UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE COLOMBIA

Análisis de estabilidad fenotípica paramétrica de híbridos apomícticos de Brachiaria (*Brachiaria humidicola*) en múltiples ambientes

Dylan Mauricio Guevara Ruiz

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Ciencias Agrarias
Maestría en Ciencias Agraria – Línea: Genética y Fitomejoramiento
Bogotá D.C.
2022

Análisis de estabilidad fenotípica paramétrica de híbridos apomícticos de Brachiaria (*Brachiaria humidicola*) en múltiples ambientes

Dylan Mauricio Guevara Ruiz

Tesis presentada como requisito parcial para optar al título de:
Magister en Ciencias Agrarias

Director:
Luis Ernesto Rodríguez Molano
Codirector (a):
Aquiles Enrique Darghan Contreras

Línea de Investigación:
Genética y Fitomejoramiento

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Ciencias Agrarias
Maestría en Ciencias Agraria – Línea: Genética y Fitomejoramiento
Bogotá D.C.
2022

“Si he visto más,
es poniéndome sobre los hombros de gigantes.”

Isaac Newton

Declaración de obra original

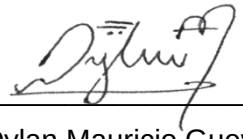
Yo declaro lo siguiente:

He leído el Acuerdo 035 de 2003 del Consejo Académico de la Universidad Nacional. «Reglamento sobre propiedad intelectual» y la Normatividad Nacional relacionada al respeto de los derechos de autor. Esta disertación representa mi trabajo original, excepto donde he reconocido las ideas, las palabras, o materiales de otros autores.

Cuando se han presentado ideas o palabras de otros autores en esta disertación, he realizado su respectivo reconocimiento aplicando correctamente los esquemas de citas y referencias bibliográficas en el estilo requerido.

He obtenido el permiso del autor o editor para incluir cualquier material con derechos de autor (por ejemplo, tablas, figuras, instrumentos de encuesta o grandes porciones de texto).

Por último, he sometido esta disertación a la herramienta de integridad académica, definida por la universidad.



Dylan Mauricio Guevara Ruiz
28 de septiembre de 2022

Agradecimientos

A los profesores Luis Ernesto Rodríguez Molano y Aquiles Enrique Darghan por su apoyo académico y emocional para poder completar este trabajo.

A la Doctora Valheria Castiblanco, el ingeniero agrónomo David Florián y al Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) por depositar su confianza en mí para realizar este trabajo.

A mi familia y amigos por sus mensajes de apoyo que me dieron la motivación para lograr culminar este trabajo en el momento más difícil.

Resumen

Análisis de estabilidad fenotípica paramétrica de híbridos apomícticos de Brachiaria (*Brachiaria humidicola*) en múltiples ambientes

Brachiaria (*Brachiaria humidicola*) es una especie de amplia adopción como forraje para la alimentación bovina adaptada a amplias zonas tropicales y subtropicales de Sudamérica, África y Asia. El programa de mejoramiento genético de brachiaria, que adelanta el Centro internacional de Agricultura Tropical (CIAT) en Colombia, busca seleccionar híbridos estables de alto rendimiento para suelos ácidos. Sin embargo, la interacción genotipo por ambiente (IGA) dificulta la selección y estabilidad fenotípica, sin embargo, no existe un consenso común sobre la definición de estabilidad ni como estimarla. Para el análisis de estabilidad se han utilizado desde métodos univariados hasta modelos multivariados, donde existe una tendencia actual por el uso de modelos lineales multivariados. El objetivo de esta investigación fue comparar la precisión en la estimación de la IGA mediante modelos univariados, el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa de efectos fijos (AMMI) y el modelo best linear unbiased prediction (BLUP). Se encontró que los métodos explicaron la estabilidad de diferentes formas, algunos se relacionan más con el concepto biológico de la estabilidad, mientras que otros explican el concepto agronómico de la estabilidad. El modelo BLUP tuvo mayor precisión predictiva que el modelo AMMI. Por lo tanto, se recomienda el uso del modelo BLUP para la selección de híbridos de brachiaria, aunque, la selección de híbridos estables de brachiaria dependerá del concepto de estabilidad que están alineados con los objetivos de mejoramiento.

Palabras clave: Interacción genotipo por ambiente, selección, diseño de bloques aumentados, forrajes.

Abstract

Analysis of parametric phenotypic stability in multiple environments for yield trials in Brachiaria (*Brachiaria humidicola*)

Brachiaria (*Brachiaria humidicola*) is a widely adopted specie as forage for cattle feed in Latin America. The brachiaria breeding program seeks to select high-yielding hybrids for acid soils. However, the genotype by environment (IGA) interaction makes it difficult to select superior hybrids. The IGA is related to stability. However, there is no common consensus on the definition of stability or how to estimate it. For the stability analysis, from univariate methods to multivariate models have been used, where there is a current trend for the use of multivariate linear models. The objective of this research was to evaluate univariate models, the model of additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) and the model BLUP. It was found that the methods explained stability in different ways, some are more related to the biological concept of stability, while others explain the agronomic concept of stability. The model BLUP had a higher predictive accuracy than AMMI model. Therefore, model BLUP is recommended for selection of brachiaria hybrids, although also it is recommended that the selection of stable brachiaria hybrids be carried out in accordance with the objectives of the breeding program and stability concepts.

Keywords: Genotype by environment interaction, selection, augmented block design, forage.

Contenido

Pág.

Resumen ..... **IX**

Abstract ..... **XI**

Contenido ..... **XIII**

Lista de figuras ..... **XIV**

Lista de tablas ..... **XVI**

Introducción **17**

Materiales y métodos **20**
Material vegetal y localidades 20
Análisis estadísticos 22
Modelos univariados 23
AMMI 25
BLUP 26
Comparación y relación entre métodos 27

Resultados y discusión **29**
Análisis descriptivo y determinación de IGA 29
Análisis de estabilidad 33

Conclusiones **45**

Recomendaciones **45**

Bibliografía **47**

Lista de figuras

Figura 1: A) Distribución de nuevos híbridos y testigos de híbridos apomícticos de brachiaria para la variable altura. Los números en cajas representan el número de nuevos híbridos con un mayor valor fenotípico promedio a los híbridos testigo. B) Histograma de frecuencias para la variable altura donde se ubican los híbridos testigos. 30

Figura 2: A) Distribución de nuevos híbridos y testigos de híbridos apomícticos de brachiaria para la variable biomasa. Los números en cajas representan el número de nuevos híbridos con un mayor valor fenotípico promedio a los híbridos testigos. B) Histograma de frecuencias para la variable biomasa donde se ubican los híbridos testigos. 31

Figura 3: Biplot de los dos primeros componentes principales de la jerarquización de estabilidad de la altura de híbridos brachiaria, estimado mediante 11 métodos de análisis de estabilidad en 6 ambientes. 35

Figura 4: Biplot de los dos primeros componentes principales de la jerarquización de estabilidad de la AT de brachiaria, estimado mediante 11 métodos de análisis de estabilidad en seis ambientes.. 36

Figura 5: Biplot para altura vs. PC1 de híbridos de brachiaria evaluados en seis ambientes. PC: Componente principal. 40

Figura 6: Biplot para biomasa vs. PC1 de híbridos de brachiaria evaluados en seis ambientes. PC: Componente principal. 41

Figura 7: Distribución de frecuencias para la altura predicha (BLUP) donde se ubican los híbridos testigos de brachiaria evaluados en seis ambientes. 42

Figura 8: Distribución de frecuencias para la biomasa predicha (BLUP) donde se ubican los híbridos testigos de brachiaria evaluados en seis ambientes. 42

Figura 9. Precisión predictiva de los modelos AMMI y BLUP para la altura de híbridos de brachiaria evaluados en seis ambientes. El diagrama de caja muestra la distribución de 100 RDCM. 43

Lista de tablas

Pág.

Tabla 1: Descripción híbridos de brachiaria usados como testigos comerciales para EMA mediante un diseño de bloques incompletos aumentados. 20
Tabla 2. Descripción de las localidades incluidas en el EMA de híbridos de brachiaria. . 21
Tabla 3. Fechas de siembra, corte y muestreo de híbridos de brachiaria en EMA..... 22
Tabla 4: Métodos para estimación de la estabilidad de híbridos de brachiaria en EMA. . 24
Tabla 5: Promedio por ambiente para las variables altura y biomasa de híbridos apomícticos de brachiaria por ambientes. El valor después del signo ± corresponde a la desviación estándar del grupo. 29
Tabla 6: Análisis de varianza para las variables altura y biomasa de híbridos testigo de brachiaria en un EMA en diseño de bloques completos al azar. 32
Tabla 7: Análisis de varianza para las variables altura y biomasas de híbridos testigo y nuevos híbridos de brachiaria en un EMA para diseño de bloques completos al azar generado a partir de un diseño de bloques incompletos aumentados. 33
Tabla 8: Correlación de Spearman para las jerarquizaciones de estadísticos de modelos de estabilidad en seis ambientes para la variable altura (AT)..... 37
Tabla 9: Correlación de Spearman para las jerarquizaciones de estadísticos de modelos de estabilidad en seis ambientes para la variable biomasa (BM). 38

Introducción

Brachiaria (*Brachiaria humidicola*) es una especie ampliamente adoptada en países de Latinoamérica como forraje, de 13.3 millones de hectáreas de pasturas en Latinoamérica, 59.2 % son plantadas con especies del género *Brachiaria* (CGIAR, 2018). Brachiaria es una planta C4 herbácea de hábito estolonífero adaptada a zonas tropicales y subtropicales de Sudamérica, África y Asia. Ha sido utilizada para pastoreo por miles de años en África, y a partir de la década de 1960 fue introducida en Sudamérica (Miles et al., 2004). Brachiaria es una especie apomíctica, es decir, puede propagarse de forma asexual a través de semilla, la herencia de la apomixis es monogénica dominante (Miles, 2007).

En el programa de mejoramiento de forrajes tropicales del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) se busca seleccionar genotipos apomícticos de brachiaria con características agronómicas superiores, cómo mayor rendimiento, mayor tolerancia a suelos ácidos, mayor calidad nutricional entre otros. Sin embargo, la selección se dificulta por las variaciones ambientales, que afectan el desempeño de genotipos de diferentes formas en regiones a través del tiempo (Jarquín et al., 2017). La variación ambiental que afecta la selección de genotipos está relacionada con el fenómeno interacción genotipo por ambiente (IGA). En término estadísticos la IGA es la ausencia de paralelismo de la respuesta de los genotipos a través de los ambientes (van Eeuwijk et al., 2016). La IGA dificulta la selección de genotipos superiores en los ambientes evaluados. Por tal motivo, se realizan ensayos multiambiente (EMA) para poder estimar la estabilidad de los genotipos y lograr una mejor selección de genotipos superiores (van Eeuwijk et al., 2016). Aunque entre los fitomejoradores es clara la preferencia por genotipos estables, no existe una única definición de estabilidad, por lo cual se han propuesto tantas definiciones de estabilidad cómo métodos para calcularla (Fasahat, 2015), por lo que nuestro reto está en evaluar diferentes métodos y compararlos por su precisión para estimar la estabilidad, y así mejorar la selección de híbridos superiores de brachiaria.

Desde los comienzos del siglo XX se empezó a utilizar el concepto de estabilidad definido como aquellos genotipos con una mínima varianza a través de diferentes ambientes (Roemer 1917 en Becker & Léon, 1988). Esta definición estaba asociada al concepto biológico de estabilidad, es decir, aquellos genotipos con un comportamiento constante a través de diferentes ambientes. La ecovalencia fue propuesta por Wricke en 1962 con la contribución de cada genotipo a la suma de cuadrados de la IGA (Cubero & Flores, 2003). Shukla (1972) propuso una variación de la ecovalencia llamado estabilidad de la varianza. El coeficiente de variación de cada genotipo fue propuesto como una medida de estabilidad por Francis y Kannenberg (1978). Posteriormente, se extendió el uso de métodos basados en análisis de regresión, cómo los métodos propuestos por Finlay y Wilkinson (1963) y Eberhart y Russell (1966). Mediante los métodos de regresión se obtienen dos parámetros para estimar la estabilidad (i) la pendiente de la regresión lineal ($\mathrm{b_i}$) y (ii) la suma de cuadrados de la desviación de la regresión ($\mathrm{S^2_{di}}$) (Eberhart & Russell, 1966). Una variación del método propuesto por Eberhart y Rusell fue el desarrollado por Tai (1971). Métodos univariados no paramétricos también han sido propuesto, estos métodos se basan en la jerarquización de genotipos siendo estables los genotipos con una jerarquización constante a través de los ambientes (Fox et al., 1990; Kang, 1988).

El uso del método de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) ha remplazado los métodos de estabilidad basados en regresión lineal (Fasahat, 2015). El método AMMI aplica el análisis de varianza (ANAVA) de dos vías y luego usa el análisis de componentes principales (ACP) sobre los residuales de la IGA (Gauch, 1988). En los años recientes uno de los métodos más usados para analizar los EMA son los modelos de efectos mixtos (van Eeuwijk et al., 2016), uno de estos es el método BLUP (Best Linear Unbiased Predictor), en el cual se pretende predecir la variable respuesta “verdadera” dada la variable respuesta observada. Primero, se estiman las varianzas de los efectos aleatorios genotípicos (σ^2_α), de la IGA ($\sigma^2_{\alpha\tau}$) y del error aleatorio (σ^2_e), luego se ponderan los efectos aleatorios estimados por la repetibilidad (Piepho, 1994).

Debido a la cantidad de métodos de estabilidad propuestos existen estudios que los comparan. Flores et al. (1998) encontró que lo métodos univariados pueden ser más útiles

para EMA con un gran número de genotipos, mientras que los métodos multivariados son preferibles para situaciones que requieran una mayor precisión de la estabilidad. Ferraudo y Perecin (2014) después de comparar los métodos de Eberhart y Russell, AMMI y BLUP concluyeron que el método de Eberhart y Russell requiere de una verificación de la significancia estadística de S^2_{di} para porder interpretar los valores de b_i. Olivoto et al. (2019) compararon el modelo AMMI con el modelo BLUP en diferentes escenarios de IGA encontrado una mayor precisión del modelo BLUP en todos los escenarios, pero el modelo AMMI fue una mejor herramienta gráfica para la interpretación de resultados. Sa'diyah y Hadi (2016) encontró que la precisión del modelo AMMI supero a la del modelo BLUP, es decir, la estimación del AMMI fue más cercana al valor verdadero de la variable respuesta que la predicción del modelo BLUP. Teniendo en cuenta la cantidad de métodos para analizar la IGA y la conveniencia de cada método según el conjunto de datos, la pregunta que surge es cuál método de análisis de la IGA permite una mejor selección de híbridos estables de brachiaria en una etapa temprana de mejoramiento.

La hipótesis para este trabajo fue que la utilización de modelos univariados permite un cálculo e interpretación más simple de la estabilidad. Mientras que con el modelo AMMI y/o BLUP se obtiene una estimación más precisa de la estabilidad, es decir, una mayor correlación entre valores predichos y observados. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue estimar la estabilidad fenotípica de híbridos apomícticos de brachiaria en múltiples ambientes mediante índices de estabilidad obtenidos de modelos univariados, de los modelos AMMI y BLUP.

Materiales y métodos

Se realizó un ensayo multiambiental (EMA) de 1.081 híbridos de brachiaria, los cuales pertenecen a la población Bh16b del programa de Fitomejoramiento de forrajes tropicales del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), el cual sigue un esquema de selección recurrente basada en habilidad combinatoria especifica (Castiblanco, datos sin publicar).

Material vegetal y localidades

La población Bh16b es derivada de la selección de los mejores híbridos de la población Bh16 la cual estaba compuesta por 3.050 genotipos provenientes del cruzamiento entre la población BhSx14 y el genotipo apomíctico CIAT/16888. Se evaluaron 1.080 genotipos de brachiaria que agrupaban 1.046 nuevos híbridos apomícticos de la población Bh16b, 29 híbridos de la población BhSx14 y seis híbridos apomícticos comerciales como testigos, los cuales fueron: Tully, Llanero, Good bni, Tupi, New cv amprosem y Antioqueña (Tabla 1) (Castiblanco, datos sin publicar).

Tabla 1. Descripción híbridos de brachiaria usados como testigos comerciales para EMA mediante un diseño de bloques incompletos aumentados.

Híbridos testigos	Nombre comercial
CIAT/00679	Tully
CIAT/06133	Llanero
CIAT/16888	Good bni
CIAT/26149	Tupi
CIAT/26160	New cv amprosem
CIAT/16886	Antioqueña

El EMA se realizó en dos localidades, una ubicada en la instalación del CIAT en el municipio de Palmira (Valle del Cauca) y otra en el municipio de Cabuyaro (Meta), las dos localidades fueron seleccionadas por sus características de suelos pobremente drenados,

alta saturación de aluminio y condiciones climáticas húmedas (Tabla 2). Los 1.081 genotipos se evaluaron en un diseño de bloques incompletos aumentados (Federer, 1956). En cada localidad se tuvieron 25 bloques cada uno con 49 parcelas, para un total de 1.225 parcelas por localidad. Para la aleatorización los seis híbridos testigo se repitieron en los 25 bloques y se asignaron aleatoriamente en las parcelas de cada bloque. Mientras que los 1.075 nuevos híbridos solo fueron repetidos una vez y se asignaron aleatoriamente en las parcelas restantes del ensayo (Federer, 1956).

Tabla 2. Descripción de las localidades incluidas en el EMA de híbridos de brachiaria.

Localidad	**Ciclo de evaluación**	**Precipitación (mm)**	**Tipo de suelo**	**Descripción suelo**
Palmira, Valle del Cauca. 980 msnm	Evaluación 1 (Palmira-E1)	205	Udic Calciusterts	Superficiales limitados por nivel freático, imperfectamente drenados, neutros, fertilidad muy alta
	Evaluación 2 (Palmira-E3)	68		
	Evaluación 3 (Palmira-E4)	222		
Cabuyaro, Meta. 178 msnm	Evaluación 1 (Cabuyaro-E1)	364	Typic Hapludox	Profundos, texturas moderadamente finas a finas, bien drenados, muy fuerte a extremadamente ácidos, fertilidad baja; toxicidad por aluminio
	Evaluación 2 (Cabuyaro-E2)	0		
	Evaluación 3 (Cabuyaro-E3)	34		

Se realizaron tres evaluaciones en cada una de las localidades entre los años 2018 y 2019 en, donde se muestreó la altura y la biomasa de cada híbrido. La altura se midió con una cinta métrica graduada en centímetros. La biomasa se estimó con una escala visual de 1 a 5, donde 5 es un híbrido de alta biomasa y 1 es un individuo de baja biomasa, un único evaluador realizó las estimaciones para mayor consistencia (Catchpole & Wheelert, 1992). Después de cada evaluación se realizó el corte del pasto a una altura de 15 cm desde la superficie del suelo con el fin de estandarizar los genotipos antes de la siguiente evaluación. Se presenta en la tabla 3 las fechas de corte y evaluación en el ensayo. Los

datos tomados en cada evaluación fueron considerados como obtenidos en ambientes temporales diferentes (van Eeuwijk, 2006), por lo que se consideran seis ambientes producto de dos localidades y tres puntos de muestreo.

Tabla 3. Fechas de siembra, corte y muestreo de híbridos de brachiaria en EMA

Palmira, Valle del Cauca, Colombia Coordenadas: 4°23'N - 72°49'O						
Fecha	Evaluación 1 (Palmira-E1)		Evaluación 2 (Palmira-E3)		Evaluación 3 (Palmira-E4)	
	Siembra	Muestreo	Corte	Muestreo	Corte	Muestreo
	1/08/2018	1/11/2018	27/02/2019	5/04/2019	26/08/2019	21/10/2019
Cabuyaro, Meta, Colombia Coordenadas: 3°30'N- 76°20'O						
Fecha	Evaluación 1 (Cabuyaro-E1)		Evaluación 2 (Cabuyaro-E2)		Evaluación 3 (Cabuyaro-E3)	
	Siembra	Muestreo	Corte	Muestreo	Corte	Muestreo
	8/08/2018	13/11/2018	23/11/2018	15/02/2019	26/04/2019	16/06/2019

Análisis estadísticos

Se utilizó un diseño experimental de bloques incompletos aumentados y se corrió un análisis de varianza sobre los híbridos testigos para estimar los efectos de los factores. Se siguió la metodología planteada por Federer (1956) para estimar los efectos de los bloques a partir de los híbridos testigos en cada ambiente. El efecto de cada bloque fue sumado al valor observado de los nuevos genotipos para producir una estructura de diseño de bloques completos al azar. Dado el arreglo de diseño de bloques completos al azar, el

modelo lineal con interacción más simple para el análisis estadístico de los datos se da en la ecuación 1.

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \tau_j + (\alpha\tau)_{ij} + \gamma_{jk} + \varepsilon_{ijk} \qquad [1]$$

donde Y_{ijk} es la variable respuesta del *k-ésimo* bloque del *i-ésimo* genotipo en el *j-ésimo* ambiente (*i = 1, 2, ..., g; j = 1, 2, ..., e; k = 1, 2, ..., b*); μ es la gran media; α_i es el efecto de *i-ésimo* genotipo; τ_j es el efecto del *j-ésimo* ambiente; $(\alpha\tau)_{ij}$ es el efecto de la interacción del *i-ésimo* genotipo por el *j-ésimo* ambiente ; γ_{jk} es el efecto del *k-ésimo* bloque dentro del *j-ésimo* ambiente; y ε_{ijk} es el error aleatorio asumiendo que $\varepsilon_{ijk} \sim NID(0, \sigma^2)$, donde NID significa distribuido normalmente, idénticamente e independientemente.

Con la estructura de diseño de bloques completos al azar se realizó un análisis de varianza de dos vías para determinar la presencia de IGA. El testigo New cv amprosem no fue tenido en cuenta en los análisis debido a que no resistió las condiciones ambientales y no pudo ser medido en campo. Igualmente, 108 nuevos híbridos no pudieron ser medidos y no fueron tenidos en cuenta en los análisis.

Modelos univariados

Para estimar la estabilidad de los híbridos de brachiaria se utilizaron los métodos univariados descritos en la tabla 4. Para el cálculo de los estimadores de estabilidad se utilizaron las librerías METAN (Olivoto et al., 2019) y Stability (Yaseen et al., 2018) en el ambiente Rstudio 2022.07.2.

Tabla 4: Métodos para estimación de la estabilidad de híbridos de brachiaria en EMA.

Método	**Estimador**	**Autor**	**Interpretación**
Pendiente de la regresión lineal.	b_i	Eberhart & Russell (1966)	Genotipos con estabilidad agronómica con valor $b_i > 0$. Genotipos con estabilidad biológica con valor $b_i = 0$.
Suma de cuadrados de la desviación de la regresión.	S_{di}^2	Eberhart & Russell (1966)	Genotipos estables con $S_{di}^2 = 0$.
Índice de confianza de cada genotipo.	W_i	Annicchiarico (1992)	Genotipos estables con valor bajo de W_i.
Índice de superioridad.	P_i	Lin & Binns (1988)	Genotipos estables con un valor bajo de P_i.
Desviación de la respuesta lineal.	λ_i	Tai (1971)	Genotipo estable con valor $\lambda_i = 1$.
Respuesta lineal de los genotipos a los efectos ambientales.	α_i	Tai (1971)	Genotipo estable biológicamente con valor $\alpha_i > -1$. Genotipo estable biológicamente con valor $\alpha_i = -1$.
Varianza de la estabilidad.	σ_i^2	Shukla (1972)	Genotipos inestables con valor-F significativo
Ecovalencia de Wricke.	V_i	Wricke (1965) en (Flores et al., 1998)	Genotipos estables con valor bajo de V_i.
Ranquin de Kang.	R_{kang}	Kang (1988)	Genotipos estables con la jerarquización más baja.
Ranquin estratificado de Fox.	R_{stra}	Fox et al. (1990)	Genotipos estables con la jerarquización más baja.
Coeficiente de variación.	CV_i	Francis & Kannenberg (1978)	Genotipos estables con valores bajos de CV_i
Varianza ambiental de Roemer.	S_{xi}^2	Roemer (1917) en (Becker & Léon, 1988)	Genotipos estables con bajo S_{xi}^2

A partir del estadístico de cada método de estabilidad se generó una jerarquización de híbridos, con el fin de ordenar los híbridos del más estable al menos estable según cada método de estabilidad. Para los estadísticos b_i y α_i se generaron dos interpretaciones de cada estadístico; asumiendo como genotipos estables aquellos con $b_i = 0$ ($b_i^{(=0)}$), b_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $b_i > 0$ ($b_i^{(>0)}$); y asumiendo como genotipos estables aquellos con $\alpha_i = -1$ ($\alpha_i^{(=-1)}$), α_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $\alpha_i > -1$ ($\alpha_i^{(>-1)}$).

AMMI

Se utilizó el modelo AMMI para predecir la estabilidad de los híbridos de brachiaria (Gauch et al., 2008) para su aplicación se utilizó el paquete estadístico METAN (Olivoto et al., 2019) en el ambiente Rstudio 2022.07.2. El modelo AMMI asume que todos los efectos son fijos, a excepción del error. El modelo AMMI primero ajusta los efectos para el ambiente y genotipos mediante un análisis de varianza. Luego, utiliza el análisis de componentes principales (ACP) mediante la descomposición del valor singular a los residuales después de ajustados los efectos principales por el ANOVA (Piepho, 1994). La interacción más el error es descompuesto en *s* componentes del ACP. El modelo AMMI se representa en la ecuación 2.

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \tau_j + \sum_{s=1}^{S} l_s a_{is} t_{js} + \theta_{ij} \qquad [2]$$

donde l_s es el valor singular para el componente *s* del ACP, a_{is} es el vector propio del genotipo para el componente *s* y t_{js} es vector propio del ambiente, y θ_{ij} son los residuales que se mantiene si todos los componentes del ACP no son usados.

Se calculó el índice de valor de estabilidad AMMI (ASV) siguiendo lo propuesto por Purchase et al. (2000):

$$\text{Valor de estabilidad AMMI (ASV)} = \sqrt{\frac{SC\ IPCA1}{SC\ IPCA2}\,(IPCA1)^2 + (IPCA1)^2}$$

BLUP

Para el modelo BLUP los efectos genotípicos y/o ambientales son tratados como efectos aleatorios, para este estudio se asumió los efectos de genotipos (α_i) y la IGA ($(\alpha\tau)_{ij}$) cómo efectos aleatorios. El modelo de la ecuación 1 puede ser reescrito cómo en la ecuación 3.

$$y = X\beta + Zu + e \qquad [3]$$

donde y es un vector de dimensión $n\left[=\sum_{j=1}^{n}(gb)\right]x1$ de la variable respuesta $y = [y_{111}, y_{112}, \dots, y_{geb}]'$; β es un vector $(eb)x1$ de efectos fijos desconocidos y no observables $\beta = \left[\mu,\ \gamma_{11}, \gamma_{12,} \dots, \gamma_{eb}\right]'$; u es un vector de dimensión $m[= g + ge]x1$ de efectos aleatorios no observables $u = \left[\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_g, (\alpha\tau)_{11}, (\alpha\tau)_{12}, (\alpha\tau)_{ge}\right]'$; X es una matriz de diseño $n\,x\,(eb)$ de ceros y unos que relaciona y a β; Z es una matriz de diseño de ceros y unos que relaciona y a U; e es un vector de dimensiones $n\,x\,1$ de errores aleatorios $e = [e_{111}, e_{112}, \dots, e_{geb}]'$; el símbolo prima ($'$) representa la transposición del vector. Para los vectores aleatorios u y e se asume que son normales y distribuidos independientemente con media cero y matrices de varianza y covarianza G y R respectivamente, tal que

$$\begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} \sim N\left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}\right)$$

La forma de G y R sugerida por Piepho (1994):

$$G = \begin{bmatrix} \hat{\sigma}_{\alpha}^2 I_g & 0 \\ 0 & \hat{\sigma}_{\alpha\tau}^2 I_{ge} \end{bmatrix}$$

y $R = \hat{\sigma}_e^2 I_n$, donde $\hat{\sigma}_{\alpha}^2$, $\hat{\sigma}_{\alpha\tau}^2$ y $\hat{\sigma}_e^2$ son las varianzas para genotipos, IGA y error aleatorio, respectivamente. Donde I_g, I_{ge} y I_e son las matrices identidad de orden g, gxe y n, respectivamente.

Los vectores β y u son estimados utilizando la ecuación 4 propuestas por Henderson (1975):

$$\begin{bmatrix} \hat{u} \\ \hat{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ ZR^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X'R^{-1}X \\ ZR^{-1}X \end{bmatrix} \qquad [4]$$

La estimación de los componentes de varianza fue obtenida mediante REML (Restricted Maximun Likelihood) usando el algoritmo Expetaction-Maximization, mientras que la significancia de los efectos aleatorios fue evaluada a través de la prueba LR (Likelihood Ratio) mediante el paquete estadístico Metan en el ambiente Rstudio. El valor BLUP para el i-ésimo genotipo es dado por las ecuaciones 5,6 y 7.

$$BLUP_g = \mu + \hat{g}_i \qquad [5]$$

$$\hat{g}_i = h_g^2(\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}) \qquad [6]$$

$$h_g^2 = \frac{(\hat{\sigma}_{\alpha\tau}^2 + e\hat{\sigma}_{\alpha}^2)}{(\hat{\sigma}_{\alpha\tau}^2 + \hat{\sigma}_{\varepsilon}^2 + e\hat{\sigma}_{\alpha}^2)} \qquad [7]$$

El valor BLUP para el i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente es dado por las ecuaciones 8,9 y 10.

$$BLUP_{ge} = \bar{y}_{.j} + \hat{g}_{ij} \qquad [8]$$

$$\hat{g}_{ij} = h_g^2(\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}) + h_{ge}^2\left(\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..}\right) \qquad [9]$$

$$h_{ge}^2 = \frac{(\hat{\sigma}_{\alpha\tau}^2)}{(\hat{\sigma}_{\alpha\tau}^2 + \hat{\sigma}_{\varepsilon}^2)} \quad [10]$$

Comparación y relación entre métodos

Se calculó la correlación de por el método de Spearman para las jerarquizaciones de cada método de estabilidad. Se aplicó un análisis de componentes principales (ACP) y un análisis de clúster mediante el método de K-means sobre la matriz de jerarquizaciones de los genotipos producto de cada estadístico, con el fin de observar la relación entre los modelos univariados, el modelo AMMI y el modelo BLUP (Flores et al., 1998). Para el cálculo de la correlación se utilizó la librería Corrplot y para el análisis de clúster se utilizó la librería Factoextra en el ambiente Rstudio 2022.07.2.

Para los modelos de Eberhart y Russell, AMMI y BLUP se calculó la correlación entre los valores observados y los valores predichos. Para los modelos AMMI y BLUP se calculó la raíz de la desviación cuadrática media (RDCM) mediante la ecuación 11.

$$RDCM = \left[\frac{\sum_{i=1}^{n}(\hat{y}_{ij} - y_{ij})^2}{n}\right]^{0.5} \quad [11]$$

El cálculo de RDCM se realizó 100 veces y se elaboró diagramas de caja para mostrar la distribución de las 100 RDCM. Se utilizó la librería metan en el ambiente Rstudio 2022.07.2 para el cálculo de la RDCM.

Resultados y discusión

Análisis descriptivo y determinación de IGA

La gran media de altura para los híbridos de brachiaria en el EMA fue 18.10 cm, el valor mínimo y máximo de altura fue de 3,0 cm y de 65 cm, respectivamente, mientras que la desviación estándar fue de 8.63 cm. Respecto a la biomasa, la gran media para los híbridos en el EMA fue de 3,65 y la desviación estándar fue de 1,50. Por localidad los híbridos tuvieron mayores valores fenotípicos promedio de altura y biomasa en Palmira. Similarmente, los ambientes con mayores valores fenotípicos para altura y biomasa fueron Palmira-E3 y Palmira-E4 (Tabla 5).

Tabla 5: Promedio por ambiente para las variables altura y biomasa de híbridos apomícticos de brachiaria por ambientes. El valor después del signo ± corresponde a la desviación estándar del grupo.

Ambiente	**Cabuyaro-E1**	**Cabuyaro-E2**	**Cabuyaro-E3**	**Palmira-E1**	**Palmira-E3**	**Palmira-E4**
Altura (cm)	11.68±4.67	15.93±5.98	17.15±5.61	13.41±5.52	21.41±7.36	29.02±8.64
Biomasa	3.21±0.94	3.97±1.40	2.44±0.98	3.18±1.18	4.59±1.37	4.52±1.69

Los cinco testigos utilizados en el EMA tuvieron una altura media de 17,16 cm con una desviación estándar de 10,10 cm, mientras que los nuevos híbridos tuvieron una media de altura de 18,22 cm con una desviación estándar de 8.42. En el EMA el híbrido CIAT/06133 fue el testigo con mejor comportamiento agronómico en altura como en producción de biomasa con un promedio de 25,56 cm y 4,86, respectivamente (Figura 1). Respecto a la variable altura hubo 84 nuevos híbridos con una mayor altura que el testigo CIAT/06133. Para la variable biomasa hubo 100 nuevos híbridos de brachiaria con una producción de biomasa superior al testigo CIAT/06133 (Figura 2).

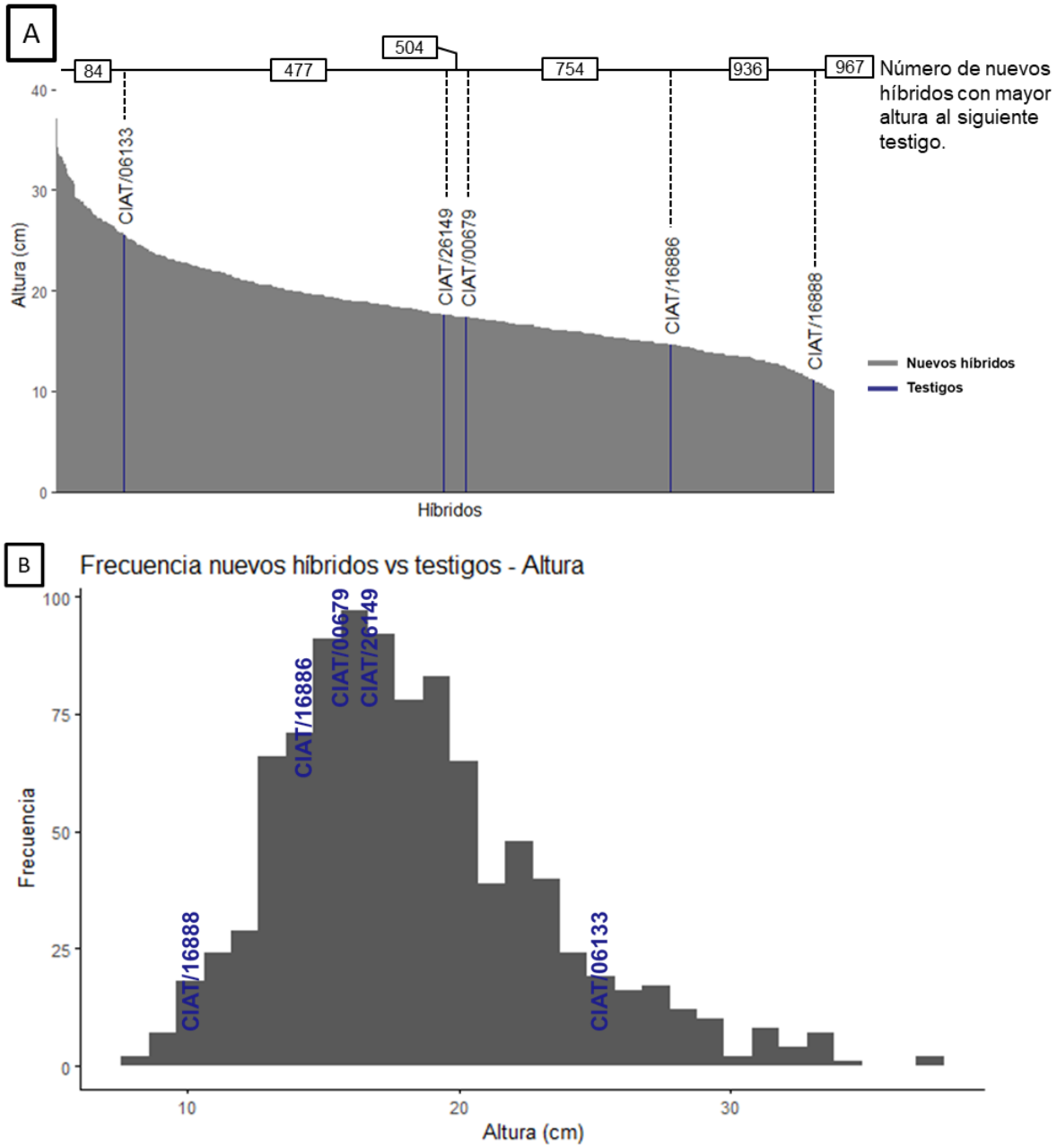


Figura 1: A) Distribución de nuevos híbridos y testigos de híbridos apomícticos de brachiaria para la variable altura. Los números en cajas representan el número de nuevos híbridos con un mayor valor fenotípico promedio a los híbridos testigo. B) Histograma de frecuencias para la variable altura donde se ubican los híbridos testigos.

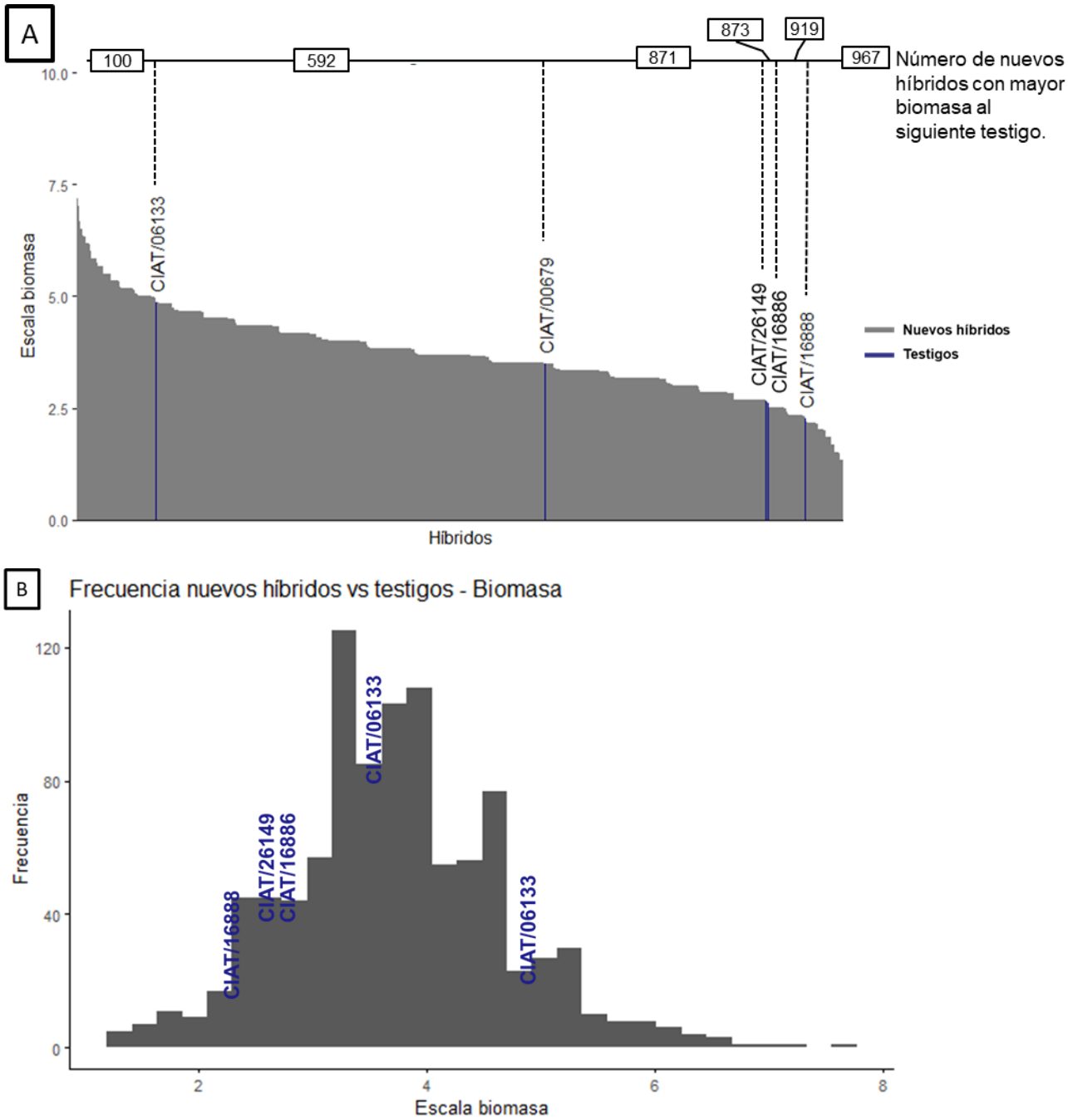


Figura 2: A) Distribución de nuevos híbridos y testigos de híbridos apomícticos de brachiaria para la variable biomasa. Los números en cajas representan el número de nuevos híbridos con un mayor valor fenotípico promedio a los híbridos testigos. B) Histograma de frecuencias para la variable biomasa donde se ubican los híbridos testigos.

En la Tabla 6 se muestra el ANOVA para los híbridos testigo en los seis ambientes. Al considerar solamente los cinco híbridos testigo de brachiaria se observa una fuerte variación capturada por el cuadrado medio de la IGA en la variable altura, 37.5 % de la variación total. Para el caso de la variable biomasa, existió una IGA sustancial que representó un 4.99 % de la variación total. En el ANOVA para los híbridos testigo y los nuevos híbridos de brachiaria la mayor parte de la variación fue capturada por el cuadrado medio del ambiente tanto para la variable altura como para la variable biomasa, con un porcentaje explicado del 99.06% y del 98.07%, respectivamente, es decir cuando se consideran los nuevos híbridos en el ANOVA se da un incremento del cuadrado medio del ambiente respecto al ANOVA de solo los híbridos testigo.

Tabla 6: Análisis de varianza para las variables altura y biomasa de híbridos testigo de brachiaria en un EMA en diseño de bloques completos al azar.

Fuente de variación	Grados de libertad	Altura		Biomasa	
		Cuadrado medio	% explicado	Cuadrado medio	% explicado
Ambiente	5	8016	38.98	188.8	47.08
Genotipo	4	3934	19.13	189.6	47.27
Bloque	24	883	4.29	1.9	0.47
IGA	20	7712	37.50	20	4.99
Residuales	696	17	0.001	0.73	0.18

Para la altura, la IGA tuvo un cuadrado medio hasta 50 veces mayor al cuadrado medio del error. En la variable biomasa los cuadrados medios de las fuentes de variación tuvieron cuadrados medios al menos 40 veces mayores al cuadrado medio del error (Tabla 7). Dado que existió IGA en el EMA es posible que un híbrido que sea superior a otro híbrido en un ambiente, pero sea inferior en un ambiente diferente, esta es la mayor dificultad producida por la existencia de IGA (Falconer & Mackay, 1996; van Eeuwijk, 2006). Por lo tanto, se justificó el análisis de la estabilidad de cada uno de los híbridos de brachiaria mediante diferentes métodos de análisis de estabilidad.

Tabla 7: Análisis de varianza para las variables altura y biomasas de híbridos testigo y nuevos híbridos de brachiaria en un EMA para diseño de bloques completos al azar generado a partir de un diseño de bloques incompletos aumentados.

Fuente de variación	Grados de libertad	Altura		Biomasa	
		Cuadrado medio	% explicado	Cuadrado medio	% explicado
Ambiente	5	906005	99.06	16843	98.07
Genotipo	971	3471	0.37	132	0.77
Bloque	24	4591	0.5	21	1.02
IGA	4855	500	0.055	176	0.12
Residuales	139968	2.15	0	0.08	0

Análisis de estabilidad

En el análisis de componentes principales (ACP) y análisis de clúster se observó la conformación de cuatro grupos, tanto para la altura y biomasa de los híbridos de brachiaria. En el clúster 1 se agruparon las jerarquizaciones de $b_i^{(>0)}$ y $\alpha_i^{(>-1)}$; en el clúster 2 se agruparon las jerarquizaciones de λ_i, S_{di}^2, V_i, $\alpha_i^{(=-1)}$, σ_i^2 y ASV; en el clúster 3 se agruparon las jerarquizaciones de la variable respuesta altura (AT), $BLUP_g$, P_i y W_i; en el clúster 4 se agruparon las jerarquizaciones de $b_i^{(=0)}$, CV_i y S_{xi}^2 (Figuras 3 y 4).

Mediante los estadísticos de b_i y S_{di}^2 se asumió inicialmente como estables los híbridos con valores altos de b_i y bajos de S_{di}^2. Para la variable altura se encontró al híbrido testigo CIAT/06133 como el más estable y hubo 13 nuevos híbridos con mayor estabilidad que CIAT/06133 de acuerdo con el método de Eberhart y Russell, de estos 13 nuevos híbridos se destacaron Bh16b/0622, Bh16b/0691 y Bh16b/0664 que tuvieron una mayor altura que el testigo más estable, CIAT/06133.

Sin embargo, la jerarquización de genotipos que se obtiene a partir del estadístico b_i puede variar sustancialmente dependiendo la interpretación del valor del estadístico. Para

Eberhart y Russell (1966), que propusieron el método, en el cultivo de maíz un genotipo estable es aquel con un valor de b_i igual a 1 y con S_{di}^2 lo más bajo posible, sin embargo, para Flores et al. (1998) un genotipo estable es aquel con un valor de b_i de moderado a alto. Dado que b_i es el coeficiente de regresión, podemos interpretar que un valor de b_i igual a cero indicaría un híbrido estable bajo el concepto biológico propuesto por Becker & León (1988), mientras que un valor de b_i mayor a cero sugiere que el híbrido presenta un aumento en su respuesta respecto al índice ambiental. Esto se fortalece cuando vemos la correlación entre las jerarquizaciones que se obtienen de b_i y la varianza ambiental de Roemer (S_{xi}^2), cuando se asume como estables híbridos con b_i = 0 ($b_i^{(=0)}$) la correlación entre $b_i^{(=0)}$ y S_{xi}^2 para las variables altura y biomasa es de 0.92 y 0.78, respectivamente (Tabla 8; Tabla 9), mientras que si asumimos como estables híbridos con b_i > 0 ($b_i^{(>0)}$) la correlación entre $b_i^{(>0)}$ y S_{xi}^2 para la altura y la biomasa es de -0.92 y -0.78, respectivamente. Para la variable biomasa el híbrido testigo CIAT/06133 también fue el híbrido más estable agronómicamente según el estadístico b_i, y se presentaron 13 nuevos híbridos con mayor estabilidad agronómica, los tres nuevos híbridos con mayor biomasa fueron Bh16b/1131, Bh16b/2158 y Bh16b/0633. La interpretación del estadístico b_i dependerá de los objetivos de mejora que defina el Fitomejorador. Si se desea desarrollar híbridos mejorados para zonas agrícolas de baja tecnología es preferible la selección de híbridos estable bajo un valor de $b_i = 0$, en cambio en caso de requerirse híbridos que respondan proporcionalmente a la mejora del ambiente se deberá seleccionar híbridos estables bajo un valor de $b_i > 0$.

En las figuras 3 y 4 se puede observar cómo las jerarquizaciones de los estadísticos S_{xi}^2 y $b_i^{(=0)}$ tiende a ubicarse a lado derecho del PC1, mientras que las jerarquizaciones de los estadísticos $P_i, \alpha_i^{(>-1)}$ y $b_i^{(>0)}$ tiende a ubicarse en el lado izquierdo del PC1, lo cual sugiere que el PC1 puede ser usado para discriminar los estadísticos según los conceptos de estabilidad biológica y agronómica.

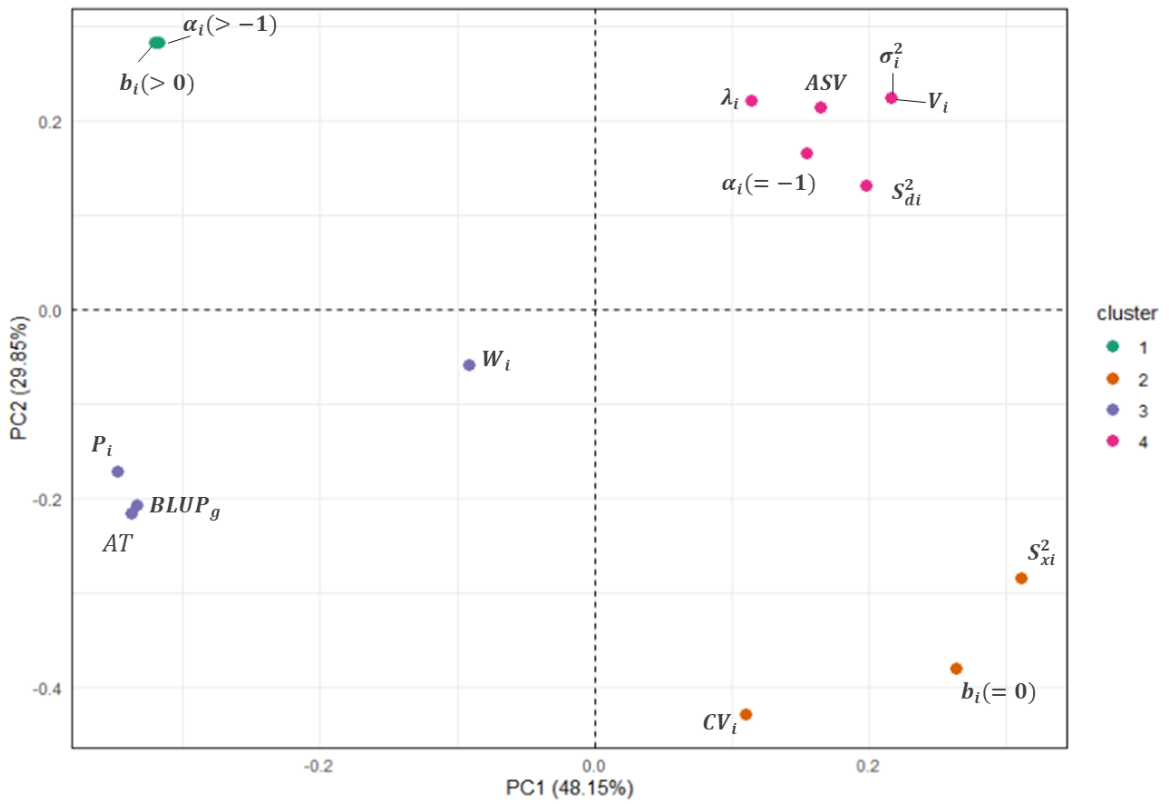


Figura 3: Biplot de los dos primeros componentes principales de la jerarquización de estabilidad de la altura de híbridos brachiaria, estimado mediante 11 métodos de análisis de estabilidad en 6 ambientes. Pendiente de la regresión lineal (b_i), b_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $b_i = 0$ ($b_i^{(=0)}$), b_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $b_i > 0$ ($b_i^{(>0)}$); suma de cuadrados de la desviación de la regresión (S_{di}^2); índice de confianza de cada genotipo (W_i); índice de superioridad (P_i); ecovalencia de Wricke (V_i); jerarquización de Kang (R_{kang}); jerarquización estratificada de Fox (R_{stra}); coeficiente de variación (CV_i); varianza ambiental de Roemer (S_{xi}^2); respuesta lineal de un genotipo a los efectos ambientales (α_i), α_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $\alpha_i = -1$ ($\alpha_i^{(=-1)}$), α_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $\alpha_i > -1$ ($\alpha_i^{(>-1)}$); desviación de la respuesta lineal (λ_i), varianza de la estabilidad (σ_i^2), valor de estabilidad AMMI (ASV), valor BLUP para el i-ésimo genotipo ($BLUP_g$) y altura (AT).

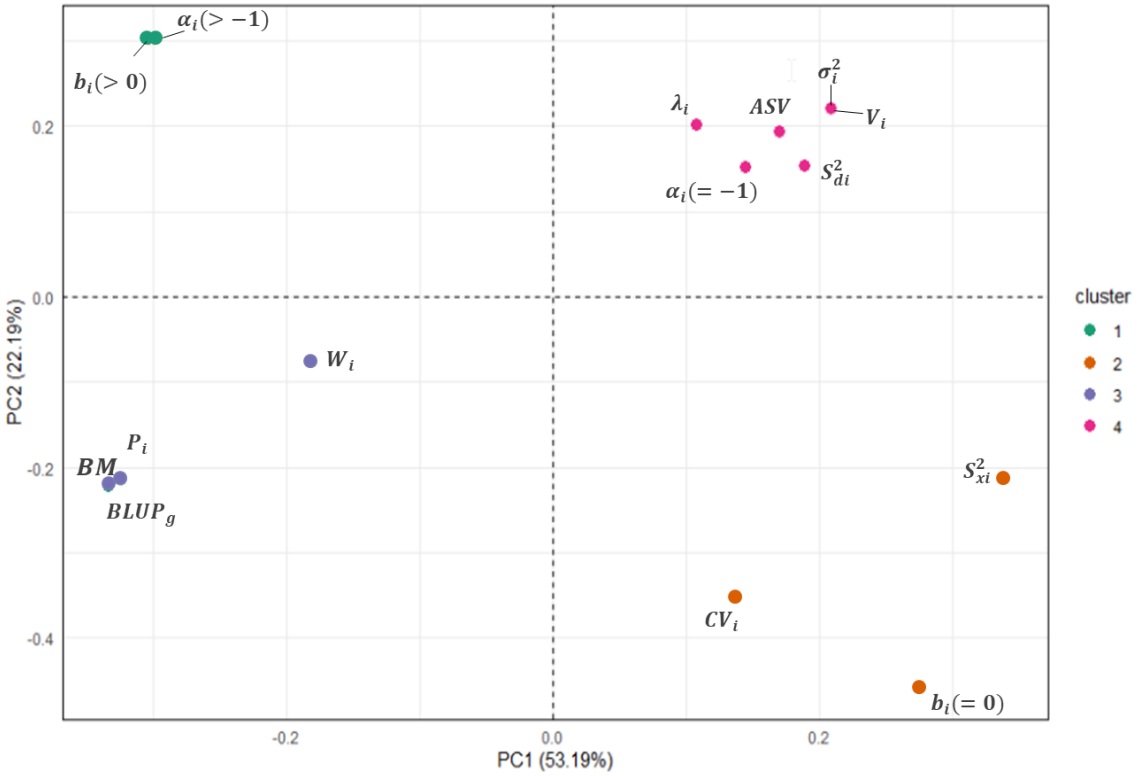


Figura 4: Biplot de los dos primeros componentes principales de la jerarquización de estabilidad de la AT de brachiaria, estimado mediante 11 métodos de análisis de estabilidad en seis ambientes. Pendiente de la regresión lineal (b_i), suma de cuadrados de la desviación de la regresión (S_{di}^2), índice de confianza de cada genotipo (W_i), índice de superioridad (P_i), ecovalencia de Wricke (V_i), jerarquización de Kang (R_{kang}), jerarquización estratificada de Fox (R_{stra}), coeficiente de variación (CV_i), varianza ambiental de Roemer (S_{xi}^2), respuesta lineal de un genotipo a los efectos ambientales (α_i), desviación de la respuesta lineal (λ_i) y la varianza de la estabilidad (σ_i^2).

El clúster 2 (Figuras 3 y 4) el estadístico $b_i^{(=0)}$ estuvo en el clúster de los estadísticos S_{xi}^2 y CV_i, estos dos estadísticos están reconocidamente asociados a la estabilidad en un concepto biológico o estático (Nassar and Huhn 1987; Flores et al., 1998), apoyando la idea de que $b_i^{(=0)}$ es un estadístico asociado a la estabilidad biológica. Tanto para la variable altura y biomasa los estadísticos CV_i, S_{xi}^2 y $b_i^{(=0)}$ estuvieron más asociados al concepto biológico de estabilidad, mientras que los estadísticos $\alpha_i^{(>-1)}$, $b_i^{(>0)}$, $BLUP_g$ y P_i fueron asociados al concepto agronómico de estabilidad. De hecho, la jerarquización de P_i tuvo una correlación cercana a 1 con las jerarquizaciones de $BLUP_g$ y de las variables respuesta, es decir, altura y biomasa. El estadístico P_i fue propuesto por Lin and Binns (1988), y busca representar la estabilidad como una distancia cuadrada entre la respuesta

de cada híbrido y la respuesta promedio máxima entre todos los ambientes, por lo que un híbrido estable será aquel con valor bajo de P_i. El híbrido CIAT/06133 fue el testigo con más estabilidad según el estadístico P_i.

	AT	$b_i^{(=0)}$	$b_i^{(>0)}$	S_{di}^2	W_i	P_i	V_i	R_{kang}	R_{stra}	$\alpha_i^{(=-1)}$	$\alpha_i^{(>-1)}$	λ_i	CV_i	S_{xi}^2	σ_i^2	ASV	$BLUP_g$
AT	1,00																
$b_i^{(=0)}$	-0,35*	1,00															
$b_i^{(>0)}$	0,35*	-1,00*	1,00														
S_{di}^2	-0,45*	0,12*	-0,12*	1,00													
W_i	0,52*	-0,15*	0,15*	0,33*	1,00												
P_i	0,99*	-0,43*	0,43*	-0,40*	0,55*	1,00											
V_i	-0,42*	0,07*	-0,07*	0,82*	0,38*	-0,37*	1,00										
R_{kang}	0,52*	-0,23*	0,23*	0,36*	0,85*	0,56*	0,53*	1,00									
R_{stra}	-0,16*	0,03	-0,04	0,14*	-0,01	-0,16*	0,14*	-0,02	1,00								
$\alpha_i^{(=-1)}$	-0,21*	0,12*	-0,12*	0,25*	0,21*	-0,19*	0,67*	0,41*	0,09*	1,00							
$\alpha_i^{(>-1)}$	0,34*	-1,00*	1,00*	-0,11*	0,15*	0,43*	-0,07*	0,23*	-0,03	-0,11*	1,00						
λ_i	-0,17*	-0,03	0,03	0,23*	0,22*	-0,14*	0,66*	0,44*	0,09	0,94*	0,03	1,00					
CV_i	0,22*	0,74*	-0,74*	0,12*	0,43*	0,16*	0,06*	0,29*	-0,03	0,07*	-0,73*	-0,04	1,00				
S_{xi}^2	-0,47*	0,92*	-0,92*	0,41*	-0,01	-0,53*	0,35*	-0,09*	0,08*	0,20*	-0,91*	0,05	0,72*	1,00			
σ_i^2	-0,42*	0,07*	-0,07*	0,82*	0,38*	-0,37*	1,00*	0,53*	0,14*	0,67*	-0,07*	0,66*	0,06*	0,35*	1,00		
ASV	-0,25*	0,03	-0,03	0,53*	0,34*	-0,20*	0,83*	0,54*	0,06	0,82*	-0,02	0,83*	0,07*	0,22*	0,83*	1,00	
$BLUP_g$	0,97*	-0,35*	0,35*	-0,42*	0,52*	0,97*	-0,39*	0,52*	-0,16*	-0,20*	0,35*	-0,16*	0,21*	-0,47*	-0,39*	-0,23*	1,00

Tabla 8: Correlación de Spearman para las jerarquizaciones de estadísticos de modelos de estabilidad en seis ambientes para la variable altura (AT). Pendiente de la regresión lineal (b_i), b_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $b_i = 0$ ($b_i^{(=0)}$), b_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $b_i > 0$ ($b_i^{(>0)}$); suma de cuadrados de la desviación de la regresión (S_{di}^2); índice de confianza de cada genotipo (W_i); índice de superioridad (P_i); ecovalencia de Wricke (V_i); jerarquización de Kang (R_{kang}); jerarquización estratificada de Fox (R_{stra}); coeficiente de variación (CV_i); varianza ambiental de Roemer (S_{xi}^2); respuesta lineal de un genotipo a los efectos ambientales (α_i), α_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $\alpha_i = -1$ ($\alpha_i^{(=-1)}$), α_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $\alpha_i > -1$ ($\alpha_i^{(>-1)}$); desviación de la respuesta lineal (λ_i), varianza de la estabilidad (σ_i^2), valor de estabilidad AMMI (ASV) y valor BLUP para el i-ésimo genotipo ($BLUP_g$). * Nivel de significancia al 0.05.

El estadístico W_i fue propuesto Annicchiarico (1992) para clasificar los híbridos por su estabilidad de acuerdo con un índice de confianza basado en la superioridad de cada genotipo respecto al promedio de cada ambiente. El estadístico W_i también permitió

clasificar los ambientes por su favorabilidad, encontrándose como favorables los ambientes Palmira-E3 y PalmiraE3 para la variable altura, por su parte, para la variable biomasa fueron favorables los ambientes Cabuyaro-E2, Palmira-E3 y Palmira-E4.

	BM	$b_i^{(=0)}$	$b_i^{(=0)}$	S_{di}^2	W_i	P_i	V_i	R_{kang}	R_{stra}	$\alpha_i^{(=-1)}$	$\alpha_i^{(>-1)}$	λ_i	CV_i	S_{xi}^2	σ_i^2	ASV	$BLUP_g$
BM	1,00*																
$b_i^{(=0)}$	-0,50*	1,00															
$b_i^{(=0)}$	0,50*	-1,00*	1,00														
S_{di}^2	-0,29*	0,05	-0,05	1,00													
W_i	0,76*	-0,41*	0,42*	0,28*	1,00												
P_i	1,00*	-0,49*	0,49*	-0,24*	0,80*	1,00											
V_i	-0,31*	0,05	-0,04	0,90*	0,29*	-0,26*	1,00										
R_{kang}	0,57*	-0,37*	0,37*	0,53*	0,90*	0,61*	0,58*	1,00									
R_{stra}	-0,18*	0,07	-0,07	0,14*	-0,09*	-0,18*	0,17*	-0,02	1,00								
$\alpha_i^{(=-1)}$	-0,19*	0,10*	-0,10	0,25*	0,12*	-0,16*	0,56*	0,30*	0,11*	1,00							
$\alpha_i^{(>-1)}$	0,49*	-0,98*	0,99*	-0,04	0,41*	0,48*	-0,04	0,37*	-0,07	-0,09*	1,00						
λ_i	-0,13*	-0,02	0,02*	0,24*	0,16*	-0,10*	0,55*	0,35*	0,06	0,92*	0,03	1,00					
CV_i	0,13*	0,49*	-0,48*	0,46*	0,48*	0,17*	0,46*	0,49*	0,03	0,22*	-0,47*	0,15*	1,00				
S_{xi}^2	-0,60*	0,78*	-0,77*	0,58*	-0,18*	-0,57*	0,57*	-0,02	0,17*	0,29*	-0,76*	0,18*	0,66*	1,00			
σ_i^2	-0,31*	0,05	-0,04	0,90*	0,29*	-0,26*	1,00*	0,58*	0,17*	0,56*	-0,04	0,55*	0,46*	0,57*	1,00		
ASV	-0,20*	0,02	-0,02	0,75*	0,30*	-0,15*	0,84*	0,55*	0,12*	0,56*	-0,02	0,55*	0,40*	0,46*	0,84*	1,00	
$BLUP_g$	1,00*	-0,50*	0,50*	-0,29	0,76*	0.99*	-0,30*	0,57*	-0,18*	-0,19*	0,49*	-0,13*	0,13*	-0,60*	-0,30*	-0,20*	1,00

Tabla 9: Correlación de Spearman para las jerarquizaciones de estadísticos de modelos de estabilidad en seis ambientes para la variable biomasa (BM). Pendiente de la regresión lineal (b_i), b_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $b_i = 0$ ($b_i^{(=0)}$), b_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $b_i > 0$ ($b_i^{(>0)}$); suma de cuadrados de la desviación de la regresión (S_{di}^2); índice de confianza de cada genotipo (W_i); índice de superioridad (P_i); ecovalencia de Wricke (V_i); jerarquización de Kang (R_{kang}); jerarquización estratificada de Fox (R_{stra}); coeficiente de variación (CV_i); varianza ambiental de Roemer (S_{xi}^2); respuesta lineal de un genotipo a los efectos ambientales (α_i), α_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $\alpha_i = -1$ ($\alpha_i^{(=-1)}$), α_i asumiendo como genotipos estables aquellos con $\alpha_i > -1$ ($\alpha_i^{(>-1)}$); desviación de la respuesta lineal (λ_i), varianza de la estabilidad (σ_i^2), valor de estabilidad AMMI (ASV) y valor BLUP para el i-ésimo genotipo ($BLUP_g$).). * Nivel de significancia al 0.05.

Respecto al biplot obtenido del modelo AMMI, se logró visualizar híbridos de brachiaria de mayor estabilidad y con mayor rendimiento (altura y/o biomasa). Sin embargo, dado que el biplot del modelo AMMI es un indicador cualitativo de la estabilidad, se utilizó el índice

ASV, el híbrido CIAT/26149 fue el testigo más estable para altura como para biomasa. De acuerdo con la jerarquización obtenida del índice ASV hubo 29 y 81 nuevos híbridos con mayor estabilidad que el testigo CIAT/26149. El híbrido CIAT/06133 fue el testigo más estable en las jerarquizaciones de $b_i^{(>0)}$, P_i, $\alpha_i^{(>-1)}$ y $BLUP_g$, pero en la jerarquización del índice ASV el híbrido CIAT/06133 fue el de menor estabilidad, mientras que el híbrido testigo CIAT/2614 fue el de mayor estabilidad. Purchase et al., (2000) propuso el índice ASV y encontró una alta correlación con métodos asociados al concepto de estabilidad agronómica como la varianza de la estabilidad (σ_i^2), el método de Eberhart y Russel y la ecovalencia de Wricke, en este EMA de brachiaria, solo se observó dicha correlación entre el índice ASV y el estadístico σ_i^2. El índice ASV tendió a localizarse en dirección de los estadísticos asociados al concepto biológico de estabilidad en los ACP de la variable altura y biomasa (figura 3 y 4).

En el biplot del modelo AMMI se observa una mayor dispersión en los ejes de los ambientes que en los genotipos tanto en la variable altura como en la variable biomasa de los híbridos de brachiaria (figura 5 y 6), de acuerdo con Oliveira et al. (2013) cuando se observa una mayor dispersión en los ejes de los ambientes se puede asumir que hubo un fuerte efecto del ambiente en la variable respuesta. Esto refuerza la alta variación ambiental observada en el ANAVA (Tabla 6).

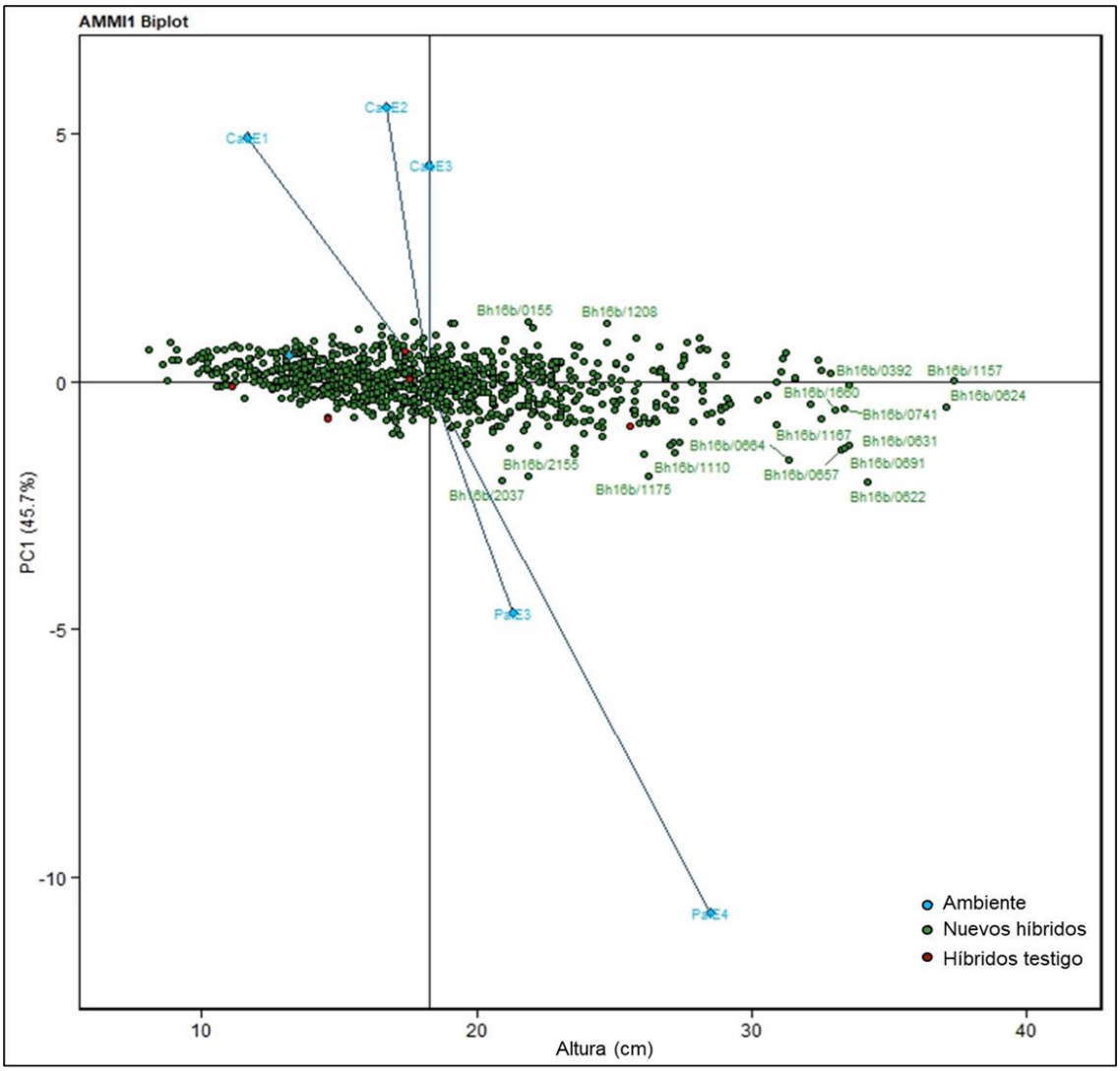


Figura 5: Biplot para altura vs. PC1 de híbridos de brachiaria evaluados en seis ambientes. PC: Componente principal.

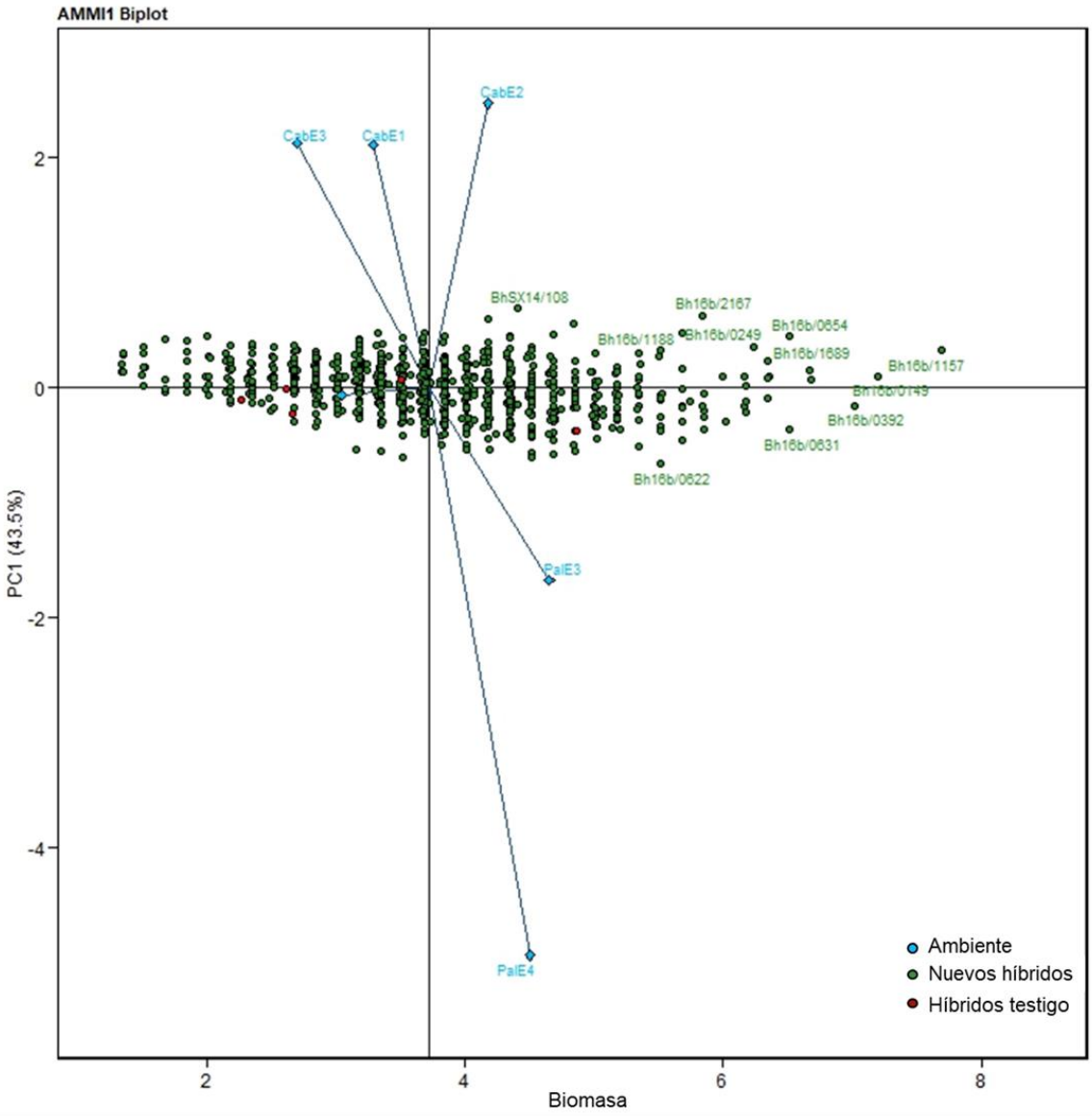


Figura 6: Biplot para biomasa vs. PC1 de híbridos de brachiaria evaluados en seis ambientes. PC: Componente principal.

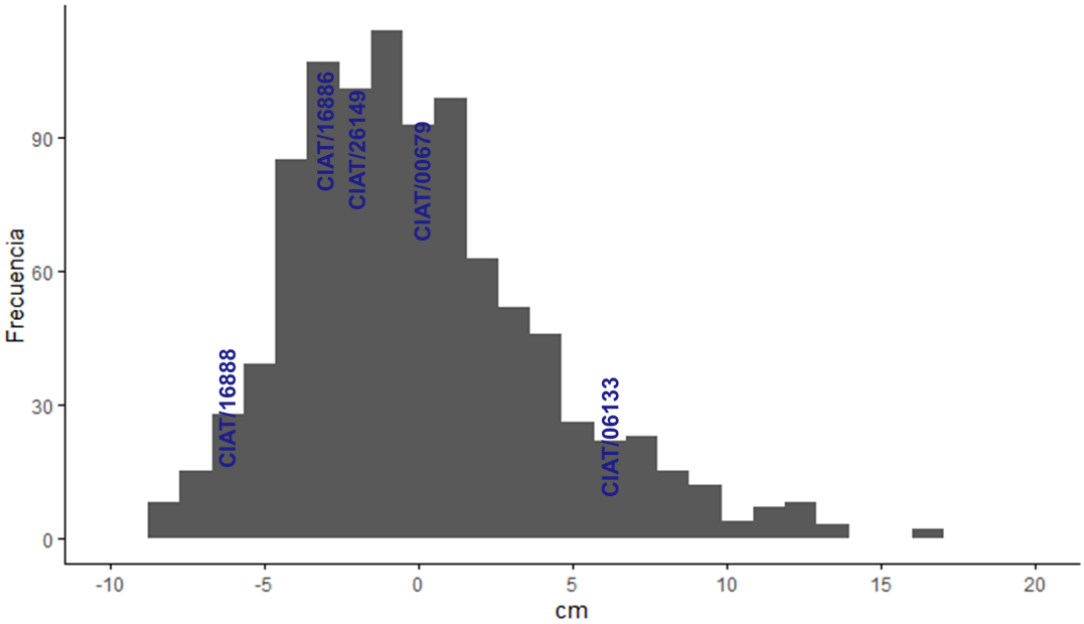


Figura 7: Distribución de frecuencias para la altura predicha (BLUP) donde se ubican los híbridos testigos de brachiaria evaluados en seis ambientes.

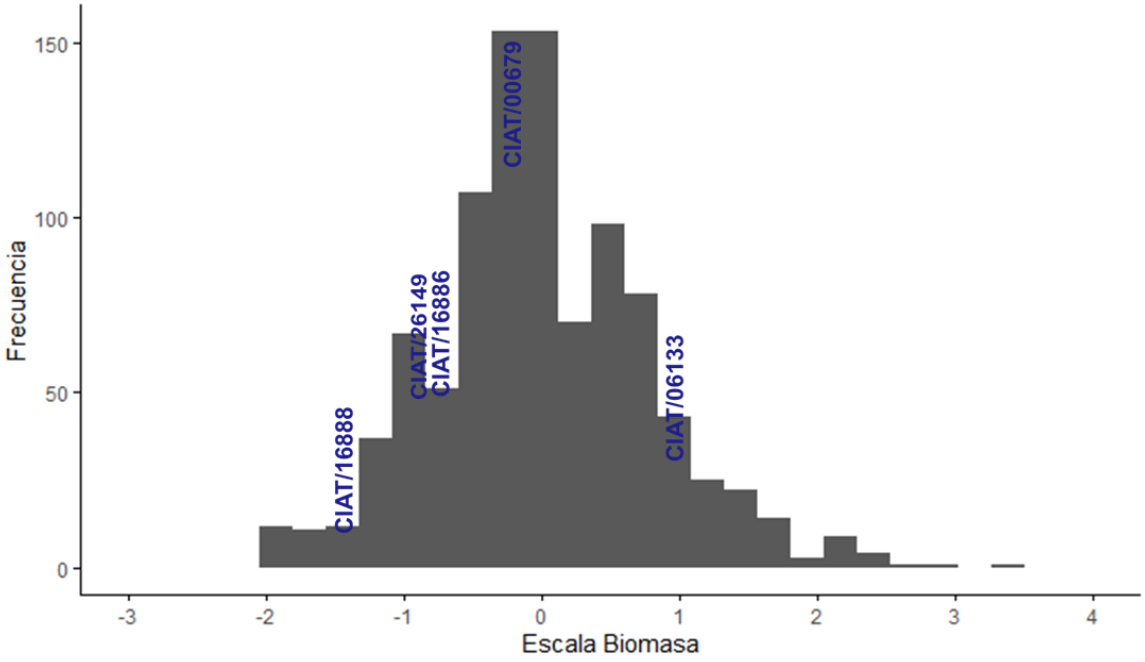


Figura 8: Distribución de frecuencias para la biomasa predicha (BLUP) donde se ubican los híbridos testigos de brachiaria evaluados en seis ambientes.

La correlación entre valores predichos y observados para los modelos de Eberhart y Russell, AMMI y BLUP fueron de 0.76, 0.87 y 0.99, respectivamente. Lo que sugiere una mejor precisión en la predicción de la variable respuesta. La RDCM para los modelos de la familia AMMI y modelo BLUP muestra también la mayor precisión predictiva del modelo BLUP tanto para la altura como para la biomasa de los híbridos de brachiaria (Figura 9 y 10).

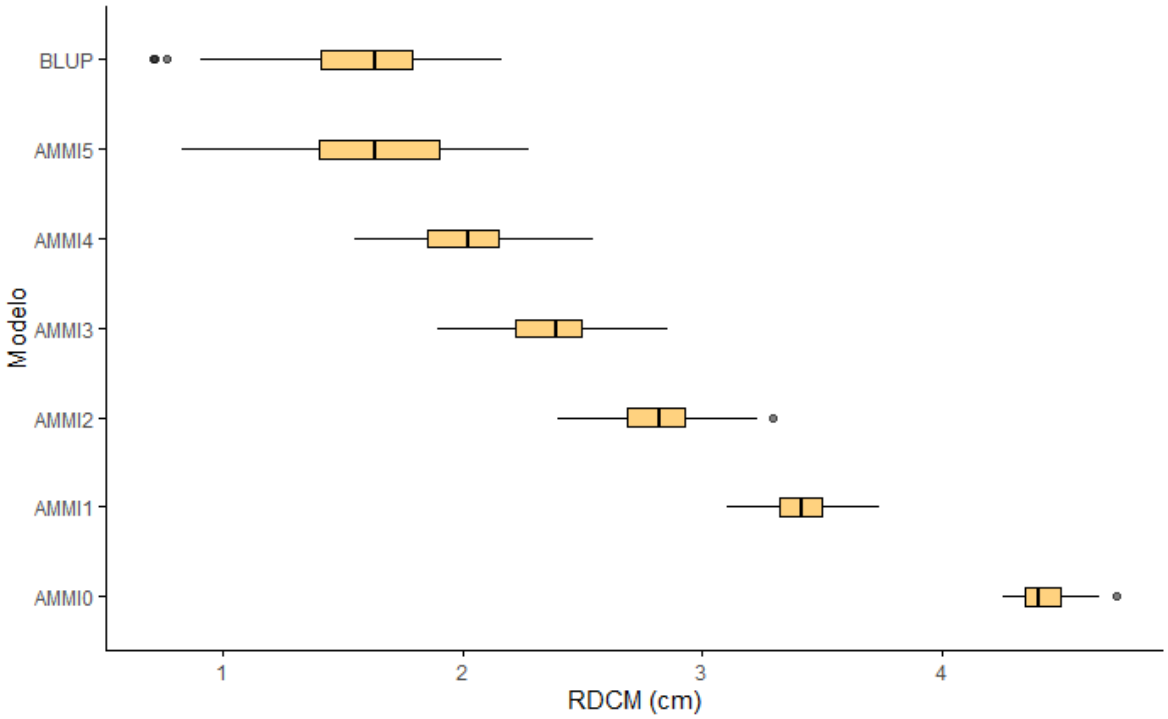


Figura 9. Precisión predictiva de los modelos AMMI y BLUP para la altura de híbridos de brachiaria evaluados en seis ambientes. El diagrama de caja muestra la distribución de 100 RDCM.

Fueron necesarios emplear cinco componentes de la IGA (AMMI5) para alcanzar la precisión predictiva del modelo BLUP. La mayor precisión del modelo BLUP mediante RDCM ha sido reportada en otros estudios que comparan el modelo AMMI contra el modelo BLUP (Olivoto et al., 2019; Piepho, 1994), también se ha reportado el mayor éxito posdictivo del modelo AMMI10 sobre el modelo BLUP en EMA en cultivo de arroz (Sa'diyah & Hadi, 2016). Gauch & Zobei (1988) mencionan que un mayor tamaño de los EMA favorece la eficiencia del modelo AMMI, a pesar del gran tamaño del factor genotipos para el conjunto de datos analizado en este estudio, se obtuvo una mayor precisión predictiva del modelo BLUP, posiblemente por el bajo número de ambientes evaluados, sin embargo,

es poco usual ver el uso de EMA en etapas tempranas de selección con grandes números de genotipos evaluados.

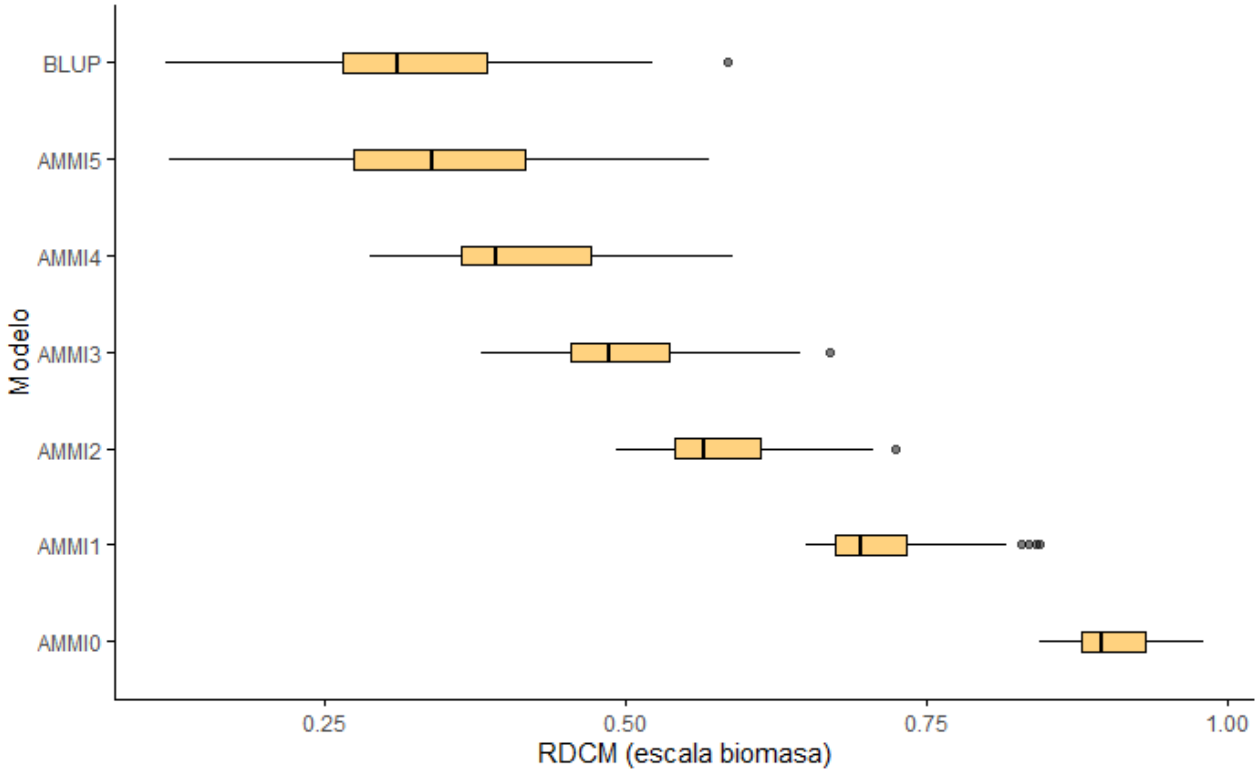


Figura 10. Precisión predictiva de los modelos AMMI y BLUP para la biomasa de híbridos de brachiaria evaluados en seis ambientes. El diagrama de caja muestra la distribución de 100 RDCM.

Conclusiones

Se evidenció que en la población Bh16b existen híbridos superiores a los híbridos comerciales actuales para biomasa, altura y estabilidad, por lo que se justifica realizar la selección de los híbridos superiores para evaluaciones agronómicas siguientes.

El modelo BLUP demostró ser el de mayor precisión en la predicción de la biomasa y altura para los híbridos de brachiaria evaluados en este EMA. Asimismo, la jerarquización obtenida del modelo BLUP fue más similar a métodos de estabilidad relacionados con el concepto agronómico de estabilidad. Es posible sugerir para este conjunto de datos al modelo BLUP como el mejor modelo para realizar la predicción de la biomasa y la altura.

Definir un mejor método de estabilidad dependerá si se prefiere el concepto agronómico o biológico de estabilidad. Se encontraron estadísticos alineados con los dos conceptos de estabilidad e incluso el método de Eberhart y Russell que puede clasificar los híbridos bajo el concepto de estabilidad biológica o agronómica dependiendo del valor de referencia de b_i.

Recomendaciones

Explorar los métodos y definiciones de estabilidad para realizar la selección de genotipos estables. En ensayos siguientes con un menor número de híbridos se debe priorizar las repeticiones para validar la predicción de la estabilidad realizada en etapas tempranas de selección. También se debe analizar que importancia se dará durante la selección a las variables evaluadas y la estabilidad de cada variable.

Bibliografía

Annicchiarico, P. (1992). Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. J. Genet. Breed., 46: 269-278. *J. Genet. & Breed*, *46*(November), 269–296. https://www.researchgate.net/profile/Paolo_Annicchiarico/publication/292006732_Cultivar_adaptation_and_recommendation_from_alfalfa_trials_in_Northern_Italy/links/58382a1608aed5c614880f4c/Cultivar-adaptation-and-recommendation-from-alfalfa-trials-in-Northe

Becker, H. C., & Léon, J. (1988). Stability Analysis in Plant Breeding. *Plant Breeding*, *101*(1), 1–23. https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1988.tb00261.x

Catchpole, W. R., & Wheelert, C. J. (1992). Review Estimating plant biomass: A review of techniques. In *Australian Journal of Ecology {\992)* (Vol. 17).

CGIAR. (2018). *Tropical Forages and the DiFusion of Brachiaria Cultivars in Latin America* (Issue 70). https://cas.cgiar.org/sites/default/files/pdf/ispc_brief_70_brachiaria.pdf

Cubero, J., & Flores, F. (2003). Métodos estadísticos para el estudio de la estabilidad varietal en ensayos agrícolas. In *Junta de Andalucía* (2nd ed., Issue 2). https://doi.org/10.5281/zenodo.1477753

Eberhart, S. A., & Russell, W. A. (1966). Stability Parameters for Comparing Varieties. *Crop Science*, *6*(1), 36–40. https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183x000600010011x

Falconer, D., & Mackay, D. (1996). *Introduction to Quantitative Genetic* (Cuarta).

Fasahat, P. (2015). An Overview on the Use of Stability Parameters in Plant Breeding. *Biometrics & Biostatistics International Journal*, *2*(5). https://doi.org/10.15406/bbij.2015.02.00043

Federer, W. (1956). Augmented (or Hoonuiaku) design. *Cornell University*, 1–33. https://ecommons.cornell.edu/handle/1813/32841

Ferraudo, G. M., & Perecin, D. (2014). Mixed Model, AMMI and Eberhart-Russel Comparison via Simulation on Genotype × Environment Interaction Study in

Sugarcane. *Applied Mathematics*, *05*(14), 2107–2119. https://doi.org/10.4236/am.2014.514205

Finlay, K. W., & Wilkinson, G. N. (1963). THE ANALYSIS OF ADAPTATION IN A PLANT-BREEDING PROGRAMME. *Australian Journal of Agricultural Research*, *14*(1958), 742–754.

Flores, F., Moreno, M. T., & Cubero, J. I. (1998). A comparison of univariate and multivariate methods to analyze genotype by environment interaction. *Field Crops Research*, *56*, 271–286.

Fox, P. N., Skovmand, B., Thompson, B. K., Braun, H. J., & Cormier, R. (1990). Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. *Euphytica*, *47*(1), 57–64. https://doi.org/10.1007/BF00040364

Francis, T., & Kannenberg, L. (1978). YIELD STABILITY STUDIES IN SHORT-SEASON MAIZE. I. A DESCRIPTIVE METHOD FOR GROUPING GENOTYPES. *Can. J. Plant Sci.*, *58*, 1029–1034.

Gauch, H. G. (1988). *Model Selection and Validation for Yield Trials with Interaction* (Vol. 44, Issue 3).

Gauch, H. G., & Zobei, R. W. (1988). Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials*. *Theor Appl Genet*.

Henderson, C. (1975). *Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model* (Vol. 31, Issue 2).

Jarquín, D., Lemes da Silva, C., Gaynor, R. C., Poland, J., Fritz, A., Howard, R., Battenfield, S., & Crossa, J. (2017). Increasing Genomic-Enabled Prediction Accuracy by Modeling Genotype × Environment Interactions in Kansas Wheat. *The Plant Genome*, *10*(2). https://doi.org/10.3835/plantgenome2016.12.0130

Kang, M. (1988). rank–sum method for selectig high-yielding, stable corn genotypes. *Cereal Res*, *16*(1), 113–115.

Lin, C. S., & Binns, M. R. (1988). A Superiority Measure of Cultivar Performance for Cultivar × Location Data. *Canadian Journal of Plant Science*, *68*(1), 193–198. https://doi.org/10.4141/cjps88-018

Miles, J. W. (2007). Apomixis for cultivar development in tropical forage grasses. *Crop Science*, *47*(SUPPL. DEC.). https://doi.org/10.2135/cropsci2007.04.0016IPBS

Miles, J. W., do Valle, C. B., Rao, I. M., & Euclides, V. P. B. (2004). Brachiaria grasses. In L. Sollenberger, L. Moser, & B. Burson (Eds.), *Warm-season grasses* (1st ed., Issue 45, pp. 745–783). https://doi.org/10.2134/agronmonogr45.c22

Oliveira, E., Freitas, J., & Jesus, O. (2013). AMMI analysis of yellow passion fruit Scientia Agricola. *Scientia Agricola*, *71*(2), 139–145.

Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., da Silva, J. A. G., Marchioro, V. S., de Souza, V. Q., & Jost, E. (2019). Mean performance and stability in multi-environment trials i: Combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, *111*(6), 2949–2960. https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220

Piepho, H. P. (1994). Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, *89*(5), 647–654. https://doi.org/10.1007/BF00222462

Purchase, J. L., Hatting, H., & van Deventer, C. S. (2000). Genotype × environment interaction of winter wheat (Triticum aestivum L.) in South Africa: II. Stability analysis of yield performance. *South African Journal of Plant and Soil*, *17*(3), 101–107. https://doi.org/10.1080/02571862.2000.10634878

Sa'diyah, H., & Hadi, A. F. (2016). AMMI Model for Yield Estimation in Multi-Environment Trials: A Comparison to BLUP. *Agriculture and Agricultural Science Procedia*, *9*, 163–169. https://doi.org/10.1016/j.aaspro.2016.02.113

Shukla, G. K. (1972). Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity*, *29*(2), 237–245. https://doi.org/10.1038/hdy.1972.87

Tai, G. C. C. (1971). Genotypic Stability Analysis and Its Application to Potato Regional Trials. *Crop Science*, *11*(2), 184–190. https://doi.org/10.2135/cropsci1971.0011183x001100020006x

van Eeuwijk, F. A. (2006). Plant Breeding: The Arnel R. Hallauer International Symposium. In *Plant Breeding: The Arnel R. Hallauer International Symposium* (1st ed., pp. 155–170). Blackwell Publishing. https://doi.org/10.1002/9780470752708

van Eeuwijk, F. A., Bustos-Korts, D. v., & Malosetti, M. (2016). What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype × Environment

interactions? *Crop Science*, *56*(5), 2119–2140. https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0375

Yaseen, M., Eskridge, K., & Murtaza, G. (2018). Package ‘stability.’ *CRAN*, *1*(1), 1–22. https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183x000600010011x