

Estabilidad y Estimación de ACG de Líneas de Maíz Basados en los Modelos SREG y AMMI

Stability and Estimation of GCA of Maize Lines Based on AMMI and SREG Models

Alfredo de la Rosa Loera^{a*}, *Humberto De León Castillo*^a, *Daniel Sámano Garduño*^a y *Juan Espinosa Gutiérrez*^a

^a *Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Calzada Antonio Narro 1923, Col. Buenavista, C.P.25315 Saltillo, Coahuila. México.*

Resumen

Los programas de mejoramiento enfocados a la obtención de híbridos poseen al menos un grupo germoplásmico (GG) sobresaliente, cuyas líneas exhiben alta heterosis al cruzarse con líneas o cruza simples de otros grupos; También es común que dispongan y estén interesados en generar información sobre patrones heteróticos donde participe ese grupo. En este estudio 10 líneas pertenecientes al grupo más representativo del Instituto Mexicano del Maíz de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro denominado maíz enano, se aparearon con 28 cruza simples (probadores) representativas de cuatro GG de buen comportamiento y diferentes al maíz enano, con los objetivos de poner a consideración de los mejoradores dos nuevos criterios estadísticos para fortalecer el proceso de selección: i) seleccionar líneas con base a su estabilidad en ACG, ii) seleccionar líneas en base a su ACG, empleando los modelos estadísticos, efectos principales aditivos y la interacción multiplicativa (AMMI) y el de regresión en los sitios (SREG);. Con estas metas 255 híbridos triples experimentales, fueron evaluados durante el 2003 en dos localidades: Celaya, Guanajuato y El Prado, Nuevo León, bajo un diseño de bloques incompletos. Los estimados de ACG de las líneas dentro de GG, fueron analizados de forma combinada por los modelos AMMI y SREG lo que permitió explorar la estabilidad de ACG a través de GG. Los resultados indican que la línea con mejor estabilidad en ACG fue la 14, mientras que la línea con mejor ACG fue la 19.

Palabras clave: *Zea mays* L., ACG, SREG Y AMMI.

Abstract

The maize breeding programs focused to the obtaining hybrids must have at least an excellent germoplasmic group (GG), whose lines exhibit high heterosis when crossing with lines or single crosses of other groups; also it is common that they arrange and they are interested in generating more information about heterotic patterns where participates that group. In this study 10 lines belonging to the most representative group of the Mexican Institute of the Maize of the Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro denominated dwarf maize, these lines were mated with 28 single crosses (testers) representative of four GG and different from the dwarf maize, with the objectives to put to consideration of the breeders two new statistical criteria to fortify the selection process: i) to select to lines based on its stability in GCA, ii) to select lines based on its GCA by using the statistical models, Additive Main Effect and Multiplicative Interaction (AMMI) and the one sites regression (SREG); ii) With these goals 255 experimental three way hybrids, were evaluated during the 2003 in two locations: Celaya, Guanajuato and El Prado, Nuevo Leon, under a incomplete blocks design. The estimated of GCA from the lines within GG, were analyzed in combined form by the models AMMI and SREG which allowed exploring the stability of GCA through GG. The results indicate that the line with the best stability in GCA was the 14, while the line with the best GCA was the 19.

Key words: *Zea mays* L., GCA, SREG and AMMI.

Introducción

El programa de mejoramiento del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (IMM-UAAAN) cuenta con un grupo germoplásmico (GG) de comportamiento agronómico sobresaliente tanto de manera *per se* como en combinaciones híbridas, con amplia plasticidad de adaptación, se distingue de otros GG principalmente porque todas sus plantas portan el gen braquítico ($br_2 br_2$) en condición homocigótica por esa razón se le identifica como maíz enano, de él se han liberado variedades sintéticas así como progenies endogámicas que actualmente son progenitoras de híbridos comerciales.

En esta ocasión se pretende clasificar a 10 líneas derivadas de este grupo, por sus efectos de aptitud combinatoria general (ACG), y la respuesta de este parámetro a la interacción. Así como aprovechar la información proporcionada por los diferentes fondos genéticos de los probadores para ubicarlas en grupos específicos con atención a su respuesta heterótica. Con esta finalidad en el presente estudio a partir de 255 híbridos triples formados entre el cruzamiento de las 10 líneas derivadas del grupo de maíz enano, con 28 cruza simples que representan a cuatro GG de uso en el programa de mejoramiento del IMM. Se plantearon los objetivos de estimar los efectos de ACG que las líneas enanas exhiban con cada GG y explorar la estabilidad de la ACG de cada línea, a través de GG, empleando el modelo “Regresión en los Sitios” (SREG); así como determinar en promedio con que GG son con los que muestran más heterosis, y que GG son los que poseen mayor poder de discriminación entre las líneas.

Yan *et al.* (2007) indican que los gráficos biplot GGE generados por el modelo SREG, son útiles en la exploración del comportamiento de la interacción genotipo ambiente; en la identificación del mejor genotipo por ambiente; para estimar el potencial de rendimiento y estabilidad de los genotipos evaluados; y para clasificar la habilidad de discriminar y conocer la representatividad de los ambientes de una región de interés.

Los programas de mejoramiento enfocados a la obtención de híbridos deben poseer al menos un grupo germoplásmico (GG) sobresaliente, cuyos descendientes endogámicos exhiban alta heterosis al cruzarse con líneas o cruza simples de otros grupos. Y tener estimados de ACG y ACE de las variables de interés económico, de los progenitores. Normalmente estos efectos pueden ser estimados por el diseño línea por probador (Singh y Chaudary, 1985).

Menz *et al.* (1999) mencionan que los híbridos simples (probadores) usados para clasificar líneas presentan ventajas prácticas, entre las que destaca la posibilidad de detectar híbridos triples con potencial comercial. En este trabajo todos los probadores son cruza simples.

Materiales y Métodos

El material genético consistió en 255 híbridos triples producto del cruzamiento de 10 líneas de grupo germoplásmico (GG) de maíz enano, con 28 cruza simples (probadores) representativas de cuatro GG. Cuyo nombre y número de cruza simples con que participó es el siguiente: el GG ideotipo con 7, el élite con 7, el QPM con 9 y el tropical con 5 una descripción detallada de estos grupos la proporciona De León *et al.* (2005).

En esta trabajo sólo se describirá a el grupo de maíz enano, quien se considera como el germoplasma más sobresaliente y representativo del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario

E. Castro Gil^o (IMM) de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) el cual está constituido por plantas braquíticas (br_2 br_2), se caracteriza por, soportar altas densidades de siembra, poseer plasticidad de adaptación a climas variados, exhibe madurez diversa por lo que se pueden encontrar familias precoces e intermedias, posee entrenudos cortos debajo de la mazorca, hojas breves y erectas, espigas compactas, grano dentado y buena respuesta a los insumos agrícolas y a las combinaciones con material no emparentado. Los cruzamientos se realizaron en el campo experimental de Tepalcingo, Morelos en el ciclo Otoño-Invierno 2002, en donde las líneas se utilizaron como machos de las cruza simples de los otros grupos restantes. Los híbridos triples (255), fueron evaluados en el ciclo Primavera-Verano del 2003 en dos localidades: Celaya, Guanajuato y El Prado, Nuevo León.

El diseño de siembra en cada experimento fue en bloques incompletos con un arreglo alfa-látice con dos repeticiones por localidad. La parcela experimental consistió en un surco con 21 plantas separadas a 0.19 m, con una distancia entre surcos de 0.75 m.

La variable considerada para la estimación de ACG por GG así como para la exploración de la estabilidad de la ACG a través de GG de las líneas, fue exclusivamente la de rendimiento de mazorca al 15.5 % de humedad en $t\ ha^{-1}$ (REND).

Los datos de las evaluaciones de los híbridos triples, fueron analizados bajo el diseño de bloques completamente al azar a través de ambientes, siguiendo la estrategia de línea por probador, con una rutina para SAS bajo el siguiente modelo estadístico:

$$Y_{ijkl} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + L_k + P_l + LP_{kl} + \alpha L_{ik} + \alpha P_{il} + \alpha LP_{ikl} + \xi_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijkl} = variable de respuesta;

μ = efecto de la media general;

α_i = efecto de la i -ésima localidad;

$\beta_{j(i)}$ = efecto de j -ésimo bloque dentro de la i -ésima localidad;

L_k = efecto de la k -ésima línea;

P_l = efecto del l -ésimo probador;

LP_{kl} = efecto de la k -ésima línea en el l -ésimo probador;

αL_{ik} = efecto de la k -ésima línea por la i -ésima localidad;

αP_{il} = efecto del l -ésimo probador por la i -ésima localidad;

αLP_{ikl} = efecto de la k -ésima línea por el l -ésimo probador por la i -ésima localidad;

ξ_{ijkl} = efecto del error

Los efectos de ACG para líneas se estimaron con la siguiente fórmula:

$$gi = \frac{Xi...}{prL} - \frac{X....}{lpr}$$

Donde: gi = aptitud combinatoria general de las líneas; l = No. de líneas; p = No. de probadores y L = No. de localidades.

Para modelar la respuesta de ACG de las líneas, los grupos germoplásmico y la interacción entre ellos, se emplearon los diseños estadísticos AMMI y SREG cuyos modelos matemáticos se presentan a continuación:

$$\text{AMMI}_2 = Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + R_{ij} \quad (\text{Vargas y Crossa, 2000})$$

$$\text{SREG} = Y_{ij} = \mu + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + R_{ij} \quad (\text{Crossa et al., 2002})$$

donde: Y_{ij} = ACG para rendimiento de la i -ésima línea en el j -ésimo grupo germoplásmico; μ = media general de ACG; g_i = efecto de ACG de la i -ésima línea; e_j = efecto de ACG del j -ésimo grupo germoplásmico; λ_k = raíz cuadrada del vector característico del k -ésimo eje del ACP; α_{ik} = calificación del ACP para el k -ésimo eje de ACG de la i -ésima línea; γ_{jk} = calificación del ACP para el k -ésimo eje para ACG del j -ésimo probador; R_{ij} = residual del modelo con $\sim \text{DNI}(0, \frac{\sigma^2}{r})$.

Los datos de estos arreglos fueron procesados empleando la rutina de SAS propuesta por Burgueño *et al.* (2003).

La exploración del patrón de respuesta del efecto lineal de la ACG junto con el efecto multiplicativo de la interacción de la ACG de las líneas enanas con los cuatro GG, se realizó con el auxilio del gráfico GGE que se grafica con las coordenadas de los ambientes y genotipos del primer componente principal contra los valores del segundo componente principal y se genera con los valores singulares centrados en ambientes o “gráfico de ambientes estandarizados” Yan y Hunt (2002) menciona que tal gráfica exhibe un polígono dividido en sectores, donde los genotipos que están en el vértice de un determinado tienen el mejor desempeño en todos los ambientes que incluya ese sector; la longitud de los vectores de los ambientes (GG) esta en relación directa con la habilidad de discriminación de los mismos: y el ángulo entre ambientes es proporcional al coeficiente de correlación que existe entre ellos.

Otro gráfico biplot que se utilizó para visualizar la magnitud de los valores genéticos de los materiales y explorar su estabilidad (se genera con los mismos datos empleados en la gráfica anterior, sólo que a ellos se le agrega un termino multiplicativo correspondiente a las coordenadas generadas para el promedio de los grupos germoplásmicos Yan y Hunt (2002) mencionan que por dicha coordenada y el origen de la gráfica debe pasar la línea de las abscisa lo que ocasiona que se roten los ejes cartesianos, esto sirve para asegurar que la ubicación de los genotipos esta en correlación con los valores de la abscisa; mientras que la estabilidad de los genotipos se mide por la distancia de las coordenadas de los genotipos con relación a la abscisa, entre menos distancia mayor estabilidad.

Para interpretar los resultados del gráfico GGE, a las condiciones de este trabajo, fue necesario adecuar los datos originalmente descritas por Yan *et al.* (2000) para un análisis de rendimiento de híbridos evaluados en diferentes ambientes, a las condiciones prevalecientes en el presente estudio), aquí en el cuadro de doble entrada las líneas ocuparon el lugar de los híbridos y los valores de ACG por GG reemplazaron a las celdas de rendimiento por ambiente y los ambientes fueron substituidos por los grupos germoplásmicos.

Las adecuaciones permiten las siguientes interpretaciones: i) las líneas y GG que están en un mismo sector dentro del polígono significa que están asociados, es decir son líneas que producen efectos de ACG favorables con el o los GG implicados; ii) la longitud del vector se correlaciona positivamente, en caso de GG con el potencial de discriminación, y en el caso de líneas con el valor de los efectos en ACG; iii) por el ángulo que forman los vectores de diferente GG con el origen entre menor sea éste, equivale a que hacen una clasificación semejante de las líneas, mientras que para las líneas ángulos de los genotipos cercanos al origen significan que son las más estables.

Resultados y Discusión

ACG de las líneas: del Cuadro 1 la última columna representa los promedios de ACG de cada línea a través de las cruzas simples de los cuatro GG. Las líneas 11, 14, 19 y 20 son estadísticamente diferente de cero ($P \leq 0.01$). En la línea 11 el valor más alto de ACG se exhibió al combinarse con las cruzas simples del grupo tropical, sin embargo también presenta valores favorables y diferentes de cero con los GG QPM y élite. El cruzamiento de la línea 11 con cruzas simples del ideotipo presentó valores negativos de ACG aunque estadísticamente igual a cero, esto se debe a el grado de parentesco genético que tienen esta línea con el grupo ideotipo ya que este último se originó de la transformación de plantas enanas a normales mediante un programa continuo de retrocruzas (De León, 2005).

La línea 14 presentó efectos favorables de ACG y estadísticamente diferentes de cero ($P \leq 0.01$) en combinación con las cruzas simples de los grupos QPM y tropical. Al combinar con cruzas simples del grupo élite presenta un valor de ACG también diferente de cero

En la línea 19 se encontraron efectos favorables de ACG y estadísticamente diferentes de cero ($P \leq 0.01$) en combinación con las cruzas simples de los tres grupos germoplásmicos: QPM, élite e ideotipo. La línea 20 presentó efectos de ACG diferentes de cero al $P \leq 0.01$ al combinarse con las cruzas simples del grupo élite y del grupo ideotipo.

En lo general los resultados anteriores coinciden con lo reportado por De León (2005) quien demostró que el grupo de maíz enano combina excelentemente con materiales de los GG tropical y QPM, al analizar en detalle los resultados es obvio que con las cruzas simples del GG QPM se detectaron mejores efectos de ACG.

La importancia de clasificar las líneas por su valor genético de la manera convencional es que permite estimar la aportación promedio de cada línea a su progenie híbrida. El riesgo de este procedimiento es que los efectos se pueden confundir cuando existe interacción cruzada entre los probadores empleados y dificultar, o en el extremo de los casos, sesgar la eficiencia de la selección.

En la Figura 1 se aprecia que por la respuesta a la interacción ACG x GG, las líneas se pueden clasificar por su respuesta similar en grupos, donde la línea 11 por su ubicación extrema en el lado positivo se le puede considerar como un solo grupo (grupo1). En otro grupo se observan las líneas: L14, L12 y L15 (Grupo 2). Las líneas: L17, L18, L13, L19 y L16 conforman otro aglomerado (grupo 3). Por su parte la L20 conforma el grupo 4. Algo semejante, pero con otro procedimiento, realizaron Soengas *et al.* (2003) quienes mencionan que cuando se utiliza un grupo de probadores divergentes en cruzas de prueba, se puede estimar la distancia genética de las líneas involucradas y estas pueden ser clasificadas en diferentes grupos basándose en el comportamiento de las cruzas y los probadores.

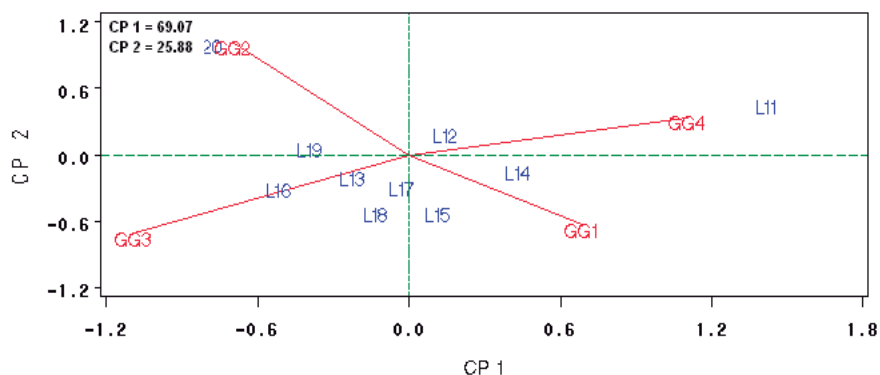


Figura 1. Gráfico AMMI para exploración de la interacción de ACG de las líneas del grupo enano a través de grupos germoplásmicos, para la variable rendimiento. GG1, GG2, GG3, y GG4 = Grupos germoplásmicos QPM, élite, ideotipo y tropical, respectivamente; L = Líneas; CP1 y CP2 = Componente principal 1y 2 respectivamente.

En atención al patrón de respuesta de la interacción que exhiben las líneas se consideran como buenas las líneas 17, 15, 12 y la 14 por su ubicación con relación al primer componente principal y también con relación al segundo componente esto significa que son estables a través de los probadores de cada GG. Mientras que las líneas 20 y 11 fueron las que presentaron mayor interacción lo que implica que la selección debe ser atendiendo la respuesta por GG, recuerde que el AMMI considera principalmente el comportamiento de la interacción.

Otro patrón de respuesta relevante de esta gráfica es la asociación de ACG de una línea con un grupo germoplásmico esta determinada por el ángulo que forma la línea con un GG determinado entre más agudo sea éste más fuerte es la asociación, como el caso de la línea L11 que está asociada positivamente con el grupo tropical (GG4), la línea L14 está asociada con el grupo QPM (GG1) y la línea L20 con el grupo élite (GG2). Mientras que la línea 11 no tiene asociación con los GG ideotipo y élite por el valor del ángulo que se forma entre ellos que es muy cercano a 180° .

En lo que a los tipos de interacción se refiere (cruzada y no cruzada), entre los GG QPM y tropical, y los GG élite e ideotipo no detectaron interacción cruzada, por formar entre ellos un ángulo menor a los 90° lo que indica que dentro de estos pares de grupos las líneas se clasifican de una manera que favorece la selección. Sin embargo, al hacer una comparación entre estos pares de GG es obvio que entre ellos existe interacción cruzada, debido a que el ángulo formado entre ellos y el origen se encuentra entre los 90° y 180° significando que hacen el ordenamiento de las líneas de una forma completamente diferente.

Por la interacción cruzada existente entre los cuatro GG y atendiendo a lo reportado por Crossa *et al.* (2002) no es recomendable usar el promedio de los cuatro GG porque ello significa perder eficacia en la selección, se sugiere realizar la selección de las líneas en función del patrón de respuesta de los efectos cuando se considera la interacción de ACG con los GG más el efecto lineal de la ACG. Ya que este enfoque es más útil para los fitomejoradores, que el AMMI (De León *et al.*, 2005).

Una de las interpretaciones de la gráfica del modelo SREG indica que el material de mejor valor para ACG es aquel que muestre el vector positivo de mayor longitud y que su ubicación respecto al segundo componente sea cercano a cero.

La Figura 2 corresponde al patrón de respuesta de ACG mostrado por el modelo SREG de las líneas con los probadores de los cuatro GG. Se aprecia que no existe un material ideal de acuerdo a la descripción hecha por Yan *et al.* (2000), dado que ninguna línea está cerca de la abscisa. Lo que se atribuye a lo que menciona Crossa *et al.* (2002) que no es recomendable usar el promedio de los ambientes cuando entre ellos se presenta interacción del tipo cruzada, como se detectó en la Figura 1, ya que éstos hacen el ordenamiento de una forma completamente diferente y sesgan la selección. Es decir, este tipo de interacción dificulta detectar claramente cuál es el la mejor línea.

La línea con vector positivo y con un ángulo menor con respecto a la abscisa es la línea 14 lo que la identifica como la más estable pero con un efecto bajo de ACG asociado al vector de poca longitud, en este orden le siguen las líneas 19 y 11 que muestran mayor efecto de ACG pero con ángulos más alejados al origen, es decir, menos estables.

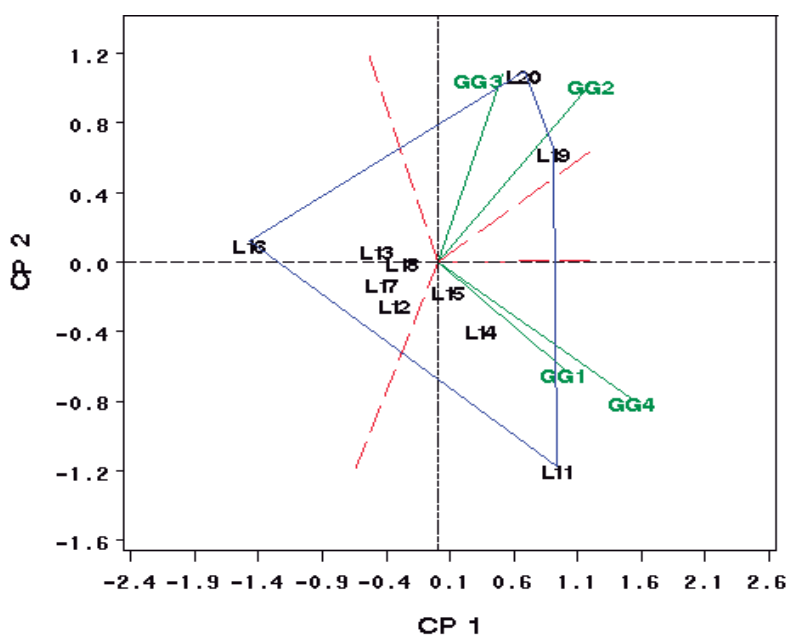


Figura 2. Gráfico GGE para analizar el patrón de respuesta de la ACG de las líneas y de la interacción de la ACG con los grupos germoplasmáticos, para la variable rendimiento. GG1, GG2, GG3 y GG4 = Grupos germoplasmáticos QPM, élite, ideotipo y tropical, respectivamente; L = líneas CP 1 y CP 2 = Componente principal 1 y 2, respectivamente.

El polígono de la Figura 2 fue dividido en cuatro sectores. Esta división indica que, las línea se comporta mejor con cada GG en este caso la 11 muestra los mejores efectos de ACG con los probadores QPM (GG1) los del grupo tropical (GG4) por estar dentro del mismo sector, mientras que las líneas 19 tiene efectos favorables de ACG con las cruza simples del grupo élite (GG3) y la línea 20 tiene efectos favorables con las cruza simples del GG ideotipo. Por otro lado el hecho de que los GG hayan quedado divididos en dos sectores indica que existe interacción cruzada entre ellos y la selección de líneas se debe de hacer con los GG con que estén asociados para no sesgar la eficiencia de la selección.

En la figura 3 se aprecia claramente que por la ubicación de las líneas en asociación con los valores de la abscisa la de mayores efectos promedio de ACG es la 19 seguida de la 20, la 11, la 14, y por último la 16, esto concuerda con los promedios de ACG del cuadro 1. Mientras que por su distancia con la abscisa las más estables y con favorables efectos de ACG

a través de grupos germoplásmicos son la 14, la 19, la 20 y la que más interacciona con los GG es la línea 11.

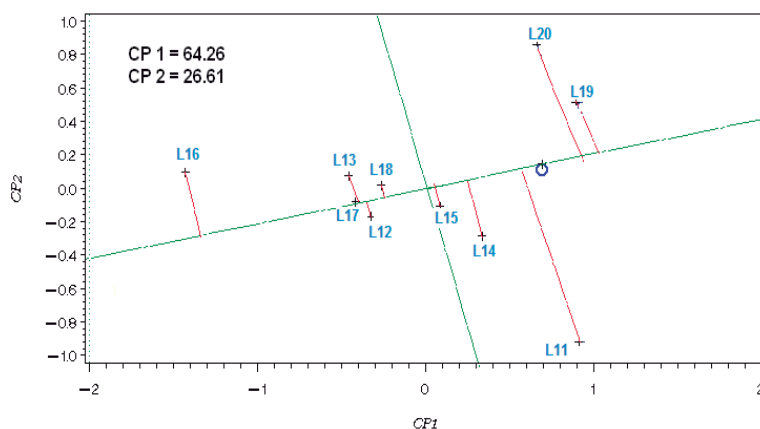


Figura 3. Gráfico GGE que muestra el potencial promedio de ACG exhibido por cada línea a través de probadores y la estabilidad de la ACG de las líneas.

Conclusiones

El trabajar de manera simultánea las técnicas convencionales, para seleccionar progenitores por sus valores de ACG, con los modelos AMMI y SREG se traducen en una mayor precisión en los resultados ya que en estos últimos, durante la selección. Además de los efectos genéticos lineales de la ACG se consideran los efectos multiplicativos de la ACG x probadores. Esto permitió identificar como sobresaliente por su valor genético y estable las líneas 14 y 19.

Literatura Citada

- Burgueño, J., J. Crossa and M. Vargas., 2003.** Graphing GE and GGE Biplots. In: Handbook of Formulas and Software for Plant Geneticists and Breeders. M. S. Kang, (ed.) Food Products Press. New York. pp:193-203.
- Crossa, J., P. L. Cornelius and W. Yan., 2002.** Biplots of linear- bilinear models for studying crossover genotype x environment interaction. *Crop Sci.* 42:619-633.
- De León-Castillo., H., F. Rincón-Sánchez., M. H. Reyes-Valdés., D. Sámano-Garduño., G. Martínez-Zambrano., R. Cabazos-Cadena y J. D. Figueroa-Cárdenas., 2005.** Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. *Rev. Fitotec. Méx.* Vol. 28(2): 135-143.
- Menz, M.A., A.R. Hallauer., and W.A. Russell., 1999.** Comparative response of two reciprocal recurrent selection methods in BS21 and BS22 maize populations. *Crop Sci.* 39:89-97.
- Singh, R. K. and Chaudary, B. D., 1985.** Line x Tester analysis. 3ª edición. *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis.* Pp 205-2014.
- Soengas, P., B. Ordás., R.A. Malvar., P. Revilla and A. Ordás., 2003.** Performance of flint maize in crosses with testers from different heterotic groups. *Maydica* 48:85-91.
- Vargas, M. J. and J. Crossa., 2000.** The AMMI analysis and the graph of the biplot in SAS. Available on: <<http://www.cimmyt.org/biometrics>>Access: on 2000.

Yan, W., L. A. Hunt., Q. Sheng and Z. Szlavnic., 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40:597–605.

Yan, W. and L. A. Hunt., 2002. Biplot analysis of diallel data. *Crop Sci.* 42:21-30.

Yan, W., M. S. Kang., B. Ma., S. Woods, and P. L. Cornelius., 2007. GGE Biplot vs. AMMI Analysis of Genotype-by Environment data. *Crop Sci* 47: 641-653