rendimiento agrícola del arroz. Centro Agrícola. 2021;48(1):28-36.

- Available from: [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0253-57852021000100028&lng=es&tlng=es](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0253-57852021000100028&lng=es&tlng=es).
3. Torres JA, Reyes JJ, González LG, Jiménez M, Boicet T, Enríquez EA, et al. Respuesta agronómica de dos variedades de maíz blanco (*Zea mays* L.) a la aplicación de QuitoMax®, Azofert® y Ecomic®. *Biotecnia*. 2018; 20(1):3-7. doi: <http://doi.org/10.18633/biotecnia.v20i1.522>.
  4. Valle J, González D, Meneses P, Saborit R y Delgado C. Estimate of rice crop yield (*Oryza sativa* L.) in function of different climatic variables, *Revista Ciencias Técnicas Agropecuarias*. 2020;29(3): 97-102. Available from: <https://www.redalyc.org/journal/932/93264538009/93264538009.pdf>.
  5. Hernández A, Pérez J, Bosch D, Castro N. Clasificación de los suelos de Cuba 2015. Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas, Cuba: Ediciones INCA. 2015. 93 p. Available from: <https://isbn.cloud/9789597023777/clasificacion-de-los-suelos-de-cuba-2015/>.
  6. MINAG. Instructivo Técnico Cultivo de Arroz. Instituto de Investigaciones del Arroz, MINAG. 2014. 73 p. Available from: <https://isbn.cloud/9789597210863/instructivo-tecnico-cultivo-de-arroz/>.
  7. IRRI. Standard Evaluation System (SES) for Rice. Quinta Edición. Filipinas. 2013. 55p. Available from: [https://www.cirri.org/ver2/uploads/SES\\_5th\\_edition.pdf](https://www.cirri.org/ver2/uploads/SES_5th_edition.pdf).
  8. Monge JE, Loría M. Producción de chile dulce en invernadero: correlación entre densidad de siembra y variables de rendimiento. *Tecnología en Marcha*. 2021;34(2):161-177. doi: <http://doi.org/10.18845/tm.v34i2.4983>.
  9. Amegan E, Efisue A, Akoroda M, Shittu A, Tonegnikes F. Genetic diversity of korean rice (*Oryza Sativa* L.) germplasm for yield and yield related traits for adoption in rice farming system in Nigeria. *International Journal of Genetics and Genomics*. 2020;8(1):19-28. doi: <http://doi.org/10.11648/j.ijgg.20200801.13>.
  10. Hasan M, Sarker U. Variability, heritability, character association, and path coefficient analysis in advanced breeding lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Genetika*. 2020;52(2):711-726. doi: <http://doi.org/10.2298/GENSR2002711H>
  11. Morejón R, Díaz SH. Relación del rendimiento con otros caracteres en cultivares tradicionales de arroz colectados en Pinar del Río. *Cultivos Tropicales*. 2018;39(1): 81-86. Available from: [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0258-59362018000100010&lng=es&tlng=pt](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0258-59362018000100010&lng=es&tlng=pt).
  12. Morejón R, Díaz SH. Asociación de caracteres en colección de recursos fitogenéticos de arroz en Los Palacios. *Avances*. 2019;21(1):22-31. Available from: <http://www.ciget.pinar.cu/ojs/index.php/publicaciones/articloe/view/414/1406>.
  13. López MB, López C, Kohashi J, Miranda S, Barrios EJ, Martínez CG. Rendimiento de grano y sus componentes, y densidad de raíces en arroz bajo riego y seco. *Agrociencia*. 2018;52(4):563-580. Available from: [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1405-31952018000400563&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-31952018000400563&lng=es&tlng=es).
  14. Tiwari DN, Tripathi SR, Tripathi MP, Khatri N, Bastola BR. Genetic variability and correlation coefficients of major traits in early maturing rice under rainfed lowland environments of Nepal. *Advances in Agriculture*. 2019. Article ID 5975901, 9 p. doi: <http://doi.org/10.1155/2019/5975901>
  15. Li R, Li M, Ashraf U, Liu S, Zhang J. Exploring the relationships between yield and yield-related traits for rice varieties released in China from 1978 to 2017. *Frontiers in Plant Science*. 2019; 10:543. doi: <http://doi.org/10.3389/fpls.2019.00543>
  16. Osman KA, Abdalla S, Kang K, Sang L, Mohamed A, Ahmed Y, Ismail A. Genetic diversity analysis of elite doubled haploid rice genotypes for yield attributing traits in White Nile State, Sudan. *Agricultural Sciences*. 2022; 13:330-344. doi: <http://doi.org/10.4236/as.2022.133023>
  17. Segura S. Análisis de divergencias interespecificas con pasifloras andinas. In: Franco TL, Hidalgo R, editores. Análisis estadístico de datos de caracterización morfológica de recursos fitogenéticos. IPGRI. Boletín Técnico N°8. Cali. Colombia. 2003. pp 56-71. Available from: [https://www.biodiversityinternational.org/fileadmin/\\_migrated/uploads/tx\\_news/An%C3%A1lisis\\_estad%C3%ADstico\\_de\\_datos\\_de\\_caracterizaci%C3%B3n\\_morfol%C3%B3gica\\_de\\_recursos\\_fitogen%C3%A9ticos\\_894.pdf](https://www.biodiversityinternational.org/fileadmin/_migrated/uploads/tx_news/An%C3%A1lisis_estad%C3%ADstico_de_datos_de_caracterizaci%C3%B3n_morfol%C3%B3gica_de_recursos_fitogen%C3%A9ticos_894.pdf)
  18. Armijo A, Quevedo JN, García MA. Análisis de la relación genotipo ambiente en el establecimiento de seis variedades de café en la Granja Experimental Santa Inés. *Revista Científica Agroecosistemas*. 2021;9(1):96-107. Available from: <https://aes.ucf.edu.cu/index.php/aes/articloe/view/454>
  19. González LG, Jiménez MC, Castillo D, Paz I, Cambara AY, Falcón A. Respuesta agronómica del pepino a la aplicación de QuitoMax® en condiciones de organoponía. *Centro Agrícola*. 2018;45(3):27-31. Available from: [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0253-57852018000300027&lang=pt](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0253-57852018000300027&lang=pt)
  20. Moreno XA, Muñoz L, González J. Efecto de los bioestimulantes Biobras 16 y Quitomax sobre el cultivo del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) Variedad Delicias-364' en la agricultura suburbana de Aguada de Pasajeros. *Revista científica Agroecosistemas*. 2018;6(2):151-160. Available from: <https://aes.ucf.edu.cu/index.php/aes/article/view/208>
  21. Yasser G, Rodríguez D, Camacho L, Carvajal CC, Ávila R, González J, Rodríguez R. Efecto de la aplicación de Biobras-16 sobre el crecimiento y calidad de frutos de piña 'MD-2'. *Cultivos Tropicales*, 2021;42(2). Available from: [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0258-59362021000200006](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0258-59362021000200006)
  22. López I, Martínez L, Pérez G, Cedeño L, Reyes Y, Cárdenas RM, Núñez M, Cabrera JA. Efectos de productos bioactivos en plantas de *Cicer arietinum* L. *Cultivos Tropicales*. 2021;42(1). Available from: [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0258-59362021000100006](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0258-59362021000100006)
  23. Morejón R, Díaz SH, Miranda A. Influencia de los bioestimulantes Biobras-16® y QuitoMax® en dos genotipos de arroz. *Cultivos Tropicales*. 2021;42(4).

- Available from: [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0258-59362021000400004](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0258-59362021000400004)
24. Morales CG. Uso de bioestimulantes. In: Morales CG, editors. Manual de manejo agronómico del arándano. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. INIA Raihuén. Chile. BOLETÍN INIA/No 371; 2017, p 43-47. ISSN 0717-4829. Available from: <http://biblioteca.inia.cl/medios/biblioteca/boletines/NR40907.pdf>
25. Chakrabarty SK, Joshi MA, Singh Y, Maity A, Vashisht V, Dadlani M. Characterization and evaluation of variability in farmers' varieties of rice from West Bengal. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding (The). 2012;72(2):136-42. Available from: [https://scholar.google.com/citations?view\\_op=view\\_citation&hl=en&user=4b1kjDoAAAAJ&citation\\_for\\_view=4b1kjDoAAAAJ:rO6llkc54NcC](https://scholar.google.com/citations?view_op=view_citation&hl=en&user=4b1kjDoAAAAJ&citation_for_view=4b1kjDoAAAAJ:rO6llkc54NcC)
26. Sarker U, Islam Mg, Rabbani S. Variability, heritability and genetic association in green amaranth (*Amaranthus tricolor*). Spanish Journal of Agricultural Research. 2015;13(2):1-8. doi: <http://doi.org/10.5424/sjar/2015132-6843>