

Modelamiento de la adaptación fenotípica en ensayos multi-ambiente

Valdivia, 5-9 de Agosto 2019

Daniela Bustos-Korts

(Material de curso elaborado por Daniela Bustos-Korts, Martin Boer, Bart-Jan van Rossum,
Marcos Malosetti, Fred van Eeuwijk)

Introducción

En el fitomejoramiento moderno, las decisiones de selección de nuevas variedades se basan usualmente en predicciones fenotípicas obtenidas de modelos ajustados a datos de campo a través de múltiples ambientes. La calidad de estas predicciones se ve afectada por la variación dentro del ensayo y por cambios en el ranking genotípico a través de los ambientes (interacción genotipo por ambiente, $G \times E$). Un paso esencial para obtener estimaciones confiables sobre el rendimiento es el uso de un diseño experimental que permita separar la variación genotípica (o de tratamientos), de la variación espacial dentro de cada ensayo. Este curso tratará sobre principios de diseño experimental y los ilustrará con diseños comúnmente usados, como diseño en bloques completos al azar, diseños latinizados, diseños alfa y de filas y columnas. También se discutirán temas relacionados con la estimación de heredabilidad y de medias ajustadas. El segundo módulo discutirá modelos para caracterizar la adaptación fenotípica a través de múltiples ambientes, comenzando con modelos de componentes de varianza y continuando con modelos lineales bilineales y modelos de regresión factorial. Finalmente, se discutirá $G \times E$ desde la perspectiva de QTL y los modelos de predicción genómica. El curso consistirá en clases expositivas, seguidas de prácticos de computación para cada uno de los temas. Se invitará a los estudiantes a aplicar los modelos discutidos durante las clases en datos de experimentos desarrollados en la UACH.

Objetivos de aprendizaje

Al completar el curso, los estudiantes serán capaces de:

- Explicar principios generales del análisis de varianza y modelos mixtos
- Describir los principios generales de diseño experimental y aplicarlos a diseños tales como diseño en bloques completos al azar, diseños de bloques incompletos, alfa, diseño de filas y columnas y de parcelas divididas.
- Formular un modelo para separar $G \times E$ en sub-componentes (i.e. interacción genotipo por localidad, genotipo por año, etc.).
- Ajustar modelos de componentes de varianza con REML (usando R) e interpretar los resultados desde la perspectiva de $G \times E$.
- Usar componentes de varianza para evaluar la asignación de recursos en una red de ensayos, en relación con la precisión de las comparaciones entre genotipos.
- Analizar tablas de medias genotípicas a través de ambientes and producir figuras y estadísticas de diagnóstico de $G \times E$ (heterogeneidad de varianza y correlaciones entre ambientes).
- Formular el modelo de Finlay-Wilkinson, usar R para ajustar el modelo e interpretar los resultados.
- Explicar el modelo AMMI, ajustar el modelo en R e interpretar los biplots.
- Explicar el modelo GGE, ajustar el modelo en R e interpretar los biplots.
- Explicar $G \times E$ en relación a la consistencia de QTLs a través de ambientes.

Uso de datos propios en el estudio de caso (opcional)

Participantes están invitados a usar datos propios para usar durante las sesiones prácticas (en caso de proponer el uso de datos propios, estos se deben enviar a daniela.bustoskorts@wur.nl a más tardar el **15 de Julio**). Para una discusión enriquecedora, estos datos idealmente deberían tener la siguiente estructura:

- Al menos 15 genotipos, mejor si pueden ser agrupados (e.g. maduración temprana y tardía, susceptible y resistente a una enfermedad o estrés, etc.).
- Al menos 5 ambientes contrastantes (e.g. diferentes años, localidades o tratamientos de manejo agronómico).
- Coordenadas de cada parcela en ensayos individuales (filas y columnas)
- Información meteorológica (opcional)
- 1 o más SNPs relacionados al carácter de interés, o una covariable que caracterice genotipos; e.g. fecha de floración (opcional).

En caso de no tener datos propios, se proveerán datos de experimentos de maíz, arábido, papa, trigo y/u otros cultivos.

Requisitos de software

- Los ejercicios prácticos van a ser ejecutados en R, por lo que se requiere que haya al menos un computador por cada 2 estudiantes. Estar familiarizado con R es una ventaja, pero no un requisito obligatorio. Para cada ejercicio, los estudiantes recibirán un script que deben utilizar e interpretar las salidas (pero el curso no se focalizará en aspectos de programación).

Programa

	Monday	Tuesday	Wednesday	Thursday	Friday
09.00-10.30	Introducción ANOVA, modelos mixtos	Introducción a genotipo por ambiente	Finlay Wilkinson Regresión factorial	Uso de marcadores moleculares para interpretar G×E (QTL×E, predicción genómica)	Presentación de resultados y discusión
11.00-12.30	Práctico de computación	Práctico de computación	Práctico de computación	Práctico de computación	
12.30-13.30	Almuerzo				
13.30-15.00	Diseño y análisis de experimentos	Modelos mixtos para interacción genotipo x localidad x año x manejo	Modelos para agrupar genotipos y ambientes (AMMI, GGE)	Estudio de caso (análisis de datos)	Por definir
15.30-17.00	Práctico de computación	Práctico de computación	Práctico de computación		