

PREDICCIÓN DEL RENDIMIENTO DE HÍBRIDOS DE MAÍZ (*Zea mays* L.) EN AMBIENTES DE SIEMBRA TARDÍA

YIELD PREDICTION IN CORN HYBRIDS (*Zea mays* L.) IN LATE SOWING ENVIRONMENTS

Biasutti C.A.^{1*}, Balzarini M.B.²

¹Mejoramiento Genético Vegetal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, C.C. 509, 5000 Córdoba.

²Estadística y Biometría, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, C.C. 509, 5000 Córdoba.

* corresponding author: biasutti@agro.unc.edu.ar

ABSTRACT

Accurate prediction of the phenotypical performance of untested single-cross hybrids allows for a faster genetic progress of the breeding pool at a reduced cost. Yield data of maize hybrids were employed to predict the performance of new untested hybrids in late sowing environments. Different groups of predictor hybrids were formed using both data from high and low relatedness between predictors and predicted hybrids and by employing data from low and high yielding environments. A new group of hybrids were formed and evaluated in field trials to validate the predictions. The effectiveness of the predictions was investigated by means of the correlation coefficient between predicted and observed yield values. The best predictions of untested new hybrids were reached by using maximum relatedness information combined with data obtained in the best yielding environments.

Key words: maize, relationship, yield, BLUP

RESUMEN

La predicción precisa del comportamiento de híbridos de maíz no evaluados a campo permitirá un mayor progreso genético y menores costos en programas de mejoramiento genético. Datos de rendimiento de híbridos evaluados a campo se emplearon para predecir el comportamiento de nuevos híbridos en ambientes de siembra tardía. Se conformaron grupos de híbridos predictores de manera de maximizar y minimizar las relaciones de parentesco entre los híbridos predictores y aquellos a predecir y, por otra parte, utilizar valores de predicción obtenidos en ambientes de alto rendimiento y bajo rendimiento a fin de investigar la influencia de estos factores sobre la eficiencia de las predicciones. A fin de validar las predicciones se tomó un grupo de híbridos cuyo rendimiento en grano fue evaluado a campo, pero que no formaron parte del grupo inicial. Se calcularon los coeficientes de correlación entre los valores predichos y los observados para rendimiento con el fin de evaluar la efectividad de la predicción realizada. La mejor predicción de los híbridos no evaluados, se alcanzó utilizando la máxima relación de parentesco entre los híbridos combinada con datos obtenidos en el ambiente de mayor rendimiento promedio.

Palabras clave: maíz, parentesco, rendimiento, BLUP

Fecha de recepción: 2/11/2016
Fecha de aceptación de versión final: 2/03/2017

INTRODUCCIÓN

Para la obtención de cultivares híbridos, los mejoradores de maíz desarrollan en forma ininterrumpida gran cantidad de líneas endocriadas a partir de poblaciones F2 generadas por el reciclaje de líneas elite o líneas de segundo ciclo, a partir de retrocruzas o de poblaciones con alta variabilidad genética (Hallauer, 1990). Este proceso de endocria y selección, ha sido facilitado y acelerado en años recientes por la utilización de metodologías que permiten acortar los tiempos para la obtención de líneas homocigotas en maíz, como por ejemplo, la técnica de doble haploides (Seitz, 2005). Esto lleva a que exista un gran número de híbridos potenciales a obtener y probar experimentalmente a campo, sobre todo en lo que respecta a su potencial de rendimiento. Sin embargo, los mejoradores no pueden prácticamente evaluar todas las combinaciones simples entre las líneas endocriadas que disponen, debido que el número de cruzas posibles aumenta drásticamente al aumentar el número de líneas disponibles. No obstante, es posible evaluar un número considerablemente menor de híbridos y, en base al rendimiento de estos híbridos, se puede intentar predecir el rendimiento de los restantes híbridos no evaluados. Esto se puede lograr mediante el empleo de la predicción lineal insesgada de mínima varianza o BLUP (Henderson, 1975; 1984), la cual ha sido indicada por poseer una satisfactoria precisión en las predicciones (Piepho *et al.*, 2008). Otro factor muy importante a tener en cuenta es que los mejoradores rara vez cuentan con bases de datos balanceados. Frecuentemente las líneas elite son probadas en muchas combinaciones, mientras que otras aparecen en pocos pedigrís de híbridos. En un típico programa de mejoramiento de maíz, grupos de híbridos simples son evaluados en diferentes ensayos de rendimiento, en diferentes localidades y en diferentes años. Los híbridos evaluados cambian constantemente, dado que los de pobre rendimiento son descartados y nuevos híbridos son incorporados a los ensayos de evaluación.

Bernardo (1994; 1995; 1996a) ha indicado el empleo de BLUP como una metodología satisfactoria para la predicción de híbridos simples en maíz. Para la estimación de la precisión de las estimaciones de rendimiento, Bernardo (1995) utilizó la validación cruzada en base a la elección al azar de grupos híbridos predictores. Basados en los rendimientos de estos p híbridos predictores, los rendimientos de los restantes $(n - p)$ híbridos fueron predichos.

Bernardo (1996a) también evaluó la bondad de las predicciones mediante la eliminación del primer híbrido de la base de datos, n híbridos simples, y predicho a partir de los restantes $n-1$ híbridos simples. Similarmente evaluó las predicciones para el 2do, 3ro y restantes n -ésimos híbridos de la base de datos empleada, mediante los $n-1$ híbridos restantes. Este autor encontró correlaciones entre los valores predichos y los observados para rendimiento en grano, entre 0,583 y 0,749, a partir de un set de 67 híbridos simples (Bernardo, 1995) y de 0,426 a 0,762, con una base de 4.099 híbridos simples (Bernardo, 1996a). Estos resultados sugirieron que las estimaciones basadas en BLUP pueden ser empleadas rutinariamente en la identificación de cruzas simples superiores antes de ser evaluadas a campo (Bernardo, 1996a).

Esta estrategia de validación cruzada ha sido objetada dado que no reflejaría las circunstancias reales de un programa de mejora, donde una nueva línea podría ser cruzada solamente con unas pocas líneas probadoras y no con todas las disponibles (Schrag *et al.*, 2007).

Maenhout *et al.* (2008) utilizaron un esquema de validación cruzada en el cual se simulaba la falta de información de uno o de los dos parentales de un nuevo híbrido. Sin embargo estos procedimientos no tomaban en cuenta la ocurrencia de la interacción genotipo x ambiente, es decir, la correlación entre los valores predichos y observados puede ser influenciada por valores genotípicos marginales dados por un ambiente particular. Para mejorar esto Maenhout *et al.* (2010) utilizaron un ensayo adicional de validación a campo constituido por híbridos evaluados en un ensayo perfectamente balanceado.

De acuerdo a Bernardo (1995) para utilizar la técnica de BLUP para predicciones se necesita información relativa a: datos del comportamiento de híbridos relacionados y estimaciones de las relaciones de parentesco entre los genotipos evaluados. Incluso, se ha demostrado que aún con mediciones incompletas y/o erróneas del coeficiente de coancestría la técnica de BLUP es lo suficientemente robusta como para efectuar eficientemente las predicciones de comportamiento (Bernardo, 1996b).

En la mayoría de las predicciones analizadas se utilizaron bases de datos cuyos valores de rendimiento eran promedios de numerosos híbridos (>100) y en base al rendimiento medio observado en combinación de ambientes, años y localidades. Sin embargo, es de interés investigar cómo puede afectar la predicción el empleo de datos provenientes de diferentes ambientes.

En la zona centro norte de la provincia de Córdoba, en la última década, las lluvias de primavera han sido erráticas y mayormente escasas. Debido a esto, la elección de la fecha de siembra tardía en el cultivo de maíz se está generalizando como una herramienta para diversificar el período crítico, para sembrar en lotes con poca agua útil a la siembra o para sembrar ambientes que por su estructura tienen poca capacidad de retener agua. Las zonas donde más se ha generalizado la fecha tardía como alternativa a la fecha temprana son: el norte de Córdoba, La Pampa, San Luis, Suroeste de Córdoba y Oeste de Bs. As. (Dekalb, 2010).

El objetivo de este trabajo fue estimar la precisión de las predicciones empleando un reducido número de híbridos predictores y cuyo rendimiento fue evaluado en ambientes de siembra tardía (diciembre) con diferente potencial de rendimiento.

MATERIALES Y MÉTODOS

Cuarenta y nueve híbridos simples de maíz se dispusieron en ensayos en bloques completos aleatorizados, con dos repeticiones, durante cuatro ciclos agrícolas (ambientes 1 al 4). Los híbridos fueron obtenidos mediante la cruce de líneas obtenidas por autofecundación y selección siguiendo el patrón heterótico flint x dentado. Los ambientes de evaluación corresponden a la localidad del Campo Escuela de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de Córdoba (31° 29' S; 64° 00' W), comprendida en un área marginal para el cultivo de maíz (INTA, 1980). La época de siembra fue durante la segunda quincena del mes de diciembre para todos los ensayos. El número de híbridos experimentales evaluados fue variable a lo largo de las campañas, ya que algunos fueron descartados por pobre desempeño y, además, se fueron agregando nuevos híbridos experimentales, fundamentalmente en los dos últimos ambientes de evaluación.

El tamaño de parcela en cada ensayo fue de 2 surcos de 5 m de longitud, con una distancia entre surcos de 0,7 m. La distancia entre plantas dentro del surco fue en todos los casos de 0,25 m. Se sembraron 2 semillas por golpe, raleándose al estado de 2/3 hojas a una planta por golpe. Se aplicó un herbicida de pre-emergencia (atrazina) para control de las malezas. Después de la emergencia las malezas se controlaron manualmente. El rendimiento en grano se calculó en base al peso total de la parcela ajustado a un contenido de humedad del 14 %.

Para la estimación del grado de parentesco entre los híbridos se utilizó el coeficiente de coancestría de acuerdo a la metodología propuesta por Falconer (1981) empleando el procedimiento ProcInbreed de SAS (2004).

Para el cálculo de las predicciones se utilizó la ecuación (Bernardo 1995):

$$Y_{nt} = CV^{-1} (Y_t - X\beta)$$

Donde: Y_{nt} es el vector de méritos genéticos de híbridos no ensayados a campo (no evaluados); C es la matriz de covarianza entre los híbridos presentes en el experimento y los potenciales o no ensayados; V^{-1} : Matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas de los híbridos ensayados a campo; Y_t es el vector de valores fenotípicos de los híbridos ensayados; y $X\beta$, la esperanza de rendimiento para los híbridos ensayados. Luego $(Y_t - X\beta)$ representa los efectos de los híbridos ensayados.

Se empleó el procedimiento IML de SAS (2004) para el cómputo de las diferentes matrices involucradas en la predicción de los valores de rendimiento de los híbridos no testeados. Los grupos de híbridos predictores (10 híbridos por grupo) se eligieron de manera de maximizar y minimizar las relaciones de parentesco entre los híbridos predictores y aquellos a predecir y, por otra parte, utilizar valores de predicción obtenidos en ambientes de alto rendimiento (3ro y 4to ambientes) y de ambientes de bajo rendimiento (1ro y 2do ambientes) a fin de investigar la influencia de estos factores sobre la eficiencia de las predicciones.

A fin de validar las predicciones se tomó un grupo de 9 híbridos (Identificados con 1 a 9) cuyo rendimiento en grano fue evaluado a campo, pero que no formaron parte del grupo inicial de los 49 híbridos. Estos híbridos fueron evaluados a campo las campañas 2012 y 2013, en ensayos en bloques completos aleatorizados con tres repeticiones. Los ensayos se realizaron en el Campo Escuela de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Nacional de Córdoba. El rendimiento de estos híbridos, ajustado al 14 % de humedad, fue el realmente observado a campo y sobre el que se validó la predicción realizada en base al grupo de 49 híbridos iniciales.

Se calcularon los coeficientes de correlación de Pearson entre los valores predichos y los observados para rendimiento con el fin de evaluar la efectividad de la predicción realizada.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los valores de correlación entre los valores predichos y los observados a campo variaron de acuerdo a la magnitud de las relaciones de coancestría y si se utilizaron como predictores valores obtenidos en ambientes de bajo o alto rendimiento (Figura 1). La correlación entre los valores predichos y observados varió entre 0,39 a 0,51, según se utilizaran cruzas con el menor o mayor grado de parentesco entre los grupos de híbridos predictores y aquellos a predecir (Figuras 2 y 3). Al emplearse los valores de rendimiento de los híbridos predictores obtenidos en ambientes de altos rendimientos (ambientes 3 y 4), valor medio de los híbridos predictores 88,84 q/hq (Figura 4), y bajo rendimiento (ambientes 1 y 2), valor medio de los híbridos predictores 66,44 q/ha (Figura 5), las correlaciones entre los valores predichos y observados fueron de 0,53 y 0,48 respectivamente.

Estos valores de correlación son de una menor variabilidad comparados con el rango de correlaciones entre valores predichos y observados para rendimiento, 0,13 a 0,76 reportados por Bernardo (1996a, b). Esto es razonable si se tiene en cuenta la disparidad en el número de híbridos evaluados, 49 híbridos evaluados en este estudio versus 4.099 híbridos evaluados por el autor mencionado. Este autor examinó cruzas entre 10 grupos heteróticos, de los cuales el que mostró el menor coeficiente de correlación (0,13) correspondió al grupo con menor número de híbridos evaluados (62 híbridos). Se comprobó, además, que cuando se utilizan líneas parentales de híbridos de las cuales no hay información disponible, es decir información de su comportamiento en cruzas relacionadas, los coeficientes de correlación entre genotipos predictores y aquellos a predecir caen por debajo de 0,5 (Bernardo, 1996b). Esto se comprobó en este trabajo al obtener un coeficiente de correlación de 0,39 cuando se utilizaron híbridos predictores con la menor relación de coancestría con los híbridos a predecir.

El coeficiente de coancestría promedio entre los híbridos predictores y aquellos a predecir fue de 0,141 en el caso de la menor similitud entre los híbridos y de 0,152 al considerar la mayor similitud entre ambos grupos de híbridos. Por otra parte, las relaciones promedio entre los híbridos empleados como predictores fueron de 0,083 y de 0,103, respectivamente. Estos bajos coeficientes no impidieron obtener moderados coeficientes de correlación (0,48 y 0,53) entre las cruzas evaluadas y aquellas a predecir.

Sin embargo una pequeña diferencia en la magnitud del coeficiente de coancestría (0,01), entre la mayor y menor relación posible entre los híbridos predictores y aquellos a predecir, permitió elevar el coeficiente de correlación de 0,39 a 0,51.

Se ha argumentado que el coeficiente de coancestría tiende a aumentar cuando se cruzan líneas derivadas del reciclaje de líneas elite o líneas de segunda generación, donde las mejores líneas son cruzadas entre sí para formar nuevas poblaciones base para el desarrollo de nuevas líneas endocriadas. Como en este estudio la mayoría de las líneas no fueron obtenidas a partir de líneas de segunda generación, si no por la autofecundación de poblaciones mejoradas por selección recurrente, esos coeficientes están acordes a este material (Bernardo, 1996b).

A pesar de que los coeficientes de correlación encontrados en este estudio son menores que los hallados por otros autores (Bernardo, 1995; 1996a), debe tenerse en cuenta que se examinó un número reducido de híbridos (49) y que las relaciones de parentesco entre ellos eran bajas comparadas con los estudios mencionados. Maenhout et al. (2010) remarcaron que el empleo de bases de datos extensas no necesariamente implica una mejor precisión en la predicción, siempre y cuando los híbridos utilizados como predictores sean del mismo grupo heterótico que aquellos cuyo comportamiento se intenta predecir.

Estos autores, comparando la precisión de las estimaciones de los BLUP con la máquina vectorial de regresión (SRV), concluyeron, con respecto al rendimiento, que éste es el carácter menos aconsejable para la construcción de un modelo de predicción. Esto se basa en que en el rendimiento a menudo la interacción genotipo×ambiente excede la contribución genética de los genotipos con respecto a la varianza total. Si un carácter está sujeto a una gran interacción genotipo×ambiente, se puede esperar que los efectos genotípicos, estimados sobre un gran número de ambientes, muestren una desviación de una estimación obtenida en un ambiente en particular, lo que puede suceder con los datos de validación cruzada obtenidos en los modelos de predicción. Dado que el mayor coeficiente de correlación, 0,51, se obtuvo al utilizar los datos de rendimiento de los híbridos predictores en base al promedio de los dos ambientes de mayor rendimiento y que los híbridos a predecir también fueron evaluados en un ambiente de altos rendimientos promedio, media para rendimiento 78 q/ha, esto indicaría la necesidad de evaluar los híbridos predictores en ambientes no limitantes tendiente a evitar

la influencia de la interacción genotipo \times ambiente como lo manifestaran Maenhout *et al.* (2010), maximizando, de esta forma, la precisión de las predicciones basadas en los BLUPs. Lo anterior sería indicado cuando el carácter a predecir es el rendimiento, que por lógica, es el carácter final en el cual está centrado el interés del mejorador para descartar aquellos genotipos de menor expresión y sólo llevar a evaluación a campo a los superiores.

Scharg *et al.* (2010) demostraron que de acuerdo a la magnitud de las relaciones entre el material de cría, la utilización de la información basada en el pedigrí y en el comportamiento *per se* dieron por resultado la más alta eficiencia en la predicciones. Agrega también que, para un híbrido no evaluado, los datos fenotípicos de sus líneas parentales o de los híbridos que posean una línea parental en común, pueden ser empleados como estimadores de los efectos totales de los genes relevantes involucrados en la determinación del carácter, por ejemplo del rendimiento en grano. Solamente en el caso de que no existan híbridos con padres en común y tampoco información relativa a los padres, la información molecular es indispensable para identificar los mejores híbridos potenciales.

Se ha postulado que para que los estimadores BLUP sean efectivos es necesario disponer de un número de híbridos no inferior a 100, y cuanto mayor sea la cifra mejor será la precisión de las predicciones (Bernardo, 1996b).

A pesar del bajo número de genotipos empleado en este estudio, la correlación entre los híbridos predictores y aquellos a predecir fue de 0,51, valor que está dentro del rango hallado por los autores mencionados (0,45 a 0,75) teniendo en cuenta la evaluación en ambientes de mayores rendimientos.

Las correlaciones entre híbridos predictores y aquellos a predecir halladas en este trabajo indican que la técnica de BLUP puede utilizarse en programas de mejoramiento que no cuenten con gran cantidad de genotipos evaluados, por ejemplo menor a 100 genotipos. El empleo de datos de rendimiento obtenidos en los ambientes de mayor rendimiento conjuntamente con la utilización de aquellos genotipos que maximicen las relaciones de parentesco permitió la mejor eficiencia en las predicciones de los híbridos no evaluados. Aun cuando las diferencias entre la eficiencia de las predicciones en base al empleo de ambientes de alto y bajo rendimiento fueron pequeñas en términos del coeficiente de correlación (0,53 *vs.* 0,48), es necesario remarcar que las diferencias cuantitativas para rendimiento entre los ambientes no fueron considerables (88,84 q/ha *vs.* 66,44 q/ha). Sin embargo, en el caso de emplear datos predictores a partir de ambientes con mayores diferencias se puede justificar plenamente el uso de datos provenientes de ambientes de máximo potencial de rendimiento.

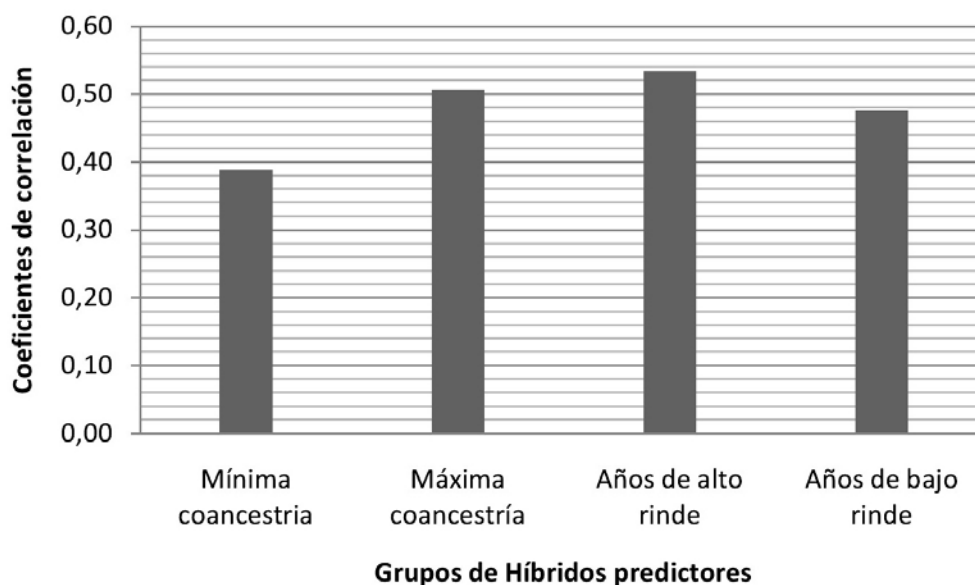


Figura 1. Coeficientes de correlación entre valores observados y predichos de rendimiento en grano para híbridos de maíz en base a diferentes grupos de híbridos predictores.

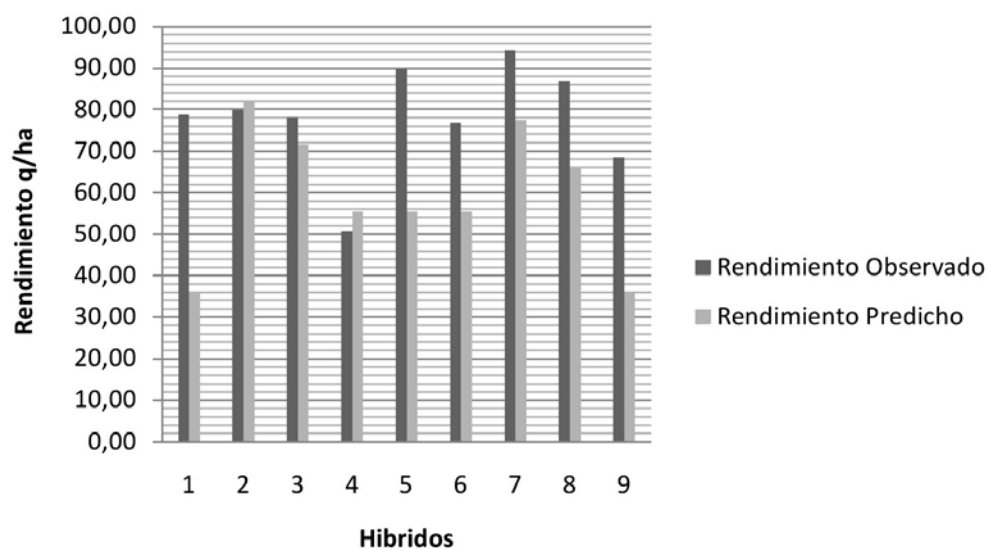


Figura 2. Rendimiento observado y predicho para nueve híbridos en base a menor relación de parentesco entre híbridos predictores y evaluados.

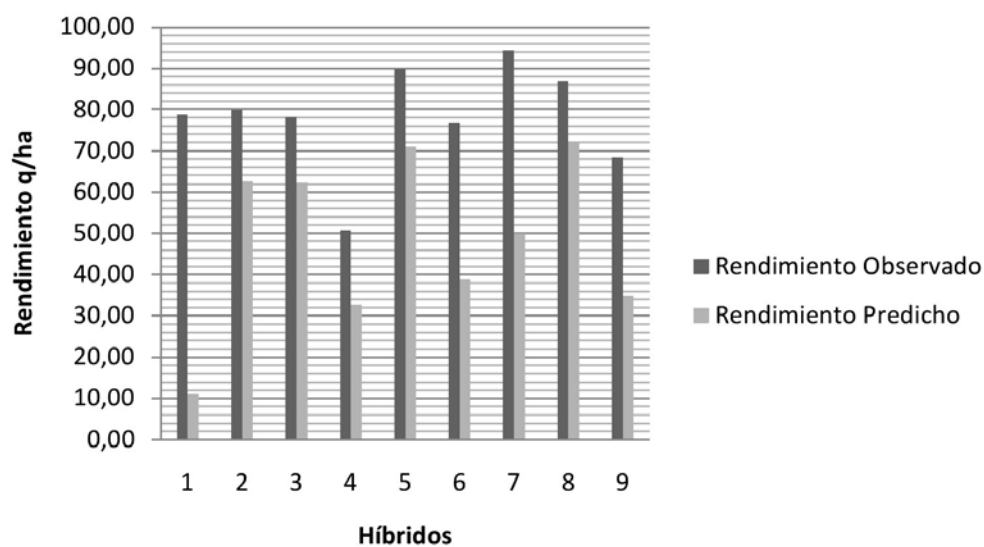


Figura 3. Rendimiento observado y predicho para nueve híbridos en base a la mayor relación de parentesco entre híbridos predictores y evaluados.

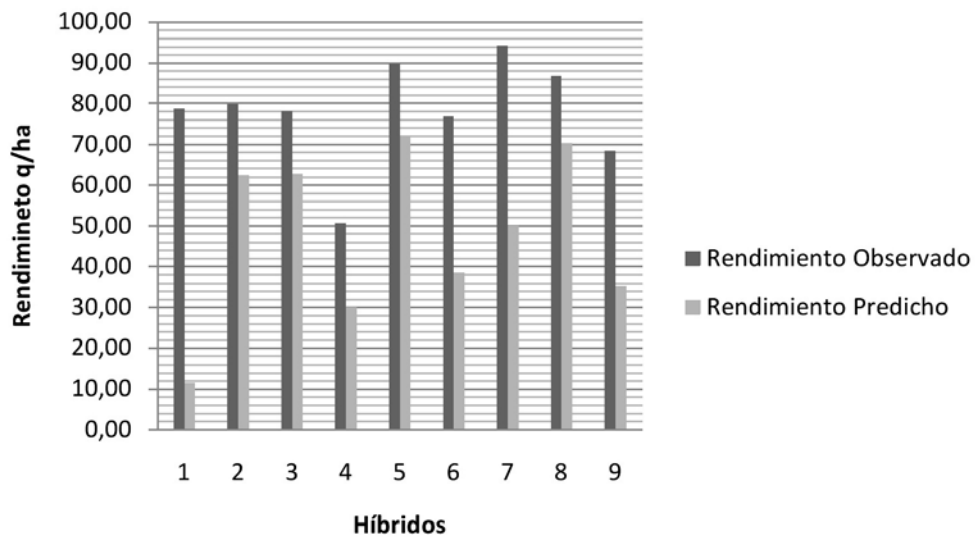


Figura 4. Rendimiento observado y predicho para nueve híbridos en base a los dos años de mayor rendimiento.

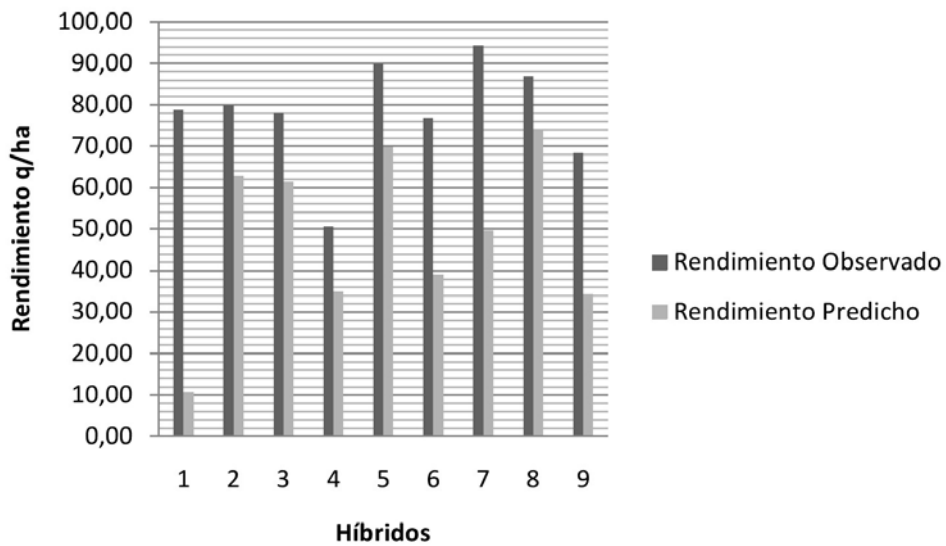


Figura 5. Rendimiento observado y predicho para nueve híbridos en base a los dos años de menor rendimiento.

BIBLIOGRAFÍA

- Bernardo R. (1994) Prediction of maize single cross performance using RFLPs and information from related hybrids. *Crop Sci.* 34: 20-25.
- Bernardo R. (1995) Genetic models for predicting maize single-cross performance in unbalanced yield trial data. *Crop Sci.* 35: 141-147.
- Bernardo R. (1996a) Best linear unbiased prediction of maize single cross performance. *Crop Sci.* 36: 50-56.
- Bernardo R. (1996b) Best linear unbiased prediction of the performance of crosses between untested maize inbreds. *Crop Sci.* 36: 872-876.
- Dekalb (2010) Boletín Técnico N° 14. Maíz Tardío y de Segunda. Edición N° 1. www.dekalb.com.ar.
- Falconer D.S. (1981) *Introducción a la Genética Cuantitativa*. 2nd Ed. Longman Inc. New York., 430 pp.
- Hallauer A.R. (1990) Methods used in developing maize inbreds. *Maydica* 35: 1-16.
- Henderson C.R. (1975) Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* 31: 423-447.
- Henderson C.R. (1984) *Applications of Linear Models in Animal Breeding*. University of Guelph, Ontario, Canada.
- INTA (1980) *El cultivo del Maíz*. Colección: Principales Cultivos de la Argentina. Buenos Aires, INTA, pp. 163.
- Maenhout S., De Baets B., Haesaert G., Van Bockstaele E. (2008) Marker-based screening of maize inbred lines using support vector machine regression. *Euphytica* 161: 123-131.
- Maenhout S., De Baets B., Haesaert G. (2010) Prediction of maize single-cross hybrid performance: support vector machine regression versus best linear prediction. *Theor. Appl. Genet.* 120: 415-427.
- Piepho H.P., Mohring J., Melchinger A.E., Büchse A. (2008) BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica* 161: 209-228.
- SAS Institute (2004) *Proc Inbreed. SAS User's Guide*. SAS Inst. Cary, NC.
- Schrag T.A., Maurer H.P., Melchinger A.E., Piepho H.P., Peleman J., Frisch M. (2007) Prediction of single-cross hybrid performance in maize using haplotype blocks associated with QTL for grain yield. *Theor. Appl. Genet.* 114: 1345-1355.
- Schrag T.A., Möhring J., Melchinger A.E., Kusterer B., Dhillon B.S., Piepho H.P., Frisch M. (2010) Prediction of hybrid performance in maize using molecular markers and joint analyses of hybrids and parental inbreds. *Theor. Appl. Genet.* 120: 451-461.
- Seitz G. (2005) The use of doubled haploids in corn breeding. En: *Proceedings of the 41st annual Illinois corn Breeders' School 2005*, Urbana-Champaign: 1-7.

AGRADECIMIENTOS

El presente trabajo fue posible gracias a subsidios otorgados por la Secretaría de Ciencia y Tecnología de la Universidad Nacional de Córdoba (Resoluciones 162/12 y 124/13).