



Universidad Nacional Agraria
LA MOLINA



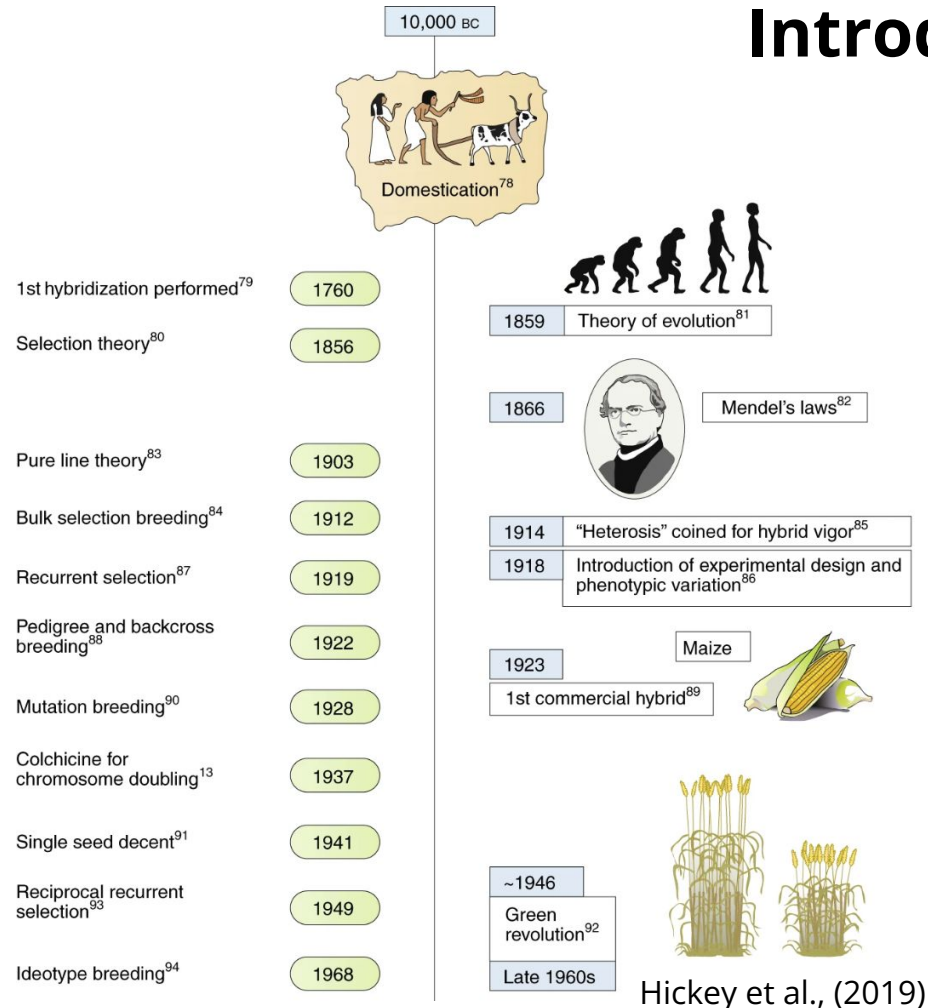
Software para el cálculo de la heredabilidad y parámetros genéticos para la selección de genotipos en fitomejoramiento

Flavio Lozano Isla^{1*}

¹ Departamento de Fitotecnia, Facultad de Agronomía, Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Perú.

* Autor de correspondencia: flozano@lamolina.edu.pe

Introducción



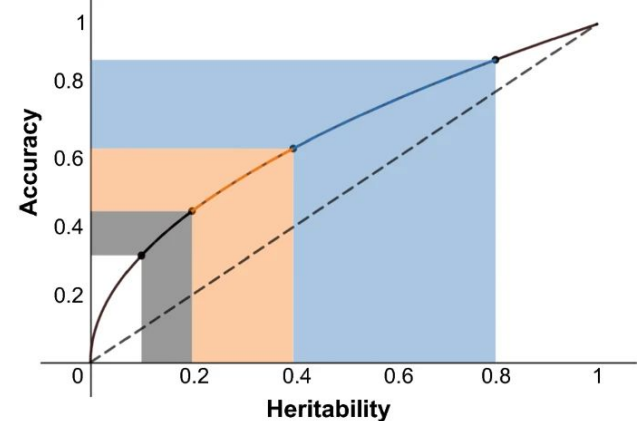
- Población para el 2050: +25%
⇒ 10 billones
- Los rendimientos actuales de los cultivos son insuficientes
- Limitantes en la agricultura
 - Variabilidad climática y climas extremos
⇒ Impacto directo en la agricultura
 - Largo tiempo para mejorar los cultivos
 - Uso de herramientas estadísticas
- Heredabilidad (H^2) ⇒ $H^2 = V_g / V_p$

Objetivos

1. Desarrollo de software para el cálculo de los parámetros genéticos y selección de genotipos
 - Algoritmo para el cálculo de la heredabilidad en sentido amplio (H^2)
 - Uso de modelos lineales mixtos y diagnóstico de modelos
2. Comparación del algoritmo con el software de mayor uso en área
 - H2cal() vs. ASReml-R vs SAS

Ecuación del mejorador $\Delta G = H^2 S$

- ΔG = ganancia genética
- H^2 = heredabilidad en sentido amplio
- S = valor fenotípico medio (SD)



Cobb et al., (2019)

Metodología

Función *H2cal()* en R

- Cálculo de tres tipos de heredabilidad (Schmidt, Hartung, Bennewitz, et al., 2019; Schmidt, Hartung, Rath, et al., 2019)
 - Standard - Cullis - Piepho
- Remoción de outliers para experimentos multiambientales (MET) (Bernal-Vasquez et al., 2016)
 - Bonferroni-Holm using re-scaled MAD for standardizing residuals (BH-MADR)
- Componentes de la variancia y diagnóstico de modelos usando modelos lineales mixtos
 - Cálculos de los BLUEs y BLUPs

inti package

inti: Tools and Statistical Procedures in Plant Science

The '*inti*' package is part of the '*inkaverse*' project for developing different procedures and tools used in plant science and experimental designs. The main aim of the package is to support researchers during the planning of experiments and data collection (`tarpuy()`), data analysis and graphics (`yupana()`), and technical writing. Learn more about the '*inkaverse*' project at <https://inkaverse.com/>.

Version: 0.4.4
Depends: [shiny](#), [ggplot2](#), [dplyr](#), [tidyr](#), [tibble](#), R (≥ 2.10)
Imports: [lme4](#), [agricolae](#), [FactoMineR](#), [emmeans](#), [purrr](#), [stringr](#), [stringi](#), [DT](#)
Suggests: [gsheet](#), [knitr](#), [rmarkdown](#)
Published: 2021-10-01
Author: Flavio Lozano-Isla  [aut, cre]
Maintainer: Flavio Lozano-Isla <flavjack@gmail.com>
BugReports: <https://github.com/flavjack/inti/issues/>
License: [GPL-3](#) | file [LICENSE](#)
URL: <https://inkaverse.com/>, <https://github.com/flavjack/inti>
NeedsCompilation: no
Citation: [inti citation info](#)
Materials: [README](#) [NEWS](#)
CRAN checks: [inti results](#)

Resultados y Discusión

Objetivo 1

- Cálculo de la heredabilidad usando tres diferentes algoritmos en base a modelos lineales mixtos
- Resumen de los parámetros genéticos y diagnóstico del modelo
- Implementación de algoritmo robusto para remoción de outliers en experimentos multiambientales
- Cálculo de los BLUEs y BLUPs para distintos diseños experimentales
- Software de código abierto y gratis disponible en el CRAN

Standart

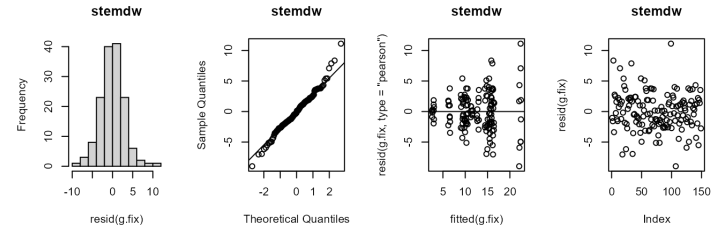
$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2} = \frac{\Delta G}{S}$$

Cullis

$$H^2_{Cullis} = 1 - \frac{\overline{V_{\Delta}}^{BLUE}}{2 \cdot \sigma_g^2}$$

Piepho

$$H^2_{Piepho} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\overline{V_{\Delta}}^{BLUE}}{2}}$$



trait	rep	geno	env	year	mean	std	min	max	V.g	V.e	V.p
stemdw	5	15	1	1	12.59867	4.749994	2.818	22.302	19.96002	9.410932	21.84221

H2.s	H2.p	H2.c
0.913828	0.9502395	0.9533473

	bloque	geno	stemdw	resi	res_MAD	rawp.BHStud	index	adjp	bholm	out_flag
68	IV	G05	80.65	61.39925	18.886677	0.0000000	68	0.0000000000	0.0000000	OUTLIER
100	IV	G06	33.52	12.02340	3.698449	0.0002169	100	0.0002169207	0.0323212	OUTLIER

Resultados y Discusión

Objetivo 2

- Alta correlación entre los resultados con los softwares comparados para el cálculo de los BLUEs
 - DBCA (Kistner 2020)
 - $E = 5, Y = 1, G = 85, R = 2$
 - $\Rightarrow r = 1.00$
- Correlaciones para los BLUPs con análisis multi-etapas
 - Diseño alpha Lattice (Buntaran et al., 2020)
 - $E = 3, Y = 5, G = 30, R = 2$
 - Una fase $\Rightarrow r = 0.98$
 - Dos fases $\Rightarrow r = 0.92$

Package	BLUE's summary				Variance components			HS	HC	HP
	Min	Median	Mean	Max	VG	VGxE	Ve			
H2cal	0.968	2.289	2.353	5.050	0.5649	0.1510	0.3056	0.903	0.883	0.888
ASReml	0.968	2.289	2.353	5.050	0.5649	0.1510	0.3056	0.903	0.889	0.888
SAS	0.968	2.288	2.353	5.050	0.5648	0.1510	0.3056	0.903	ND	ND

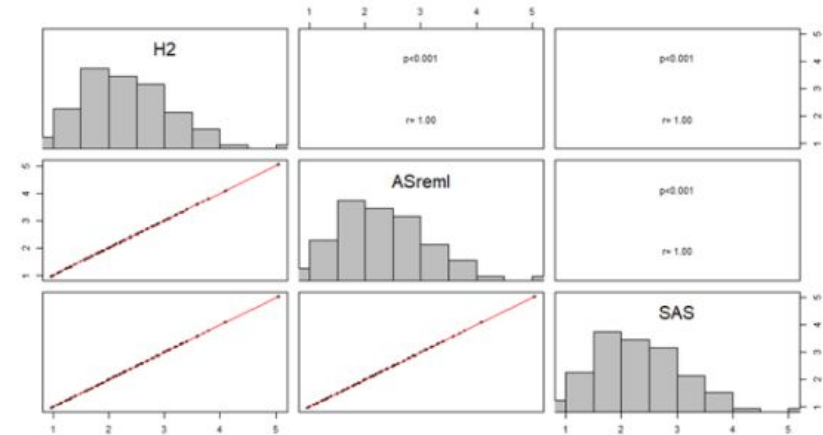


Fig 1. Comparación de las heredabilidades en un experimento de resistencia a enfermedades en el cultivo de maíz (Kistner 2020)

- H2cal() permite remoción y diagnóstico de los modelos

Conclusiones

- **Objetivo 1:** Presentación de un software de acceso libre y gratuito para el cálculo de los parámetros genéticos, diagnóstico de modelos y remoción de outliers para su aplicación en programas de fitomejoramiento
- **Objetivo 2:** El uso de la la función *H2Cal()* permite el cálculo de los BLUEs y BLUPs con similar precisión de otros paquetes estadísticos usando modelos lineales mixtos

```
met <- blues.h2cal %>%
  mutate(across(!yield, as.factor)) %>%
  H2cal(trait = "yield"
        , gen.name = "cultivar"
        , rep.n = 4
        , loc.n = 18
        , loc.name = "location"
        , ran.model = "1 + zone + (1|zone:location) + (1|zone:cultivar) + (1|cultivar)"
        , fix.model = "0 + zone + (1|zone:location) + (1|zone:cultivar) + cultivar"
        # , plot_diag = T
        , emmeans = T
        # , weights = blues.h2cal$smith.w
        )
```

```
blups.h2cal <- met$blups
```

cultivar	zone	location	yield_lsm	smith.w.x	units	yield
22455	middle	07bm27	1053.8867	0.0005	1	1053.8866
22455	middle	07bm28	676.7814	0.0075	31	676.7815
22455	middle	07bm29	392.8929	0.0009	61	392.8929
22455	middle	07bm32	996.9302	0.0025	91	996.9302
22455	middle	07bm36	594.2476	0.0034	121	594.2478
22455	middle	07bm37	507.974	0.0014	151	507.974
22455	middle	07bm39	1139.6655	0.0022	181	1139.6655
22455	north	07bm25	579.7078	0.002	211	579.7078

Referencias

Bernal-Vasquez, A.-M., Utz, H.-F., & Piepho, H.-P. (2016). Outlier detection methods for generalized lattices: A case study on the transition from ANOVA to REML. *Theoretical and Applied Genetics*, 129(4), 787–804.

<https://doi.org/10.1007/s00122-016-2666-6>

Buntaran, H., Piepho, H., Schmidt, P., Rydén, J., Halling, M., & Forkman, J. (2020). Cross-validation of stagewise mixed-model analysis of Swedish variety trials with winter wheat and spring barley. *Crop Science*, 60(5), 2221–2240. <https://doi.org/10.1002/csc2.20177>

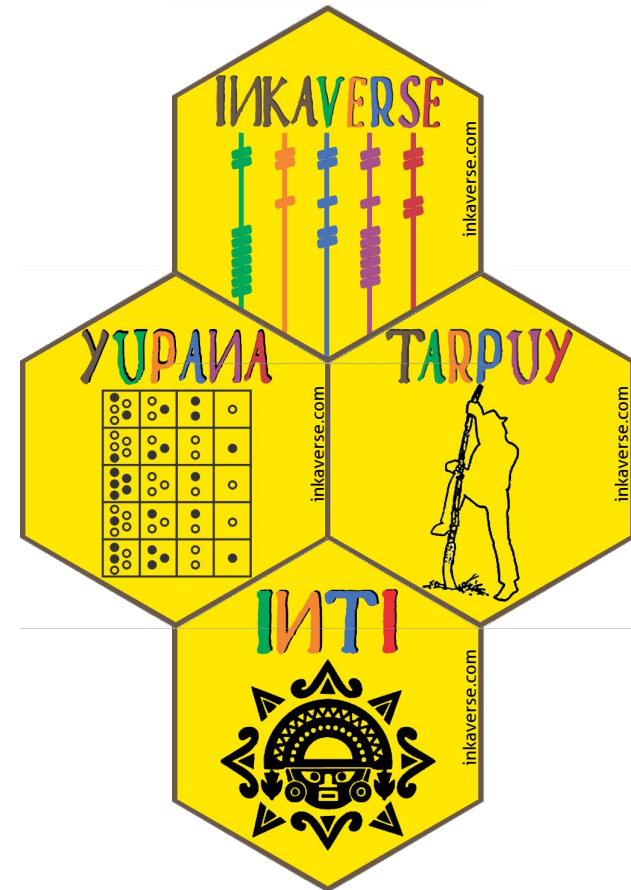
Schmidt, P., Hartung, J., Bennewitz, J., & Piepho, H.-P. (2019). Heritability in Plant Breeding on a Genotype-Difference Basis. *Genetics*, 212(4), 991–1008. <https://doi.org/10.1534/genetics.119.302134>

Schmidt, P., Hartung, J., Rath, J., & Piepho, H.-P. (2019). Estimating Broad-Sense Heritability with Unbalanced Data from Agricultural Cultivar Trials. *Crop Science*, 59(2), 525–536.

<https://doi.org/10.2135/cropsci2018.06.0376>

Hickey, L. T., N. Hafeez, A., Robinson, H., Jackson, S. A., Leal-Bertioli, S. C. M., Tester, M., Gao, C., Godwin, I. D., Hayes, B. J., & Wulff, B. B. H. (2019). Breeding crops to feed 10 billion. *Nature Biotechnology*, 37(7), 744–754.

<https://doi.org/10.1038/s41587-019-0152-9>





Universidad Nacional Agraria
LA MOLINA



¡Gracias!