Exploración de las relaciones entre características del cultivo *mungbean* utilizando un modelo lineal mixto multivariado

Eugenia Settecase[1,2], Cristina Cuesta[2], M. Gabriela Borgognone[1], M. Valeria Paccapelo[1]

[1]*Department of Agriculture and Fisheries, Leslie Research Facility, Toowoomba, Queensland, Australia.*

[2]*Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Santa Fe, Argentina.*

1. Introducción

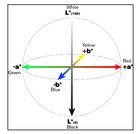
- Los mejoradores de cultivos seleccionan los mejores genotipos basándose en el análisis de múltiples características que podrían estar correlacionados [1,2].
- Es importante obtener las predicciones de las características con la mayor exactitud posible.
- El análisis multivariado a través de un modelo lineal mixto multivariado puede aumentar la exactitud con la que se predicen las características, en comparación con los análisis univaridos por separado.

2. Objetivos

- Presentar un modelo lineal mixto trivariado basado en el análisis bivariado propuesto por Ganesalingam et al. (2013) [3].
- Evaluar el incremento en exactitud del método trivariado aplicado sobre dos escenarios (dos sets de tres características cada uno).

3. Materiales

- Ambos escenarios provienen del mismo ensayo, un arreglo rectangular de parcelas en el campo, donde se sembraron múltiples cruzas de los 25 genotipos seleccionados para este análisis

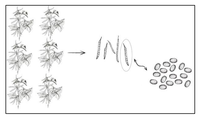


Escenario 1: Caraterísticas altamente heredables

Color de semillas: *L*, a*, b*.* Medido con un escáner (cada observación es la media de 20 semillas, una observación por parcela).

Escenario 2: Características menos heredables

Características de la chaucha : *largo de la chaucha, número de semillas por chaucha,* y peso de *50 semillas* (calulado a partir de re escalar el peso de las semillas dentro de cada chaucha).



4. Metodología

- Modelo lineal mixto trivariado para cada escenario: $\boldsymbol{y}^{3N\times 1} = \boldsymbol{X}\,\boldsymbol{\tau} + \boldsymbol{Z}_g\boldsymbol{u}_g + \boldsymbol{Z}_d\boldsymbol{u}_d + \boldsymbol{e}$

$\boldsymbol{y}_{3N\times 1}$: vector de las observaciones de las características;

$\boldsymbol{\tau}$: efectos fijos;

$\boldsymbol{u}_g$: efectos genotípicos, $\boldsymbol{u}_g \sim \boldsymbol{MN}(\boldsymbol{0}, \boldsymbol{G}_g)$

$\boldsymbol{u}_d$: efectos de diseño, $\boldsymbol{u}_d \sim \boldsymbol{MN}(\boldsymbol{0}, \boldsymbol{G}_d)$

$\boldsymbol{e}$: errors aleatorios, $\boldsymbol{e} \sim \boldsymbol{MN}(\boldsymbol{0}, \boldsymbol{R})$,

$\boldsymbol{X}$, $\boldsymbol{Z}_g$, y $\boldsymbol{Z}_d$ son las matrices de diseño asociadas

- Diferentes estructuras de covariancia fueron propuestas para los efectos genotípicos y los errores.
  - **No estructurada** (todas las variancias y covariancias pueden diferir)

$$\boldsymbol{G}_g^{3N} = \begin{bmatrix} \sigma^2_{g_1} & \sigma_{g_{12}} & \sigma_{g_{13}} \\ & \sigma^2_{g_2} & \sigma_{g_{23}} \\ & & \sigma^2_{g_3} \end{bmatrix} \otimes \boldsymbol{I}^N \qquad \boldsymbol{R}^{3N} = \begin{bmatrix} \sigma^2_{e_1} & \sigma_{e_{12}} & \sigma_{e_{13}} \\ & \sigma^2_{e_2} & \sigma_{e_{23}} \\ & & \sigma^2_{e_3} \end{bmatrix} \otimes \boldsymbol{I}^N$$

  - **Diagonal**, donde $\sigma_{g\ jk} = 0$ y $\sigma_{e\ jk} = 0\ \forall j \neq k$ (equivalente a ajustar modelos univariados para cada variable)

Estadística *r* para definir un ranking de genotipos [4]

$$r_{i_w} = \sqrt{1 - \frac{sep^2_{i_w}}{\sigma_{g_w}^{\ 2}}}\ \text{, donde}$$

sep_{i_w}: error estándar $para\ el\ i - ésimo$ genotipo en la $w - ésima\ variable$

$\sigma_{g_w}^{\ 2}$: componente de variancia genotípica asociada a la $w -$ ésima variable

Esta medida aumentará cuando el modelo pueda explicar la covariancia residual entre las características.

Ganancia en r (%): cuantifica las ganancias que presenta el modelo trivariado en lugar de tres modelo univariados

5. Resultados

Escenario 1.

	L*	a*	b*
Ganancia en r (%)	0,001	0,003	0,008
Heredabilidad	0,99	0,96	0,99

Aunque el modelo trivariado proporcionó un mejor ajuste, las ganancias en *r* fueron insignificantes debido a la naturaleza altamente heredable de las características

Figura 1. Correlaciones genotípicas entre características (diagonal inferior). Predicciones genotípicas (diagonal superior).

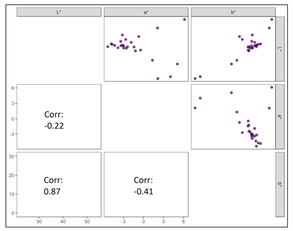


Figura 2. Gráfico 3D interactivo de las predicciones genotípicas.

Escenario 2.

	Largo de la chaucha	Nº de semillas	Peso de 50 semillas
Ganancia en r (%)	3,3	6,5	0,1
Heredabilidad	0,89	0,71	0,98

Los incrementos en las ganancias de *r* fueron mayores para las dos características menos heredable, las cuales presentaban mayor variabilidad residual.

Figura 3. Correlaciones genotípicas entre características (diagonal inferior). Predicciones genotípicas (diagonal superior).

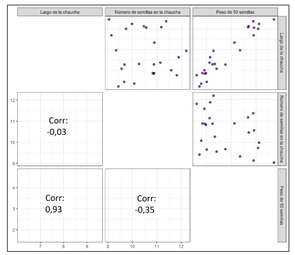


Figura 4. Gráfico 3D interactivo de las predicciones genotípicas.

6. Conclusiones

- El modelo propuesto permitió examinar los efectos genotípicos individualmente para cada característica, a la vez que tuvo en cuenta la correlación entre las características utilizando una estructura de covariancias más adecuada (para ambos efectos).
- La principales ganancias en *r* se produjeron en las características menos heredables cuando se modeló adecuadamente la variabilidad residual.
- En el futuro, el objetivo será permitir el análisis multivariado para más de tres características, así como incorporar la variabilidad espacial dentro de cada ensayo.

Agradecimientos: Los autores desean agradecer a Grain Research and Development Corporation (GRDC) de Australia, por financiar este proyecto DAQ1905-003RTX. Loas autores desean agradecer al mejorador de *mungbeans* Col Douglas por brindar los datos y su disposición a explicar el problema.

Referencias: **[1]** Tao, Y., Mace, E., George-Jaeggli, B., Hunt, C., Cruickshank, A., Henzell, R., Jordan, D. (2018). The Plant Genome 11 Art.89. **[2]** Noble, T. J., Tao, Y., Mace, E. S., Williams, B., Jordan, D. R., Douglas, C. A., Mundree, S. G. (2018). Frontiers in Plant Science, 8 Art..2102. **[3]** Ganesalingam, A., Smith, A. B., Thompson, R., Cullis, B. R. (2013). 190 371-383. **[4]** Mrode R., Thompson R. (2005). *Linear models for the prediction of animal breeding values, 2nd edn.* CABI Publishing, Wallingford.