

# Utilización de R en la caracterización genética de líneas de trigo para desarrollar cultivares con alta adaptabilidad al ambiente

*Ana McAlister, Fernando Pereira, Noelia Pérez, Richard García, Monika Kavanová, Paula Silva*

**Palabras clave:** trigo, fenología, genética, adaptabilidad

## Abstract

El trigo (*Triticum aestivum*) es el cultivo que se ubica en primer lugar en cuanto a superficie cosechada a nivel mundial, ocupando unos 220 millones de hectáreas en el año 2021, seguido del maíz, el arroz, la soja y la cebada (FAO STAT, 2021). La importancia del trigo tanto a nivel mundial como a nivel del Uruguay radica en su relevancia para la nutrición humana. Además de sus características nutricionales, presenta como gran ventaja el amplio rango de ambientes (climas y suelos) en los que puede ser cultivado. La adaptabilidad del trigo a diferentes ambientes está determinada por diferencias en fenología y en morfología de los cultivares (Hyles et al., 2020). La variabilidad genética que existe entre cultivares en fenología, sobre todo en la fecha de floración, permite elegir una combinación cultivar x fecha de siembra óptima para ubicar el periodo crítico de formación del rendimiento en el período más favorable para condiciones ambientales locales. En el futuro, el desafío para los mejoradores será incrementar el progreso genético en el rendimiento potencial para poder cubrir la demanda creciente de trigo debida al incremento de la población global. En este escenario, entender las bases genéticas de la adaptabilidad será crucial para desarrollar variedades específicamente adaptadas a diferentes ambientes, asegurando el máximo rendimiento (Fraschina et al., 2014; Foulkes et al., 2011).

En este trabajo se presenta el uso de R Studio en la caracterización genética de variables fenológicas en el germoplasma del programa de mejoramiento genético de trigo de INIA con el objetivo de desarrollar cultivares con alta adaptabilidad al ambiente. Se realizó una caracterización de los materiales genéticos utilizados (20 genotipos) en cuanto a sus genes de vernalización y fotoperiodo, para luego relacionar estos datos con las variables fenotípicas analizadas: días a 1 nudo, días a espigazón, madurez fisiológica y rendimiento, evaluadas en siete fechas de siembra.

# UTILIZACIÓN DE R EN LA CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LÍNEAS DE TRIGO DE INIA PARA DESARROLLAR CULTIVARES CON ALTA ADAPTABILIDAD AL AMBIENTE

---

Mediante la utilización del software R, se realizó la aleatorización de los tratamientos en el campo, estableciendo el modelo estadístico de análisis adecuado a la situación, utilizando el paquete *FielDHub* (Murillo et al., 2021). Posteriormente a la realización del ensayo y la recolección de los datos fenotípicos, el software permite analizar y manejar grandes conjuntos de datos de manera eficiente, utilizando paquetes como *dplyr* (Wickham et al. 2021) y *tidyr* (Wickham et al. 2020). A partir de la base de datos generada se utilizan modelos mixtos para obtener medias ajustadas y análisis de varianza con los paquetes *lme4* (Bates et al., 2009) y *emmeans* (Lenth, 2020). Luego se realizan pruebas de hipótesis, métodos de comparación de medias y contrastes, utilizando paquetes como *multcomp* (Hothorn et al. 2021) o *emmeans* (Lenth, 2020). Por último, la visualización de datos y resultados se realiza creando gráficos con *ggplot2* (Wickham et al. 2016), *Plotly* (Sievert, 2020), *wesanderson* y *RcolorBrewer* (Neuwirth, 2014), lo que facilita la interpretación y comunicación de resultados.

## Referencias

- Bates, D.; Maechler, M.; Bolker, B.; Walker, S.; Christensen, R. H. B.; Singmann, H.; Dai, B.; Scheipl, F.; Grothendieck, G. (2009). Package ‘lme4’. URL <http://lme4.r-forge.r-project.org>.
- Hothorn, T.; Bretz, F.; Westfall, P. (2021). Simultaneous Inference in General Parametric Models. R package version 1.4-17. URL <https://CRAN.R-project.org/package=multcomp>
- Hyles, J.; Bloomfield, M.T.; Hunt, R.J.; Trethowan, R.M.; Trevaskis, B. 2020. Phenology and related traits for wheat adaptation. The genetics society. 125: 417-430. Disponible en <https://doi.org/10.1038/s41437-020-0320-1>
- Lenth, R. V. (2020). emmeans: Estimated Marginal Means, aka Least-Squares Means. R package version 1.5.2. URL <https://CRAN.R-project.org/package=emmeans>
- Fraschina, J.; Gomez, D.; Helguera, M.; Lombardo, L.; Miralles, D.J.; Vanzetti, L. 2014. Effect of Vrn-1, Ppd-1 genes and earliness per se on heading time in Argentinean bread wheat cultivars. 2014 (en línea). Field Crops Research. 158 (2014) 73-81. Disponible en <http://dx.doi.org/10.1016/j.fcr.2013.12.023>
- Foulkes, M.J.; Slafer, G.A.; Davies, W.J.; Berry, P.M.; Sylvester-Bradley, R.; Martre, P.; Calderini, D.F.; Griffiths, S.; Reynolds, M.P. 2011. Raising yield potential of wheat. III. Optimizing partitioning to grain while maintaining lodging

# UTILIZACIÓN DE R EN LA CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LÍNEAS DE TRIGO DE INIA PARA DESARROLLAR CULTIVARES CON ALTA ADAPTABILIDAD AL AMBIENTE

---

resistance. (en línea). Journal of Experimental Botany. 62 (2) 469–486. Disponible en <https://doi.org/10.1093/jxb/erq300>

- Neuwirth, E. (2014). RColorBrewer: ColorBrewer palettes. R package version 1.1-2. URL <https://CRAN.R-project.org/package=RColorBrewer>
- Murillo, D.A.; Gezan, S.A.; Heilman, A.M.; Walk, T.C.; Aparicio, J.S.; Horsley, R.D. (2021) FieldHUB: A shiny app for design of experiments in life sciences. The Journal of Open Source Software. 6(61), 3122. Disponible en <https://doi.org/10.21105/joss.03122>
- Sievert, C. (2020). Plotly for R. URL <https://plotly.com/r/>
- Wickham, H. (2016). ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Springer-Verlag New York. URL <https://ggplot2.tidyverse.org>
- Wickham, H., Henry, L. (2020). tidyr: Tidy Messy Data. R package version 1.1.3. URL <https://CRAN.R-project.org/package=tidyr>
- Wickham, H.; François, R., Henry, L.; & Müller, K. (2021). dplyr: A Grammar of Data Manipulation. R package version 1.0.7. URL <https://CRAN.R-project.org/package=dplyr>