UNC Universidad Nacional de Córdoba

FCA Facultad de Ciencias Agropecuarias

Metodos cuantitativos para la investigación agropecuaria

Selección de híbridos de maíz (*Zea mays*L.) a partir de ensayos multiambientales.

Autor:*Montoro, Alfredo.*

Tutores:*Ing. Agr. (Dra.) Balzarini, Mónica.*

Ing. Agr. Giannini, Franca.

Córdoba - 2018

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons
Atribución – No Comercial – Sin Obra Derivada 4.0 Internacional.

ÍNDICE

RESUMEN 4
INTRODUCCIÓN 5
MATERIALES Y MÉTODOS 6
RESULTADOS Y DISCUSIÓN 8
CONCLUSIONES 12
BIBLIOGRAFÍA 13

AGRADECIMIENTOS

Quiero agradecer a todos los que me acompañaron a lograr que fuera posible realizar este trabajo y llegar a esta instancia, profesores de la Facultad de Ciencias Agropecuarias - U.N.C., amigos y familiares que siempre me alentaron y dieron su apoyo, sin ellos no hubiera sido posible.

TÍTULO

Selección de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) a partir de ensayos multiambientales.

RESUMEN

El maíz (*Zea mays* L.) por su importancia en los planteos agrícolas, en los productos y subproductos obtenidos a nivel industrial con fines energéticos y alimenticios, ya sea para consumo humano o animal ha tomado un papel principal en el desarrollo de ensayos para obtener los mayores rindes en cada ambiente en el que se implante el cultivo. Por esto es importante analizar la interacción genotipo – ambiente que presenta cada material. El objetivo de este estudio fue encontrar adaptaciones específicas de híbridos de maíz en ensayos multiambientales utilizando diferentes técnicas estadísticas. Se analizó el rendimiento de 101 genotipos ubicados en 19 localidades. Se recurrió a un análisis exploratorio de datos, al uso de Modelos Mixtos, modelos AMMI y GGE Biplot. Se analizaron los distintos gráficos obtenidos y finalmente no se pudo encontrar adaptaciones específicas en este ensayo ya que los materiales analizados se encuentran en etapas avanzadas de mejoramiento por lo que presentan poca variabilidad y su comportamiento fue similar en todos los ambientes.

Palabras claves: Maíz, Adaptación específica, mega-ambientes, Modelos Mixtos.

INTRODUCCIÓN

La producción de granos de maíz (*Zea mays*L.), ocupa el primer lugar en el mundo, con un volumen de más de 1000 millones de toneladas y más de 180 millones de hectáreas sembradas.

Argentina se encuentra dentro de los cinco principales productores a nivel mundial (FAO, 2017). El área sembrada varía de año a año pero los rendimientos promedios siguen una tendencia creciente, desde 2700 kg/ha en la década del 70 a 7900 kg/ha en la actualidad. Esto se debió a la utilización de siembra directa, nuevos materiales híbridos, nuevas tecnologías, el incremento del área fertilizada y la incorporación de riego artificial. Este crecimiento se dió de la mano de un mayor uso de recursos estadísticos y biométricos en la investigación que propiciaron la selección de materiales genéticos, basada en el entendimiento de su interacción con el ambiente.

En la búsqueda de mejores genotipos, los programas de fitomejoramiento genético se encuentran con materiales que arrojan respuestas distintas, genotipos con rendimientos mayores en grandes áreas (adaptación en sentido amplio) y los que responden con resultados positivos en un área determinada (adaptación en sentido estricto). En esta búsqueda con frecuencia el potencial de rendimiento es enmascarado por la interacción genotipo ambiente (G×A), que ocurre cuando los genotipos se expresan de manera diferente a las variantes del ambiente, lo cual dificulta la selección de materiales. El proceso es más complejo cuando se encuentra en etapas avanzadas del mejoramiento donde existe poca variabilidad genética. Acerca de la importancia de la interacción G×A, Gauch y Zobel (1997) explican que *"si no hubiera interacción, en una sola variedad se podría alcanzar aquella que rendiría más en todo el mundo, y además el ensayo de cultivos se podría realizar en una sola ubicación y proporcionar resultados universales"*. Por su parte, Sprague y Eberhart (1977) recomiendan aumentar el número de ambientes para evaluación de los ensayos si la interacción G×A se debe a factores impredecibles del ambiente.

De la interacción G×A también se desprenden dos conceptos importantes para clasificar las respuestas de los distintos materiales. Uno es **ecotipo** que se asocia con la ocurrencia de adaptación específica de individuos o poblaciones de una misma especie a ciertas áreas y condiciones ambientales, puede incluir varios genotipos. El otro concepto es **estabilidad**, la expresión estabilidad de rendimientos alta se refiere a la habilidad de los genotipos de comportarse consistentemente, a un nivel de rendimiento dado, a través de un amplio rango de ambientes. Los sitios que son similares en término de respuesta genotípica son agrupados por diferentes métodos y cada grupo puede identificar un área de cultivo que es relativamente uniforme porque los efectos de la interacción genotipo-localidad son limitados o despreciables. Tales áreas han sido definidas por diferentes autores como subregiones, subáreas o mega-ambientes (Arroyo *et al.* 2005) las cuales no siempre coinciden geográficamente.

Un modelo estadístico tradicionalmente usado en ensayos multiambientales es el modelo de análisis de la varianza (ANAVA) que se basa en la partición de la variabilidad total de la variable respuesta (Y). Separa una componente de la variabilidad debida a la influencia de factores de clasificación conocidos, más otro componente aleatorio asociado a la variabilidad residual o experimental. Este es un modelo lineal en los parámetros de los valores esperados para Y.

Según la naturaleza (constante o aleatoria) de los efectos de los factores de clasificación y/o covariables que afectan a cierta variable respuesta existen diferentes modelos, como modelos

lineales de efectos fijos; modelos lineales de efectos aleatorios; modelos lineales mixtos, que incluyen tanto efectos fijos como aleatorios distintos al término de error.

Los modelos lineales mixtos tienen el supuesto de normalidad en los residuos, pero el supuesto de independencia puede relajarse, pudiendo lograr estimaciones en casos en que los datos no son independientes y/o en casos donde las varianzas no son homogéneas (Balzarini*et al.* 2012). Estos modelos tienen la ventaja de trabajar con datos incompletos o desbalanceados (no todos los genotipos en todos los ambientes), permiten tener en cuenta la estructura de correlación de las observaciones (modelos de correlación espacial y/o temporal) y permiten tratar efectos como aleatorios (y obtener predicciones de estos efectos).

Los modelos de efectos aditivos e interacción multiplicativa, o AMMI, fueron los primeros modelos lineales-bilineales usados en redes de ensayos agrícolas multiambientales con el objetivo de estudiar la interacción GxA mediante un análisis de componentes principales de una matriz de dos vías con los efectos de interacción. Las componentes principales obtenidas pueden visualizarse mediante gráficos Biplot. Estos consisten en un diagrama de dispersión de dos componentes principales (Gabriel, 1971), graficando los autovectores ambientales como flechas que salen del origen de estas componentes (ortogonales, centradas en cero). El GGE Biplot (Yan W, Hunt L, A 2002.) es otra forma de análisis similar, que combina el efecto principal del genotipo y la interacción GxA generando gráficos que facilitan la interpretación de los datos (Bernal, 2011).

Las herramientas estadísticas mencionadas son esenciales para la búsqueda de adaptaciones específicas dentro de un programa de mejoramiento genético vegetal. Es de interés para el presente trabajo, implementar estas metodologías para encontrar adaptaciones específicas en ensayos multiambientales de híbridos de Maíz. Se propone el uso de modelos mixtos, modelos GGE y modelos AMMI, que permitan maximizar la repetibilidad del valor genético de los materiales evaluados.

MATERIALES Y MÉTODOS

Durante la campaña 2012/13 se llevaron a cabo ensayos comparativos de rendimientos de maíz en 19 localidades de la región pampeana ubicadas entre los 30° y 35° de latitud sur de Argentina. Se puede tomar como referencia, a modo de orientación, la localidad ubicada más al norte de esta zona, La Para (Córdoba) y la ubicada más al sur, América (Bs. As.). En cada localidad se realizó un ensayo en bloques completos al azar con dos repeticiones. Cada ambiente tiene sus características particulares clima, suelo, factores bióticos (Plagas y Enfermedades) y condiciones de manejo para una localidad dada y para un año dado (Arroyo *et al.* 2005), pero se puede hacer una caracterización a grandes rasgos.

La región se caracteriza por tener un clima templado subhúmedo con invierno seco en la mayoría de las localidades ubicadas hacia el noroeste y húmedo en otras ubicadas hacia el sureste de esta zona. El régimen de precipitaciones por lo general es monzónico con una concentración de lluvias entre octubre y abril. Los suelos presentes en dicha región provienen de distintos factores de formación (Clima, Relieve, Material Originario, Biota y Tiempo) debido a su gran extensión geográfica y han sufrido diversos procesos de formación por lo que no se puede determinar un único tipo de suelo, pero sí tienen en común que todos son de buena a excelente aptitud agrícola.

Se realizó una siembra temprana. Se analizaron los datos de rendimiento estandarizados a una humedad de 14% de un total de 101 genotipos no identificados comercialmente representados cada uno por un número diferente, de los cuales 91 se encuentran en todos los ambientes. En 11 de las 19 localidades se encuentran todos los materiales estudiados.

Tabla 1. Localidades en las que se encuentran ubicados cada ensayo con su correspondiente rinde medio, desvío estándar y valores extremos.

Localidad	*Variable*	*Media*	*D.E.*	*Mín*	*Máx*
América	Rto/ha (tn)	10,20	1,32	7,15	13,48
Arrecifes	Rto/ha (tn)	5,86	0,87	2,92	7,72
Baldissera	Rto/ha (tn)	11,41	1,06	7,21	13,59
Cañada de Gómez	Rto/ha (tn)	10,71	0,96	6,87	12,58
El Trebol	Rto/ha (tn)	9,37	2,17	4,07	13,76
Elena	Rto/ha (tn)	7,95	1,42	4,44	11,66
Hughes	Rto/ha (tn)	10,32	1,50	5,70	12,76
Justiniano Posse	Rto/ha (tn)	11,69	0,83	7,90	13,75
Jesús María	Rto/ha (tn)	11,86	0,62	8,71	12,87
La Para	Rto/ha (tn)	8,60	1,05	5,13	10,95
Laguna Larga	Rto/ha (tn)	10,92	0,92	8,97	13,42
Mackena	Rto/ha (tn)	7,86	1,49	4,87	11,56
Montecristo	Rto/ha (tn)	8,94	1,11	5,16	11,33
Pergamino	Rto/ha (tn)	10,69	1,23	6,49	13,93
Pujato	Rto/ha (tn)	8,32	1,21	3,37	10,28
Rojas	Rto/ha (tn)	5,99	1,27	1,93	8,10
Teodelina	Rto/ha (tn)	6,41	1,37	3,51	11,11
Vedia	Rto/ha (tn)	8,73	1,67	4,41	12,25
Victoria	Rto/ha (tn)	5,31	0,96	2,41	7,34

Se analizaron los datos mediante el uso de distintos modelos para obtener mega-ambientes, se comenzó con Biplot GGE con la tabla con todas las localidades comprendidas y todos los datos descartando solamente los casos que no tenían valor. Luego se repitió el modelo pero a partir de un modelo mixto, con esta última matriz también se realizó un AMMI, luego un AMMI tradicional tratando de identificar mega-ambientes.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Comenzando con un análisis exploratorio del comportamiento de los distintos genotipos en algunos ambientes, graficamos aquellos materiales de mayor y menor rinde medio, y con mayor coeficiente de variación. Se pudo identificar que tienen un comportamiento muy parecido en los distintos ambientes estos genotipos mencionados.

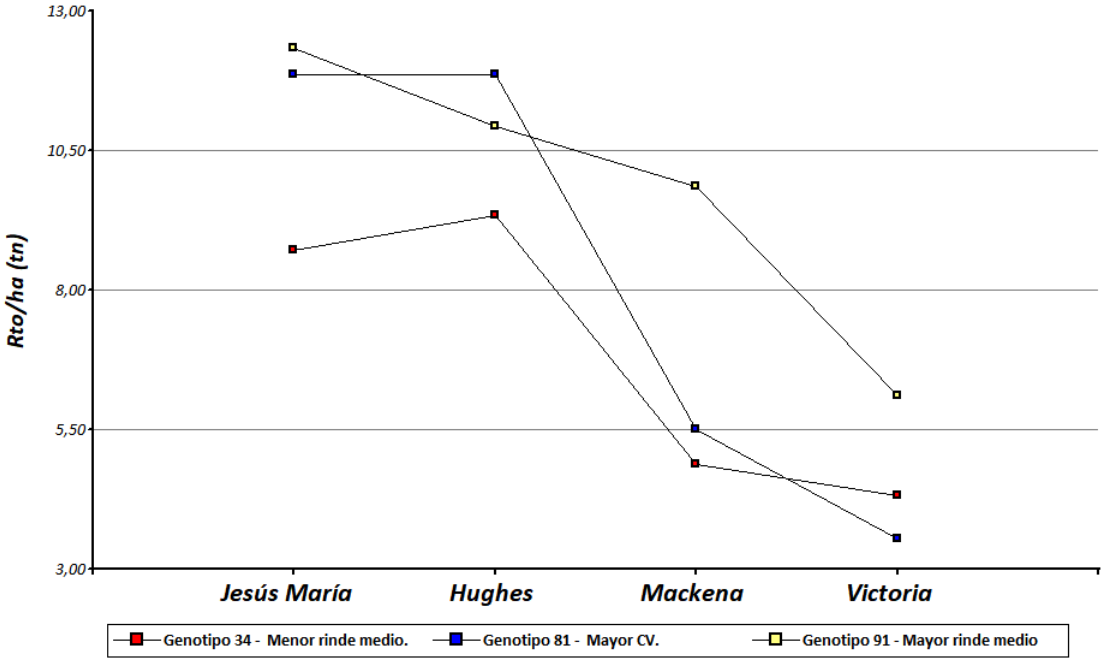

Figura 1. Interacción genotipo – ambiente de cuatro localidades en las que se obtuvieron valores extremos de rendimiento/ha., en Jesús María el máximo rinde medio (11,86 tn/ha), en Victoria el mínimo rinde medio (5,31 tn/ha) y, en Hughes y Mackena valores posicionados entre los extremos a modo de orientación. Del total de los genotipos, se graficaron en cada localidad el valor obtenido del genotipo de máximo rinde medio, menor rinde medio y con mayor coeficiente de variación.

En una primera instancia se realizó un GGE biplot el cual arrojó un bajo porcentaje de varianza explicada (27,5%) en la CP1 por lo cual no resultó representativo para tenerlo en cuenta para la formación de mega-ambientes, hay que destacar que la suma de la variabilidad total de los ejes del gráfico deben sumar más del 60% para que tenga confiabilidad. Probablemente debido a una gran variabilidad residual, la cual puede tener origen en: 1) errores de medición, 2) errores de muestreo (asociados con el mecanismo de observación) y/o 3) errores experimentales provenientes de heterogeneidades en el material experimental y/o en la aplicación de tratamientos (variación biológica y tecnológica). (Arroyo *et al.* 2005).

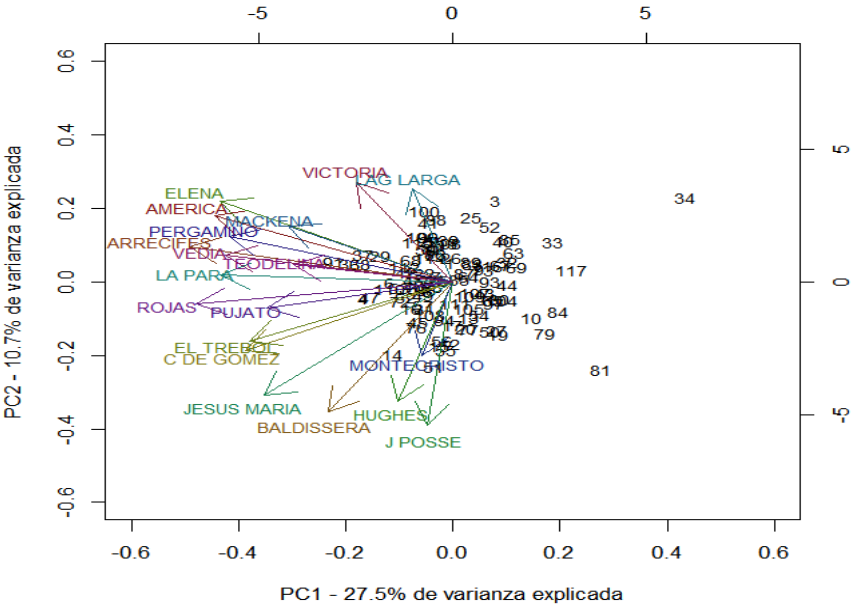

Figura 2. Resultado del GGE donde se observa un bajo porcentaje de varianza explicada (27,5%) en la CP1.

Luego se realizó otro GGE pero esta vez a partir de un modelo mixto, no se obtuvo un buen resultado, ya que el porcentaje de varianza que explicaba era alto para la CP1 (82,7%) y muy bajo para la CP2 (2,6%) el cual explica mucho de la variabilidad genética y poco de la interacción GE.

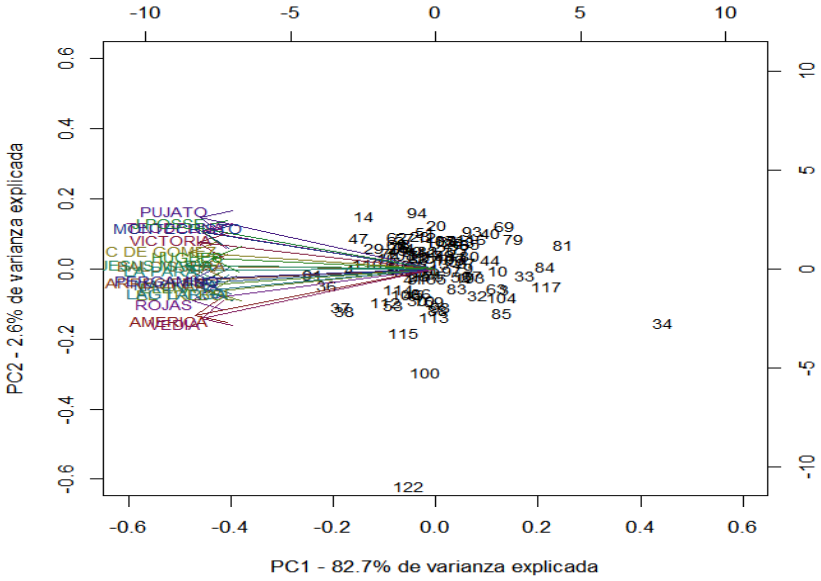

Figura 3. GGE biplot a partir de un modelo mixto.

Para comprender lo que nos muestra el gráfico aún más observamos el valor de porcentaje de variabilidad total que explica cada componente.

Tabla 2. Valores de los componentes de la varianza. Se puede ver que la interacción GE y G tiene un porcentaje de la variabilidad total muy parecidas.

Factor	Desvío estándar.	Varianza	% de la variabilidad total
Loc:Gen	0.48541	0.2356	4.04%
Genotipo	0.50520	0.2552	4.37%
Localidad	2.05360	4.2172	72.28%
Residual	1.0615	1.1267	19.31%

Como se puede observar las localidades aportan el 72,28 % al porcentaje de variabilidad total, aunque el gráfico muestra mucha variabilidad por parte de los genotipos el aporte a la variabilidad total no es elevado.

Para poder encontrar resultados sobre la interacción GE más precisos se realizó un modelo AMMI tradicional.

Este modelo ha demostrado ser más eficiente que otras técnicas tradicionales de análisis donde es imprescindible discernir en detalle sobre las características de la interacción GE (Zobel et al., 1988; Nachit et al., 1992; Yan, 1995).

Del mismo se desprende que los porcentajes de la variabilidad total que explican las CP son bajos y explican poco de dicha interacción. (CP1 16,3% y CP2 10,5%).

Recordemos que para analizar un gráfico biplot hay que tener en cuenta los valores que sugieren las componentes principales. Scores de genotipos altos en la CP1 y valores de ambientes altos también en la misma componente se correlacionan positivamente, y negativamente con valores de ambientes bajos en la CP1. Los genotipos con valores cercanos a cero e la CP1 son considerados los más estables o los que contribuyen menos a la interacción GE.

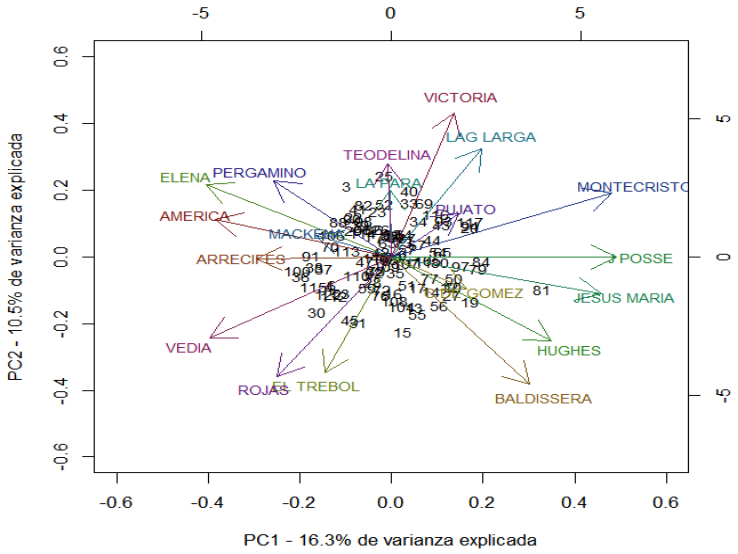

Figura 4. Biplot de un modelo AMMI tradicional.

La siguiente instancia fue realizar un AMMI a partir de un modelo mixto para analizar si había algún cambio en los porcentajes de varianza explicada.

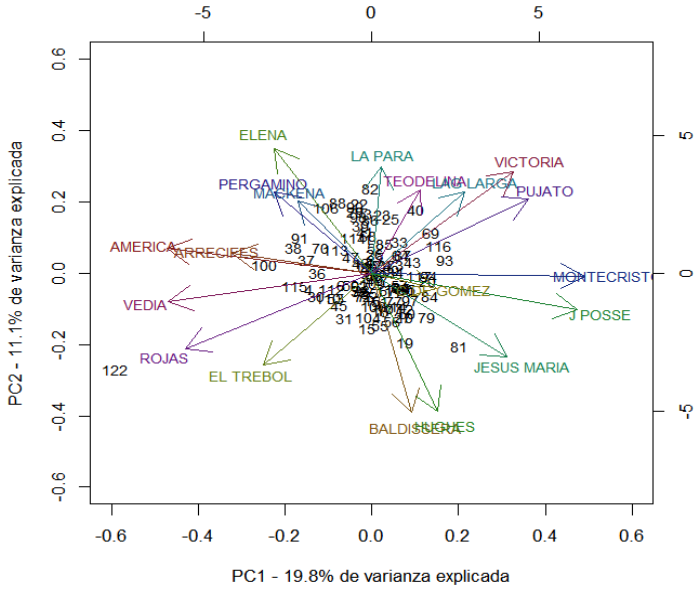

Figura 5. Biplot de un modelo AMMI realizado a partir de un modelo mixto.

Los resultados obtenidos en este gráfico tampoco fueron muy buenos, los porcentajes de varianza explicada en cada eje fueron los más altos.

CONCLUSIONES

Las herramientas estadísticas son de gran importancia en la determinación de mega-ambientes, sin ellas sería una tarea que demandaría excesivo tiempo e imprecisión.

El uso de modelos GGE Biplots y AMMI no fue suficiente para la determinación de regiones de comportamiento similar, inclusive obteniéndose a partir de modelos de efectos fijos y de modelo de efectos mixtos o aleatorios dichos gráficos.

Esto debido al comportamiento muy similar de los distintos genotipos en los ambientes probados. Se considera una campaña particular ya que el área afectada en el ensayo es prácticamente la región agrícola tradicional del país donde hay rindes diferenciales de acuerdo a la variación de las condiciones climáticas y características edáficas. También se le suma a que son genotipos que se encuentran en etapas avanzadas de mejoramiento y la variabilidad genética es muy reducida.

BIBLIOGRAFÍA

Aguate F.M. 2017. Desarrollo de Herramientas Estadístico-Computacionales para el Análisis de Ensayos Agrícolas Multiambientales.

Arief V.N., DeLacy I.H., Crossa J., Payne T., Singh R., Braun H.-J., Tian T., Basford K.E. and Dieters M.J. 2015. Evaluating testing strategies for plant breeding field trials: redesigning a CIMMYT international wheatnursery. *CropSci.* 55, 164–177.

Ashraf M., Iqbal Z., Arshad M., Waheed A., Asad G., Chaudhry Z., Baig D. 2010. Multi-environment response in seed yield of soybean [Glycinemax (L.) merrill], genotypes through GGE biplot technique. *Pakistan Journal of Botany.* 42.

Balzarini M.G., Gonzalez L., Tablada M., Casanoves F., Di Rienzo J.A., Robledo C.W. 2008. Infostat. Manual del Usuario, Editorial Brujas, Córdoba, Argentina.

Balzarini M.G., Di Rienzo J.A. InfoGen versión 2013. FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. URL http://www.info-gen.com.ar

Arroyo C., Balzarini M., Bruno C. 2005. Análisis de ensayos agrícolas multiambientales – Ejemplos con InfoGen.

Balzarini, M.; Di Rienzo, J. 2004. Info-Gen: Software para análisis estadístico de datos genéticos. Universidad Nacional de Córdoba. Córdoba. Argentina.

Bolsa de Cereales de Córdoba. Cultivo de Maíz: Valores finales de producción 2012/13. 2013. URL http://www.bccba.com.ar

Di Rienzo J.A., Casanoves F., Balzarini M.G., Gonzalez L., Tablada M., Robledo C.W. InfoStat versión 2011. FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. URL http://www.infostat.com.ar

FAO. Cultivos. Cantidades de producción de Maíz por país. Diciembre 2017. URL http://www.fao.org/faostat/es/#data/QC/visualize

Frutos Bernal, E. Interacción genotipo-ambiente: GGE Biplot y modelos AMMI. 2011. URL http://hdl.handle.net/10366/121900

López, C. et al. Informe final campaña 2012/13 cultivos: maíz y sorgo. 2013. URL https://inta.gob.ar/documentos/informe-final-campana-2012-2013.-cultivos-maiz-y-sorgo

Lozano-Ramirez, Águeda et al. 2015. Modelación de la interacción genotipo X ambiente en rendimiento de híbridos de maíz blanco en ambientes múltiples.*Rev. fitotec. mex*, Chapingo , v. 38, n. 4, p. 337-347.

Rivetti A.R. Producción de maíz bajo diferentes regímenes de riego complementario en Río Cuarto, Córdoba, Argentina. I. Rendimiento en grano de maíz y sus componentes. 2006. *Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias.* 38, 25-36.