

Combinación de Estrategias Estadísticas para la Selección de Híbridos de Maíz

Combination of Statistics Strategies for a Maize Hybrid Selection

Beatriz Eugenia Treviño Cueto^{a*}, Daniel Sámano Garduño^a, Humberto De León Castillo^a, José Espinoza Velázquez^a, Raúl Gándara Huitrón^a y Graciela Vázquez Rosales^a

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

Resumen

Siendo necesario que el fitomejorador no descuide su programa de mejoramiento genético y tenga avances significativos en la formación e identificación de individuos cada vez mejores. En este proceso, el verdadero reto al que él se enfrenta es en la selección de los materiales más prometedores; por lo que tiene que utilizar nuevas y mejores técnicas de selección. Por lo cual el objetivo principal de este trabajo fue valorar el comportamiento agronómico de híbridos de maíz para seleccionar aquellos con mejores atributos para varios caracteres agrupados en un índice de selección (IS) y los más estables para un mega-ambiente y regiones de altitudes intermedias. El presente trabajo consistió en evaluar 13 características agronómicas fenotípicas de 220 híbridos; de los cuales 200 fueron híbridos experimentales y 20 híbridos testigos; en tres localidades bajo un diseño de bloques incompletos con dos repeticiones; para luego calcular su IS en base a estas. Luego se procedió a realizar la interacción genotipo-ambiente a través de un biplot GGE para establecer los mejores híbridos según su IS y estabilidad en las localidades. Los híbridos que presentaron un mejor IS y estabilidad fueron: 12, 49, 11 y 186. Los híbridos superiores por poseer atributos agronómicos deseables fueron: 28, 193, 143. El ambiente de Celaya, Gto., mostró el mayor poder discriminatorio de híbridos; Tlahuelilpan, Hgo. y El Prado, N.L., clasificaron de manera similar a los híbridos evaluados. Con el uso tanto de IS y el modelo SREG es posible la identificación eficiente y confiable de híbridos sobresalientes; así como la clasificación de las localidades.

Palabras clave: índice de selección; biplot GGE.

Abstract

The use of maize hybrids is a cue element in many developing countries to reach competitive levels in production being a necessity for the plant breeder not to neglect his improving genetical program as well as significant improvements on the formation and identification of better individuals. In this process the real challenge he has to face is the selection of the most promising materials therefore the use of new and better techniques would be essential. Consequently, the main goal of the present work was to evaluate the agronomical behavior of some hybrids of maize in order to select those with the best attributes for several grouped characters in a rate of selection and the most stable ones for a mega-environment and intermediate altitude regions. The present work consisted in evaluating 13 agronomical phenotypical characteristics of 220 hybrids from which 200 were experimental hybrids and 20 witness hybrids, in three communities under an incomplete blocks design with two repetitions, to calculate afterwards its IS based on these. Later on, the interaction genotype-environment took place through a biplot GGE to determine the best hybrids according to their IS and stability in the communities. The hybrids presenting the best IS and stability were: 12, 49, 11 and 186. The superior hybrids possessing desiring agronomical attributes were: 28, 193, 143. The Celaya, Gto. environment showed the biggest discriminatory power of hybrids; Tlahuelilpan, Hgo. and El Prado, N.L., classified in a similar way the evaluated hybrids. With the use of either IS or the SREG model the efficient and trustable identification of significant (or important) hybrids is possible as well as the communities.

Key word: index of selection; biplot GGE

Introducción

El uso de híbridos de maíz es un elemento clave en muchos países en desarrollo para alcanzar niveles competitivos en la producción (Espinosa *et al.*, 2002) ya que poseen un buen rendimiento, resistencia a plagas y enfermedades, una mayor adaptación y un porte adecuado de la planta que permite tener más plantas por unidad de superficie.

Siendo necesario que el fitomejorador no descuide su programa de mejoramiento genético y tenga avances significativos en la formación e identificación de individuos cada vez mejores. En este proceso, el verdadero reto al que él se enfrenta es en la selección de los materiales más prometedores, aunque el criterio de lo que es mejor dependa de lo que se desea mejorar, que generalmente significa la mejor calidad genética (Xu, 2003); por lo que tiene que utilizar nuevas y mejores técnicas de selección.

Pero la selección no debe de enfocarse en una sola característica, normalmente rendimiento, ya que se descuidan otras de importancia agronómica, pudiendo ser más efectiva si se consideran en forma simultánea varios caracteres (Celis *et al.*, 1986). En este caso, se puede hacer uso de tres métodos de selección: a) selección en tándem; b) niveles independientes de rechazo e; c) índices de selección. Siendo este último más eficiente para el mejoramiento en forma simultánea de varias características cuantitativas mediante selección (Lin, 1978; Bänziger y Lafitte, 1997; Sharma y Duveiller, 2003).

El valor del índice representa la suma de las distancias euclidianas de las variables con respecto a la meta deseada para cada genotipo. Aquellos genotipos con el menor valor de índice son las que minimizan dicha distancia y representan aquellos más cercanos a los criterios expresados en la meta asignada a cada variable, y por tanto, se pueden considerar como “superiores” (Barreto *et al.*, 1991).

Sin embargo, el comportamiento relativo de los híbridos puede cambiar a través de los diferentes ambientes de evaluación, limitando la exactitud de los estimados y complicando la identificación de los genotipos más prometedores (Crossa *et al.*, 1990). Siendo necesario analizar los efectos de la interacción genotipo-ambiente (IGA) para explorar la respuesta de los genotipos a ambientes específicos (Magari y Kang, 1993; Coutiño y Vidal, 2003; De León *et al.*, 2005). En este contexto, el “biplot” SREG (regresión en los sitios), permite agrupar ambientes y genotipos con semejante comportamiento e identificar de forma gráfica cuál es el genotipo con mayor potencial dentro de cada subgrupo de ambientes (Yan, 2002; Burgueño *et al.*, 2003).

El objetivo de esta investigación fue valorar el comportamiento agronómico de híbridos de maíz para seleccionar aquellos con mejores atributos para varios caracteres agrupados en un índice de selección y los más estables para un mega-ambiente y regiones de altitudes intermedias.

Materiales y Métodos

El material genético utilizado en este trabajo de investigación estuvo constituido por 220 híbridos de maíz, de los cuales 200 fueron híbridos triples de prueba, provenientes del programa de mejoramiento para el Bajío del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” (IMM) de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), y 20 testigos; de los cuales, cuatro fueron híbridos comerciales y el resto, híbridos sobresalientes del programa.

En Tepalcingo, Morelos en el ciclo agrícola Otoño – Invierno 2007-2008, se realizaron los cruzamientos entre 50 líneas endogámicas con seis cruza simples, todas del IMM de la UAAAN. Al atender el vigor y la coincidencia en la floración de los progenitores, algunas líneas solo se cruzaron con una cruza simple.

El total de los híbridos se evaluaron en tres localidades: dos en el Bajío (Tlahuelilpan, Hgo. y Celaya, Gto. con 2040 y 1754 msnm, respectivamente) y la otra en el norte del país (El Prado, Galeana, N.L., con 1890 msnm), durante el ciclo de Primavera – Verano del 2009. Se utilizó el diseño experimental de bloques incompletos con arreglo de α -látice con dos repeticiones por ambiente. La parcela experimental fue un surco de 5 m de longitud con 21 plantas separadas a 0.19 m y una separación entre surcos de 0.75 m, excepto para la localidad de El Prado, Galeana N.L. con una separación entre surco de 0.92 m.

Las variables evaluadas fueron: floración masculina y femenina (días); sincronía floral (días); altura de planta y mazorca (cm); relación altura de planta/mazorca (%); acame de raíz y tallo (%); plantas con fusarium spp (%); mala cobertura (%); calificación de planta y mazorca (1=muy buena, 5=muy mala) y; rendimiento de mazorca ($t\ ha^{-1}$) al 15.5% de humedad.

Los datos obtenidos de las 13 variables evaluadas se utilizaron para estimar el índice de selección (IS) propuesto por Barreto *et al.* (1991). El índice se calculó a través de la siguiente ecuación:

$$IS = \left\{ [(Y_j - M_j)^2 * I_j] + [(Y_i - M_i)^2 * I_i] + \dots [(Y_n - M_n)^2 * I_n] \right\}^{1/2}$$

en donde IS= Índice de selección; $Y_{j\dots n}$ =variable en unidades Z; $M_{j\dots n}$ = meta de selección; $I_{j\dots n}$ =intensidad de selección.

La meta de selección utilizada en cada una de las variables fue aquella que asegurara tomar en cuenta al 7 % del total de los híbridos, teniendo valores positivos para seleccionar genotipos arriba de la media y, valores negativos para considerar genotipos por debajo del promedio. La intensidad de selección reflejó la importancia relativa de las diferentes variables utilizadas, tomando valores de 0 a 10, donde el 10 se le asignó a las variables de mayor importancia para el mejorador. Considerando el mejor genotipo a aquel que tuvo el IS más pequeño, ya que es el que más cerca se encuentra de los criterios deseados (Barreto *et al.*, 1991).

Dado que las variables agronómicas utilizadas en el cálculo del IS se encontraban en diferentes unidades (días, centímetros, por ciento, toneladas, etc) fue necesario estandarizar los valores para cada una de las variables para así poder combinarlas usando la siguiente fórmula:

$Z = \frac{y_j - \bar{y}}{s}$ en donde Z = valor estandarizado; y_j = valor observado para la entrada j ; \bar{y} = promedio de todas las entradas; S = desviación estándar del grupo de entradas.

La construcción del IS se realizó para cada una de las repeticiones por cada localidad considerando 11 de las 13 variables evaluadas para cada híbrido ya que se excluyeron floración femenina y altura de mazorca, debido a que mostraron una correlación significativa con floración masculina y altura de planta.

Los resultados de IS obtenidos de los 220 híbridos, se analizaron bajo un diseño de bloques al azar con el programa SAS versión 9.1 (SAS Institute, 2004) en forma combinada a través de localidades, con la finalidad de observar diferencias significativas entre las localidades, bloques, híbridos e híbridos por localidad. También se obtuvieron las medias de los híbridos a través de localidades y en forma individual para cada localidad.

Para explorar la aportación de cada uno de los componentes a la variación total se particionó la suma de cuadrados de los híbridos en: experimentales, testigos y un contraste entre híbridos experimentales y testigos.

Debido a la importancia y significancia de la interacción híbridos x localidad, se utilizó el análisis lineal-bilineal SREG (regresión de los sitios) propuesto por Yang y Hunt (2002) con el propósito de explicar, mediante la técnica de componentes principales y el gráfico biplot, dicha interacción más el efecto principal de genotipos, por medio del siguiente modelo: $Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + R_{ij}$, donde Y_{ij} =rendimiento del i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente; μ_j =media en el ambiente j t =número de componentes principales; λ_k =raíz cuadrada del vector característico del k-ésimo eje del ACP; α_{ik} =calificación del ACP para el k-ésimo eje del i-ésimo genotipo; γ_{jk} =calificación del ACP para el k-ésimo eje del j-ésimo ambiente; R_{ij} =residual del modelo con $\sim \text{DNI}(0, \frac{\sigma^2}{r})$.

Este modelo se sometió a modificaciones importantes con el objetivo principal de seleccionar los híbridos de mejor IS y con la mejor estabilidad a través de las localidades, el gráfico generado adquirió un término adicional al considerar los eigenvalores correspondientes a las coordenadas del promedio ambiental (CPA) denominado “probador virtual” (P). Con la nueva coordenada y considerando el origen se trazó una línea que generó la rotación de los ejes y de esta manera la estabilidad de los genotipos se midió por la distancia de las coordenadas de los materiales con relación a la abscisa y los híbridos más estables fueron los más cercanos a esta línea P (Yan y Hunt, 2002).

Otra modificación consistió en trasladar los vectores de los ambientes a una posición opuesta (negativa) a lo normal, sin perder el sentido para lo que inicialmente fue planteado el modelo. De esta forma, fue factible dar una explicación y sentido más claro sobre el comportamiento de los IS, el comportamiento específico del IS de los genotipos a un ambiente en particular y finalmente estar en condiciones de seleccionar los genotipos prometedores con la ayuda de esta herramienta estadística visual (Peña 2008)

De acuerdo con el planteamiento de Yan *et al.* (2001) los híbridos y ambientes ideales fueron aquellos que tuvieron el vector de mayor longitud con relación al primer componente principal y que estaban cercanos al origen del segundo componente principal por su asociación directa con la estabilidad.

Resultados y Discusión

El análisis de varianza (Cuadro 1) detectó diferencias ($P \leq 0.01$) para la fuente de variación localidades para la variable índice, debido principalmente a las condiciones

climáticas, edáficas y de manejo de cada localidad, de aquí la importancia de evaluar los materiales genéticos en más de una sola localidad para así tener una mejor estimación de los parámetros evaluados, considerando los efectos ambientales.

Las diferencias entre repeticiones dentro de localidades fueron significativas ($P \leq 0.01$), siendo por lo tanto, eficiente el diseño experimental, y permitió quitar el efecto del error experimental para tener una mejor apreciación de las diferencias entre los híbridos.

La fuente de variación híbridos, también mostró diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) debido posiblemente a la diversidad genética presente en las líneas, cruza simples que formaron los híbridos de prueba y; por los tipos de cruza (experimental y testigo) involucrada en el estudio. La descomposición de la suma de cuadrados de híbridos, en experimentales y testigos, presentaron de igual manera diferencias significativas ($P \leq 0.01$), no siendo lo mismo para el contraste entre los híbridos experimentales y testigos, por presentar estos dos tipos de híbridos, una media general muy similar (Cuadro 1).

Cuadro 1. Análisis de varianza combinado a través de localidades para la variable índice de selección (IS) de 220 híbridos evaluados en el 2008.

F.V.	GL	S.C.	C.M.
Localidades (Loc)	2	1224.449	612.225 **
Bloques/loc	3	117.101	39.034 **
Híbridos (Hib)	219	5931.725	27.086 **
Experimentales (Exp)	198	5115.954	25.838 **
Testigos (Test)	20	778.650	38.933 **
Exp vs Test	1	37.121	37.121
Hib x Loc	438	4331.034	9.888 **
Exp x Loc	396	3744.253	9.455 **
Test x Loc	40	538.532	13.463 **
Error	837	5541.934	6.621
Total	1499	17340.867	
C.V.		20.117	
Media General		12.791	
Media Exp		12.870	
Media Test		12.480	

*, ** = significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; F.V.= fuentes de variación; GL = grados libertad; SC = suma de cuadrados; CM = cuadrados medios; C.V. = coeficiente de variación.

La variación observada en la fuente de variación híbridos fue debida principalmente a la variación presente en los híbridos experimentales (86.25 %) seguida de la variación de testigos (13.13 %). Dichas diferencias observadas pueden ser atribuidas a la diversidad en el fondo genético que tienen las líneas y cruza simples que formaron los híbridos; sin dejar de considerar la diferencia presentes en los híbridos utilizados como testigos, ya que algunos son comerciales y otros en proceso de caracterización.

Quizá otro factor que maximizo la diferencia en los híbridos fue la naturaleza que tiene la variable bajo estudio (IS) ya que integró en su valor a 11 variables agronómicas distintas. Por lo que fue muy poco probable que dos híbridos tuvieran un comportamiento similar en todas estas características. De esta manera, se origina la posibilidad de seleccionar al o los híbridos de mejor expresión agronómica.

Sin embargo, la selección y recomendación de los mejores individuos no puede hacerse en forma directa, debido a que la interacción híbridos por localidad (Cuadro 1) presento diferencias significativas ($P \leq 0.01$), así como también en los componentes de la descomposición de dicha fuente (experimentales x localidad y testigos x localidad). Estos resultados indicaron que los tratamientos cambiaron de orden relativo a través de las localidades. Para apreciar mejor esta aseveración, se concentraron en el Cuadro 2 las medias generales de los mejores 15 híbridos en cuanto a índice, así como su media obtenida en cada localidad.

En este Cuadro se puede observar que el rango del valor de índice de los mejores 15 genotipos se encuentra entre 8.798 a 10.020, estos valores reflejan la cercanía de las características de estos híbridos a las que el investigador desea, tales como buen rendimiento, relación mazorca-planta no mayor al 50 %, precocidad, sin problemas de acames y enfermedades.

Sin embargo, es posible observar también que la posición de estos híbridos en cada una de las tres localidades fue inconsistente (Cuadro 2), difiriendo drásticamente a los lugares que ocupan los mismos híbridos en las diferentes localidades; reafirmando la importancia que jugó la interacción genotipo x ambiente en este trabajo. En otras palabras, el ambiente influyó en el genotipo de tal manera que el fenotipo cambio la expresión de al menos una de las variables evaluadas, originando un valor de índice diferente en cada localidad, que repercutió en el cambio de orden de importancia de los híbridos.

Cuadro 2. Media general a través de localidades de los mejores 15 híbridos y su media por localidad para la variable índice de selección (IS)

Posición	Híb	General	Loc 1	Posición	Loc 2	Posición	Loc 3	Posición
1	28	8.798	8.528	5	4.996	1	12.870	83
2	12	8.823	7.338	2	6.849	4	12.281	49
3	193	8.924	10.056	24	6.951	5	9.766	5
4	143	9.054	9.693	19	8.743	31	8.727	2
5	26	9.281	6.518	1	9.336	42	11.989	43
6	21	9.296	8.769	6	8.968	35	10.153	9
7	183	9.338	9.238	12	9.199	38	9.579	4
8	75	9.668	9.413	15	7.983	16	11.609	33
9	218	9.729	9.115	10	8.554	26	11.519	30
10	11	9.775	10.135	27	8.659	27	10.530	12
11	25	9.802	9.117	11	11.878	126	8.411	1
12	49	9.832	8.968	8	8.132	18	12.398	56
13	191	9.911	12.454	96	7.273	9	10.007	7
14	186	9.999	9.047	9	8.202	20	12.750	76
15	182	10.020	10.816	40	8.138	19	11.107	20

Híb = híbrido; Loc = localidad

Ante estos resultados, la identificación y selección del o de los mejores materiales resultaría difícil y complicada, en donde las recomendaciones no serian las adecuadas, originando sesgos en la selección. Teniendo en cuenta la inconsistencia a través de los ambientes y a la gran cantidad de híbridos estudiados, se empleo el modelo de regresión se los

Literatura Citada

- Bänziger, M., and H.R. Lafitte., 1997.** Efficiency of secondary traits for improving maize for low-nitrogen target environments. *Crop Sci.* 37:1110–1117
- Barreto H J, J A Bolaños, H S Córdova., 1991.** Índice de Selección. Guía para la Operación del Software. Manual de Capacitación Regional. CIMMYT. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Guatemala, Guatemala.
- 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.
- Celis, A. D., J. D. Molina, G. y A. Martínez, G., 1986.** Estimación de parámetros genéticos e índices de selección de la variedad de maíz Zac 58. *Agrociencia.* 63: 134-136.
- Crossa, J., H. Gauch y R. Zobel., 1990.** Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Sci.* 30: 493-500
- Coutiño., E.B. y V.A. Vidal., 2003.** Estabilidad del rendimiento de grano de híbridos de maíz usando mejores predictores lineales insesgados. *Agrociencia.* 37:605-616.
- De León, C. H., F. Rincón, S., M. H. Reyes, V., D. Sámano, G., G. Martínez, Z., R. Cavazos, C. y J.D. Figueroa, C., 2005.** Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 28(2):135-143.
- Espinosa, C. a., M. Sierra, M. y N. Gómez, M., 2002.** Producción y tecnología de semillas mejoradas de maíz por el INIFAP en el escenario sin la PRONASE. *Agronomía Mesoamericana.* 14(1):117-121.
- Kempton, R. A., 1984.** The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *J. Agric. Sci.* 103:123-135.
- Lin, C. Y., 1978.** Index selection for genetic improvement of quantitative characters. *Theor. Appl. Genet.* 52:49-56.
- Margari, R. and M. Kang., 1993.** Genotype selection via a new yield stability statistic in maize yield trials. *Euphytica.* 70:105-111.
- Peña D. A. Z., 2008.** Identificación de germoplasma con atributos para desarrollar híbridos de maíz. Tesis de Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Pp: 71.
- Sharma, R.C., and E. Duveiller., 2003.** Selection index for improving *Helminthosporium* leaf blight resistance, maturity, and kernel weight in spring wheat. *Crop Science* 43:2031-2036.
- Xu, S., 2003.** Advanced statistical methods for estimating genetic variances in plants. *Plant Breed. Rev.* 22: 113-163.
- Yan, W., P. L. Cornelius, J. Crossa and L. A. Hunt., 2001.** Two types of GG for analyzing multi-environmental trial data. *Crop Sci.* 41:656-663.
- Yan W. and L. A. Hunt., 2002b.** Biplot analysis of multi-environment trial data *in* quantitative genetics, Genomics and Plant breeding edited by M. S. Kang. pp. 289-303.