

Evaluación de la interacción genotipo-ambiente aplicando Gge Biplot para caña de azúcar en Venezuela

Ramón Rea

Fundación Instituto de Estudios Avanzados
ramonrea@hotmail.com
Venezuela

**Orlando De Sousa-Vieira, Alida Díaz Ramón Miguel, Rosaura Briceño,
Gleenys Alejos, José George, Milagros Niño, Daynet Sosa**
Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas
ramonrea@hotmail.com
Venezuela

Fecha de recepción: 22 - 10 - 2015 Fecha de aceptación: 28- 12- 2015

Resumen

La selección de cultivares de caña de azúcar adaptados a diferentes ambientes se hace difícil cuando existe interacción genotipo x ambiente (IGA). Recientemente, ha sido utilizado un nuevo modelo multivariado denominado GGE biplot (SREG y GREG) para la interpretación de la IGA. En este modelo, los términos lineales de genotipos o ambientes no se consideran individualmente y se adicionan al término multiplicativo de la interacción genotipo

x ambiente. El objetivo de este estudio fue identificar mega-ambientes (MA), genotipos y ambientes superiores para el rendimiento en caña (toneladas de caña por hectárea, TCH) y Pol % caña mediante los modelos de regresión por sitios (SREG) y por genotipos (GREG). Se utilizaron los datos provenientes de veinte genotipos de caña de azúcar evaluados en ocho localidades durante dos ciclos de cosecha. El GGE biplot basado en SREG para TCH delinea dos megaambientes, el MA-1 está conformado por las localidades Quebrada Arriba y

FUNDACAÑA. Los genotipos más rendidores de estos lugares fueron V99-208 y V98-62. El MA-2 agrupó a las localidades Las Majaguas, Montaña Verde, Santa Lucía, Castillera e Ivonne. Los genotipos más destacados fueron V98-120, V00-50 y V91-15. En Pol % caña, los mejores genotipos fueron V99-245, CP74-2005, B80-408, V98-86 y V99-208 para un solo MA que incluye a todas las localidades.

Palabras clave: SREG; GREG; IGA; mega-ambiente; saccharum spp híbrido.

Assessment Genotype-Environment Interaction Biplot Gge Applying For Sugar Cane In Venezuela

Abstract

The selection of sugar cane cultivars adapted to different environments becomes difficult when there is genotype x environment interaction (IGA). Recently, it has been used a new multivariate model called GGE biplot (SREG and GREG) for the interpretation of the IGA. In this model, linear terms of genotypes or environments are not considered individually and are added to the multiplicative term of genotype x

environment interaction. The objective of this study was to identify mega-environments (MA), genotypes and superior environments for sugarcane yield (tons of sugarcane per hectare, TCH) and Pol % sugarcane by means of the regression models by sites (SREG) and by genotypes (GREG). There were used the data coming from twenty sugar cane genotypes evaluated in eight localities during two harvesting cycles. The GGE biplot based on SREG for TCH outlines two mega environments, the MA-1

is conformed by the Quebrada Arriba and FUNDACAÑA localities. The most productive genotypes of these locations were V99-208 and V98-62. The MA-2 grouped the localities Las Majaguas, Montaña Verde, Santa Lucía, Castillera and Ivonne. The most outstanding genotypes were V98-120, V00-50 and V91-15. In Pol % caña, the best genotypes were V99-245, CP74-2005, B80-408, V98-86 and V99-208 for a single MA that includes all localities.

Keywords: GREG; GREG; IGA; mega-environment; saccharum spp. hybrid.

Introducción

La caña de azúcar (*saccharum spp*) se adapta a un amplio rango de condiciones climáticas, en Venezuela, es cultivada bajo diferentes tipos de suelos, niveles de fertilidad y humedad. El comportamiento diferencial de los genotipos en los diversos ambientes se debe a la interacción genotipo-ambiente (GxA), lo que dificulta la selección de los que están adaptados como más estables (Acevedo *et al.*, 2010). Esta interacción complica los procesos de selección en los programas de mejoramiento genético de plantas, ya que reduce la correlación entre los valores genotípicos y fenotípicos y afecta el progreso de selección (Rea y De Sousa, 2002; Rea *et al.*, 2011). Varios métodos estadísticos se han propuesto para estudiar la adaptación y la estabilidad de las variedades en diferentes localidades (Flores *et al.*, 1998).

Recientemente, ha sido utilizado un nuevo modelo multivariado denominado GGE biplot, que involucra los modelos de regresión por sitios (SREG) y de regresión por genotipo (GREG), para la interpretación de la IGA (Crossa *et al.*, 2002). Los modelos SREG y GREG tienen un basamento similar al modelo de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas (AMMI), pero los términos lineales de genotipos y de ambientes no se consideran de manera individual y se adicionan al término multiplicativo de la interacción genotipo x ambiente (Crossa *et al.*, 2002; Yan, 2011). Los modelos SREG-GREG, que incluye G+GE o E+GE, donde G es el genotipo y E representa el ambiente, en el término bilineal, proporcionan un análisis gráfico de fácil interpretación

denominado biplot GGE (Yan y Tinker, 2006), el cual ha sido utilizado en muchos estudios de interacción cultivar x ambiente (Acevedo *et al.*, 2010; Akcura *et al.*, 2011; Asfaw *et al.*, 2009; Chavanne *et al.*, 2007; Jalata, 2011; Kundus *et al.*, 2010; Nassir y Ariyo, 2011; Puchades *et al.*, 2012; Rao *et al.*, 2011; Roa *et al.*, 2010; Rea *et al.*, 2011). La gráfica biplot permite visualizar el agrupamiento de genotipos y ambientes con patrones similares de respuesta (mega-ambientes), así como identificar los ambientes más representativos y los más discriminitorios (Yan, 2011). El biplot GGE se construye a partir de los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2), también llamados efectos primarios y secundarios, los cuales son derivados de la descomposición de datos centrados en el ambiente realizado mediante el modelo SREG-GREG (Ledesma-Ramírez *et al.*, 2011). Los genotipos cercanos entre sí en el biplot presentan patrones similares de respuesta a través de ambientes.

Los ambientes cercanos, con ángulo agudo entre ellos, indican asociación ambiental positiva o de comportamiento similar. La ausencia de asociación entre ambientes es dada por el ángulo recto (90°) entre vectores y la asociación negativa por un ángulo obtuso 180° (Ibáñez *et al.*, 2006). El objetivo de este estudio fue identificar mega-ambientes (MA), genotipos y ambientes superiores para rendimiento en caña (TCH) y Pol % caña mediante los modelos de regresión por sitios (SREG) y por genotipos (GREG).

Materiales y métodos

Material biológico

El conjunto de datos analizados proviene de los ensayos regionales del programa de mejoramiento genético de caña de azúcar del Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA). Estos ensayos están diseñados en bloques completamente al azar con tres repeticiones y unidades experimentales de 45 m² (3 hileras de 10 m con separación de 1,5 m). Las localidades donde se instalaron los ensayos fueron las siguientes: finca Quebrada Arriba, Central Carora (A), finca Montaña Verde, Central La Pastora (D), ubicadas en el estado Lara; Las Majaguas (E), finca Ivone (F) y finca Castellera (G) en el estado Portuguesa; finca Santa Lucía, Yaritagua (B) y Campo Experimental FUNDACAÑA, Chivacoa (C) en el estado Yaracuy; y Bella Vista (H) en el estado Aragua. Los experimentos fueron conducidos por dos años o cortes sucesivos (planta y soca) durante el período 2006-2009.

El material experimental evaluado estuvo compuesto por los clones siguientes: V91-1(G1), V91-2(G2), V91-6(G3), V91-8(G4), V91-15(G5), V98-62(G6), V98-86(G7), V98-120(G8), V99-117(G9), V99-190(G10), V99-203(G11), V99-208(G12), V99-213(G13), V99-217(G14), V99-236(G15), V99-245(G16), V00-50(G17); y tres testigos: B80-408(G18), C323-68(G19) y CP74-2005(G20).

Estimación del rendimiento agronómico y rendimiento industrial

La caña fue quemada y cortada a mano a los 12 meses en cada uno de los ciclos evaluados. Las tres hileras se cosecharon completas para medir el rendimiento de caña (TCH). Para estimar el rendimiento de azúcar se tomó una muestra aleatoria de 10 tallos por parcela experimental y por repetición, la cual fue pesada y procesada mediante el Método del jugo prensado descrito por Chen (1997); se usó un sacarímetro modelo SacchAAr 880D. Los resultados fueron expresados como Pol % caña, que representa la sacarosa aparente contenida en 100 partes de caña (Bastidas *et al.*, 2009).

Análisis por GGE biplot

Para analizar los valores obtenidos de rendimiento en caña (TCH) y azúcar (Pol % caña), considerando adaptabilidad general, específica y posibles mega-ambientes, se utilizó la metodología de GGE biplot (Crossa *et al.*, 2002; Yan, 2011). Los análisis estadísticos se realizaron mediante el software Infogen (Balzarini y Di Renzo, 2011).

Los modelos SREG y GREG están dados por:

$$Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

$$Y_{ij} = \mu_i + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j .

μ_j : Es la media del ambiente j para todos los genotipos.

μ_i : Es la media del genotipo i para todos los genotipos.

λ_k : Es el valor propio del eje k de componentes principales.

γ_{ik} : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a λ_k .

α_{jk} : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a λ_k .

ε_{ij} : Es el error del genotipo i en el ambiente j .

p : Es el número de ejes de componentes principales considerados en los modelos SREG y GREG.

Resultados y discusión

Los modelos de regresión por sitio (SREG) (Crossa *et al.*, 2002) son modelos lineales-bilineales que remueven el efecto de sitio y solo expresan la respuesta en función de $G + GE$. Son aconsejables cuando los sitios (o ambientes) constituyen la variación más importante en relación a la contribución de los genotipos y la IGA. Para visualizar los patrones de interacción con remoción de los efectos de ambientes (datos centrados por sitio), Yan *et al.*, (2011) proponen las gráficas GGE biplots. Por su parte, el modelo de regresión por genotipo (GREG) se diferencia del anterior, en que se remueve el efecto por genotipo y expresa la respuesta en función de $E + GE$. Este modelo es aconsejable cuando los genotipos constituyen una fuente de variación importante y es de interés identificar ambientes que contribuyen a la IGA.

Para graficar el biplot para ambos modelos, se utilizaron los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2). Los genotipos o ambientes ubicados en los vértices del polígono son los que más aportan a la interacción tanto negativa como positivamente, son los mejores o peores en rendimiento (Yan y Tinker, 2006).

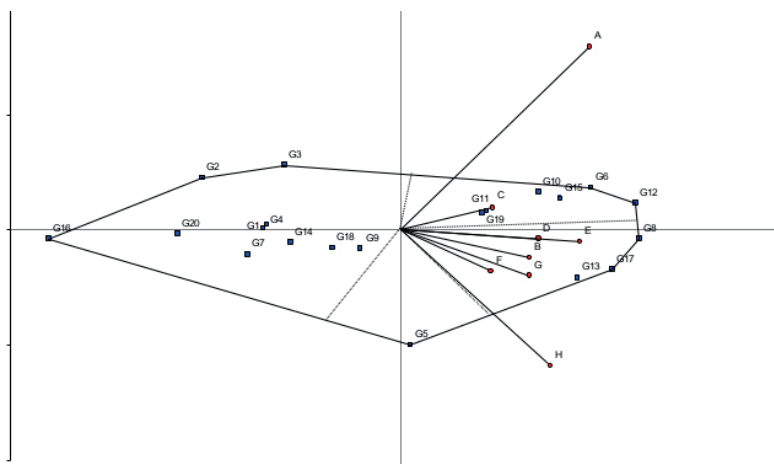
Las líneas perpendiculares trazadas a cada lado del polígono forman grupos de localidades o genotipos con comportamiento similar. En la figura 1 se presenta el biplot para rendimiento en caña (TCH) para el modelo SREG. Los dos ejes explican el 78.7 % de la IGA, el CP1 explica el 68.6 % de la interacción y el CP2 explica 10.1 %.

Los genotipos y ambientes ubicados en los lados más extremos del polígono, tanto a la izquierda como a la derecha, son los de más bajo y más alto rendimiento en caña y azúcar (figura 1 y 2). El genotipo con mayor rendimiento en caña fue V98-120 y el más bajo V99-245. La localidad de Bella Vista fue la de mayor rendimiento promedio en caña mientras que la más baja fue la localidad de Santa Lucía. El contenido de azúcar promedio expresado en Pol % caña varió desde el valor más bajo para V91-15 hasta el más alto para V99-245. La localidad más baja en Pol % caña fue Montaña Verde y la de valor más alto fue Santa Lucía.

El biplot clasificó los ambientes en dos mega-ambientes (figura 1). El primer mega-ambiente agrupó a las localidades Quebrada Seca (A) y FUNDACAÑA (C). Los genotipos más adaptados y de buen rendimiento a este primer

mega-ambiente fueron V99-208 (G12), V98-62 (G6), V99-236 (G15), V99-190 (G10), V99-203 (G11), C323-68 (G19). El otro mega-ambiente está conformado por las seis localidades restantes. Los genotipos de mejores rendimientos allí fueron V98-120 (G8), V00-50 (G17), V99-213 (G13).

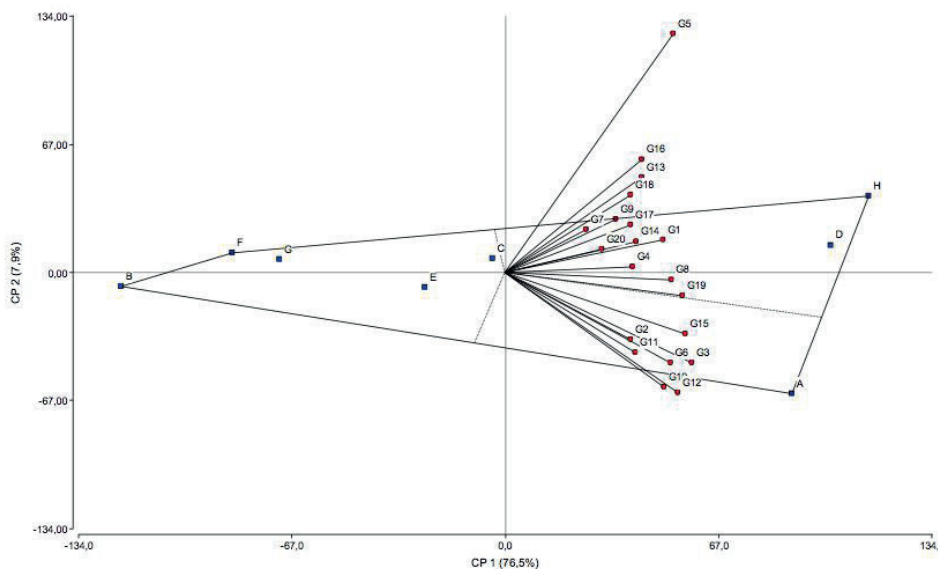
Figura 1. Biplot GGE- SREG para rendimiento en caña (TCH)



Genotipos: G1=V91-1, G2=V91-2, G3=V91-6, G4=V91-8, G5=V91-15, G6=V98-62, G7=V98-86, G8=V98-120, G9=V99-117, G10=V99-190, G11=V99-203, G12=V99-208, G13=V99-213, G14=V99-217, G15=V99-236, G16=V99-245, G17=V00-50, G18=B80-408, G19=C323-68, G20=CP74-2005. Localidades: A=Quebrada Arriba, B=Santa Lucía, C=FUNDACANA, D=Montaña Verde, E=Las Majaguas, F=Ivonne, G=Castillera, H=Bella Vista.

Para la variable Pol % caña del modelo SREG (figura 2), los dos componentes explican el 81.8% de la IGA, el CP1 explica el 73.8% y el CP2 el 8.0%. Un solo mega-ambiente agrupa a todas las localidades y los genotipos de mayor rendimiento fueron: V99-213 (G13), CP74-2005 (G20), B80-408 (G18), V99-208 (G12) y V98-86 (G7).

Figura 2. Biplot GEE- GREG para rendimiento en caña (TCH)



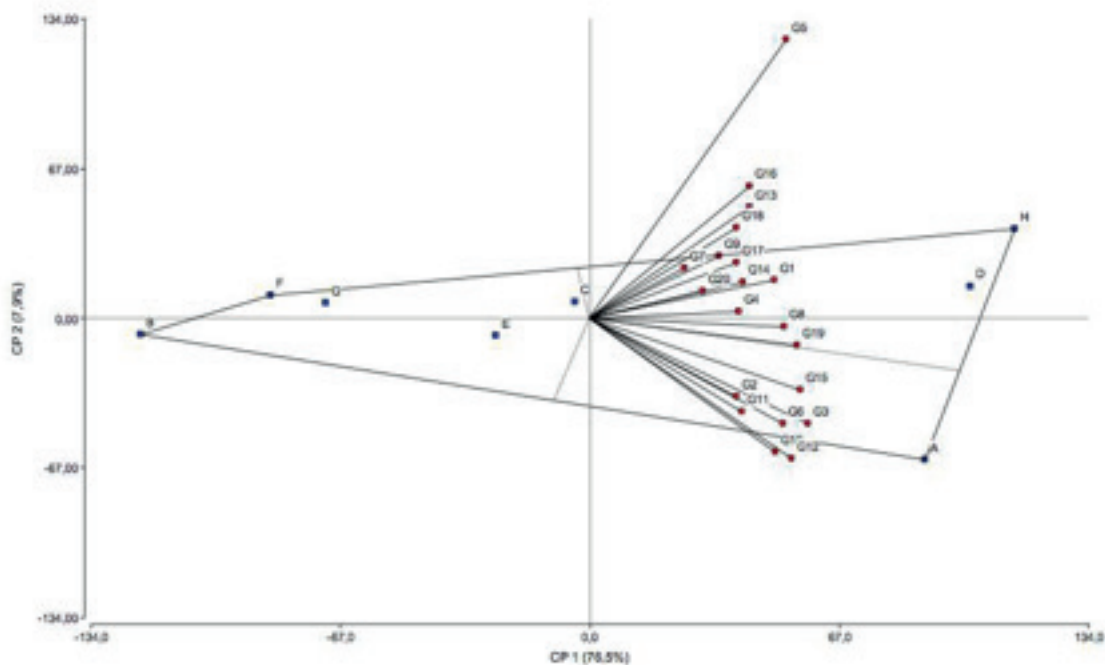
Genotipos: G1= V91-1, G2=V91-2, G3= V91-6, G4= V91-8, G5= V91-15, G6= V98-62, G7= V98-86, G8= V98-120, G9= V99-117, G10= V99-190, G11=V99-203, G12= V99-208, G13= V99-213, G14= V99-217, G15= V99-236, G16= V99-245, G17= V00-50, G18= B80-408, G19= C323-68, G20= CP74-2005. Localidades:

A= Quebrada Arriba, B= Santa Lucía, C= FUNDACAÑA, D= Montaña Verde, E= Las Majaguas, F= Ivonne, G= Castellera, H=Bella Vista.

La gráfica biplot para TCH del modelo GREG se presenta en la figura 3, donde se aprecia un polígono envolvente de identificadores de ambientes que es obtenido automáticamente por Info-Gen. Esos ambientes son de comportamiento extremo, los de mejor o peor rendimiento para algunos genotipos. En este caso, se formaron tres cuadrantes. El cuadrante cuyos vértices lo conforman los ambientes B y F, y que además contiene a los ambientes G, E y C, no contienen ningún genotipo, lo cual sugiere que estos ambientes son los

de rendimientos más pobre para todos los genotipos evaluados. Las condiciones variables de precipitación pudieron afectar el desempeño de los genotipos en estos ambientes. El cuadrante cuyo vértice es el ambiente H y que además incluye al ambiente D, contiene a los genotipos G5, G16, G13, G18, G7, G9, G17, G20, G14, G1 y G4. Los ambientes H y D son favorables para todo este grupo de genotipos. El tercer cuadrante tiene como vértice al ambiente A y contiene a los genotipos restantes: G8, G19, G15, G2, G11, G6, G3, G10, y G12. Estos genotipos presentaron altos rendimientos en este ambiente.

Figura 3. Biplot GGE- SREG para Pol % caña



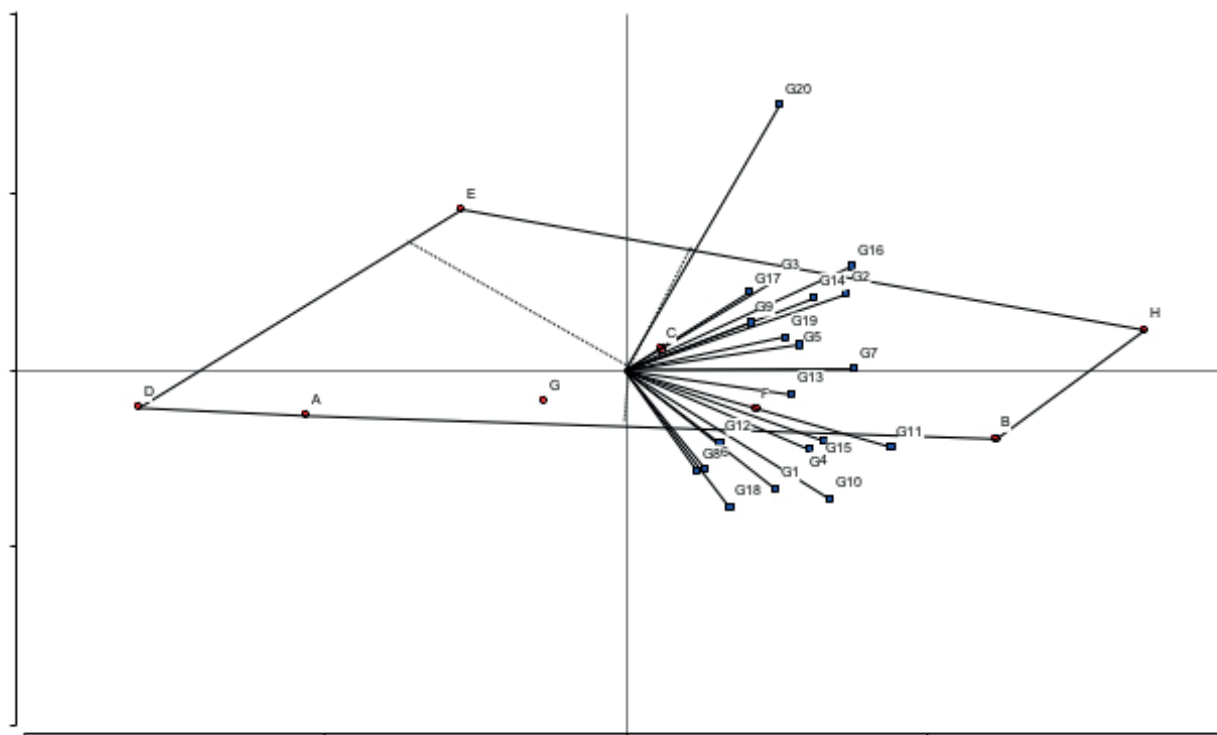
Genotipos: G1= V91-1, G2=V91-2, G3= V91-6, G4= V91-8, G5= V91-15, G6= V98-62, G7= V98-86, G8= V98-120, G9= V99- 117, G10= V99-190, G11=V99-203, G12= V99-208, G13= V99-213, G14= V99-217, G15= V99-236, G16= V99-245, G17= V00-50, G18= B80-408, G19= C323-68, G20= CP74-2005. Localidades: A= Quebrada Arriba, B= Santa Lucía, C= FUNDACAÑA, D= Montaña Verde, E= Las Majaguas, F= Ivonne, G= Castellera, H=Bella Vista.

En Pol % caña, para este modelo (figura 4), se aprecian tres cuadrantes, de los cuales dos lo conforman el ambiente D,

que incluye a los ambientes A y G, y el otro tiene como vértice el ambiente E; ambos cuadrantes no contienen a ningún genotipo, lo que indica que estos ambientes son desfavorables para contenido de azúcar para los genotipos evaluados. El contenido de azúcar en caña es afectado por cualquier variación en las condiciones climáticas en el periodo de maduración. El tercer cuadrante tiene como vértices a los ambientes H y B y además incluye a los ambientes C y F, es decir, forma un solo mega-ambiente donde todos los genotipos evaluados presentan condiciones favorables para contenido de azúcar.

Genotipos: G1= V91-1, G2=V91-2, G3= V91-6, G4= V91-8, G5= V91-15, G6= V98-62, G7= V98-86, G8= V98-120, G9= V99- 17, G10= V99-190, G11=V99-203, G12= V99-208, G13= V99-213, G14= V99-217, G15= V99-236, G16= V99-245, G17= V00-50, G18= B80-408, G19= C323-68, G20= CP74-2005. Localidades: A= Quebrada Arriba, B= Santa Lucía, C= FUNDACAÑA, D= Montaña Verde, E= Las Majaguas, F= Ivonne, G= Castellera, H=Bella Vista.

Figura 4. Biplot GEE- GREG para Pol % caña



Conclusiones

Ambos modelos (SREG y GREG) identifican a los genotipos V98-120, V98-62, V99-236 y V00-50 como los más estables y rendidores en TCH; en Pol % caña se destaca el genotipo V99-245, pero su rendimiento en caña (TCH) es bajo.

Se identificaron dos mega-ambientes; el primero conformado por las localidades Quebrada Seca y FUNDACAÑA y el segundo por las localidades: Bella Vista, Santa Lucía, Castellera, Las Majaguas e Ivonne.

La aplicación de gráficas para GGE biplot en esta investigación facilitó la comparación visual y la identificación de genotipos superiores para cada ambiente y grupos de ambientes. Obtener la agrupación de las localidades de comportamiento similar es de gran importancia para los programas de mejoramiento, que al no contar con recursos suficientes para probar genotipos en varios ambientes, pueden utilizar a los mega-ambientes detectados como un buen indicador para evaluar el potencial de los nuevos cultivares en regiones de interés.

Referencias bibliográficas

- Acevedo, M., Reyes, E., Castrillo, W., Torres, O., Marín, C., Álvarez, R., ... Torres, E. (2010). Estabilidad fenotípica de arroz de riego en Venezuela utilizando los modelos LIN-BINNS y AMMI. *Agronomía Tropical*, 60(2): 131-138.
- Akcura, M., Taner, S. y Kaya, Y. (2011). Evaluation of bread wheat genotypes under irrigated multi-environment conditions using GGE biplot analyses. *Agricultura*, 98(1): 35-40.
- Asfaw, A., Alemayehu, F., Gurum, F. y Atnaf, M. (2009). AMMI and SREG GGE biplot analysis for matching varieties onto soybean production environments in Ethiopia. *Scientific Research and Essays*, 4(11): 1322-1330.
- Balzarini, M. y Di Rienzo, J. (2011). InfoGenversión 2011. FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. Recuperado de: <http://www.info-gen.com>
- Bastidas, L., Rea R., De Sousa-Vieira, O., Briceño, R. y Hernández, E. (2009). Potencial azucarero y panero de cinco cultivares de caña de azúcar en el Valle de Santa Cruz de Bucaral, Estado Falcón, Venezuela. *Agronomía Tropical*, 59(2): 137-148.
- Chavanne, E., Ostengo, S., García, M. y Cuenya, M. (2007). Evaluación del comportamiento productivo de cultivares de caña de azúcar (*Saccharum spp*) a través de diferentes ambientes en Tucumán, aplicando la técnica estadística "GGE biplot". *Revista Industrial y Agrícola de Tucumán*, 84(2): 19-24.
- Chen, J. (1997). Manual del azúcar de caña. Para fabricantes de azúcar y químicos especializados. México: Editorial Limusa, S.A.
- Crossa, J., Cornelius, P. y Yan, W. (2002). Biplots of linearbilinear models for studying crossover genotype x environment interaction. *Crop Science*. 42: 619-633.
- Flores, F., Moreno, M. y Cubero, J. (1998). A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G x E interaction. *Field Crops Research*. 47: 117-127.
- Ibáñez, M., Cavanagh, M., Bonamico, N. y Di Renzo, M. (2006). Análisis gráfico mediante biplot del comportamiento de híbridos de maíz. *RIA*, 35(3): 83-93.
- Jalata, Z. (2011). GGE-biplot analysis of multi-environment yield trials of barley (*Hordeum vulgare*. L.) genotypes in Southeastern Ethiopia Highlands. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5(1): 59-75.
- Kundus, M., Almorza, D., Boggio, R. y Salerno, J. (2010). Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.). *PHYTON*, 79: 39-46.
- Nassir, A. y Ariyo, O. (2011). Genotype x environment interaction and yield- stability analysis of rice grown in tropical inlandswamp. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj*, 39(1): 220-225.
- Puchades, Y., Rodríguez, R., Bernal, N., Jorge, H. y García, H. (2012). Métodos estadísticos en el estudio de la interacción genotipo-ambiente en la caña de azúcar. *Ciencia en su PC*, 1:47-60.

Rao, P., Reddy, P., Rathore, A., Reddy, B. y Panwar, S. (2011). Application GGE biplot and AMMI model to evaluate sweet sorghum (*Sorghum bicolor*) hybrids for genotype x environment interaction and seasonal adaptation. *Indian Journal of Agricultural Science*, 81(5): 438-44.

Rea, R. y De Sousa-Vieira, O. (2002). Genotype x environment interaction in sugarcane yield trials in the central- western region of Venezuela. *Interciencia*, 27(11): 620-624.

Rea, R., De Sousa-Vieira, O., Ramón, M., Alejos, G., Díaz, A. y Briceño, R. (2011). AMMI analysis and its application to sugarcane regional trials in Venezuela. *Sugar Tech*, 13(2): 108- 113.

Roa, S., Barboza, C. y Zambrano, A. (2010). Estabilidad del rendimiento de variedades de papa (*Solanum tuberosum* L.) para procesamiento industrial en el estado Táchira, Venezuela. *Revista de la Facultad de Agronomía de la Universidad del Zulia*, 27(2): 173-192.

Yan, W. y Tinker, N. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Can. J. Plant Science*. 86: 623-64.

Yan, W. (2011). GGE Biplot vs. AMMI graphs for genotypeby- environment data analysis. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistic*, 65(5): 181-193.