



MGIDI: Una metodología estadística eficiente para análisis multivariado de datos agronómicos

MGIDI: An efficient statistical methodology for multivariate analysis of agronomic data

Santos Mamani Franklin* 

Datos del Artículo

Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal.
Dirección Nacional de Innovación.
Zona San Pedro.
Calle Cañada Strongest, esquina Otero de la Vega N° 1573.
La Paz, Estado Plurinacional de Bolivia.

* Dirección de contacto:

Franklin Santos Mamani

Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal.
Dirección Nacional de Innovación.
Zona San Pedro.
Calle Cañada Strongest, esquina Otero de la Vega N° 1573.
La Paz, Estado Plurinacional de Bolivia.
Tel: +591-2 2124404,
Móvil: +591 74047051.

E-mail: franklin.santos@inaf.gob.bo

Palabras clave:

Índice MGIDI,
selección de genotipos,
componentes principales,
análisis de varianza,
herramienta estadística.

J Selva Andina Biosph.
2023; 11(1):112-114.

Historial del artículo

Recibido: marzo, 2023.
Devuelto: marzo 2023
Aceptado: abril 2023.
Disponible en línea, mayo 2023.

ID del artículo: [134/JSAB/2023](https://doi.org/10.24068/134/JSAB/2023)

Editado por:
Selva Andina
Research Society

Keywords:

MGIDI index,
genotype selection,
principal components,
analysis of variance,
statistical tool.

Sr. Editor.

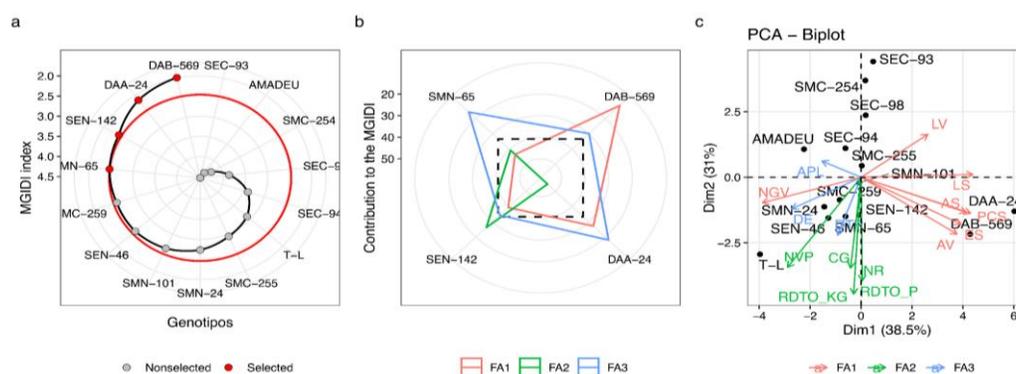
El análisis estadístico de múltiples variables agronómicas es esencial para obtener una comprensión completa y precisa de los rasgos estudiados. Al considerar de manera integrada las diferentes variables, podemos tomar decisiones fundamentadas y efectivas en el ámbito agrícola, maximizando los resultados y el potencial de mejora genética en las plantas. Sin embargo, en los trabajos de investigación se suele limitar el análisis a una sola variable, utilizando métodos univariados simples, como el análisis de varianza y las pruebas de promedio para comparar las medias de cada tratamiento. Esto implica una pérdida de información valiosa y no permite apreciar las interdependencias entre las variables y tratamientos. Por el contrario, el análisis multivariado permite explorar de manera exhaustiva la variabilidad fenotípica y las relaciones entre las variables de estudio¹. Por tanto, analizar un conjunto de múltiples variables, facilita la interpretación, toma de decisiones y una mejor comprensión de los factores que influyen en los resultados de un trabajo de investigación.

MGIDI (Multitrait Genotype-Ideotype Distance Index) un método estadístico relativamente nuevo que se utiliza para evaluar la distancia entre un genotipo y un ideotipo. Se define un ideotipo como una planta hipotética que presenta la combinación ideal de características fenotípicas para un ambiente o uso específico en un programa de mejoramiento genético de plantas. Esta metodología estadística se puede aplicar para identificar o seleccionar genotipos que se acerquen al ideotipo y que tengan características potenciales que puedan ser aprovechadas a través de un proceso de mejoramiento de plantas²⁻⁵. En general, el MGIDI es una herramienta útil para la selección de genotipos ideales dentro de un programa de fitomejoramiento. Además, es un método relativamente fácil de analizar e interpretar⁶, y se puede obtener resultados con el apoyo del paquete estadístico METAN⁷, la cual fue desarrollado en la plataforma de software libre R⁸.

Los genotipos seleccionados se representan mediante puntos de color rojo en la Figura 1a, mientras que el círculo de color rojo representa el punto de corte determinado por la presión de selección (~25 %). Sin embargo, este último dato puede ser determinada según el criterio y propósito de cada investigador. Los puntos fuertes y débiles se observan como

la proporción de cada factor en el índice MGIDI (Figura 1b). Esto implica que cuanto menor sea la proporción explicada por un factor (más cercano al borde externo), más cerca estarán los rasgos de ese factor del tratamiento "ideal". El círculo discontinuo de color negro en el centro muestra el valor teórico que se obtendría si todos los factores hubiesen contribuido de manera uniforme. Finalmente, la Figura 1c complementa esta metodología al visualizar la relación entre los genotipos, las variables de respuesta, la distribución de grupos y la contribución de cada característica fenotípica.

Figura 1 Selección de genotipos en orden ascendente basada en el índice MGIDI (a), puntos fuertes y débiles de los genotipos (b), y biplot de análisis de componentes principales de los caracteres estudiados (c).



En el análisis multivariado de datos agronómicos, el uso de metodologías estadísticas eficientes, como el índice MGIDI, proporciona una comprensión más profunda de las relaciones entre variables y tratamientos, lo que permite una selección más precisa de genotipos ideales. En consecuencia, al aprovechar las características potenciales de los genotipos seleccionados, esta metodología estadística conduce a avances significativos en la investigación agronómica y específicamente en el mejoramiento genético de plantas, lo que permite tomar decisiones informadas sobre la selección y el desarrollo de nuevas variedades de plantas con características mejoradas.

2023. *Journal of the Selva Andina Biosphere*®. Bolivia. Todos los derechos reservados.

Conflictos de intereses

El autor declara no tener ningún conflicto de intereses.

Consideraciones éticas

Declaro no mantener ningún conflicto ético con el contenido del presente documento.

Agradecimientos

El autor agradece al Dr. Manuel Loza-Murguía, Director-Editor en Jefe de *Journal of the Selva Andina Biosphere*, por la invitación a publicar esta Carta Científica. Asimismo, al Ing. Juan Casas del Proyecto Frijol del INIAF por proporcionar la base de datos para la Figura 1.

Literatura citada

1. Olivoto T, Diel MI, Schmidt D, Lúcio AD. MGIDI: a powerful tool to analyze plant multivariate data. *Plant Methods* 2022;18(1):121. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13007-022-00952-5>
2. Al-Ashkar I, Sallam M, Almutairi KF, Shady M, Ibrahim A, Alghamdi SS. Detection of high-performance wheat genotypes and genetic stability to determine complex interplay between genotypes and environments. *Agronomy* 2023;13(2):585. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy13020585>
3. Adewumi AS, Asare PA, Adejumbi II, Adu MO, Taah KJ, Adewale S, et al. Multi-Trait selection index for superior agronomic and tuber quality traits in bush yam (*Dioscorea praehensilis* Benth.). *Agronomy* 2023;13(3):682. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy13030682>
4. Singamsetti A, Zaidi PH, Seetharam K, Vinayan MT, Olivoto T, Mahato A, et al. Genetic gains in tropical maize hybrids across moisture regimes with multi-trait-based index selection. *Front Plant Sci* 2023;14:1147424. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1147424>
5. Pour-Aboughadareh A, Poczai P. Dataset on the use of MGIDI index in screening drought-tolerant wild wheat accessions at the early growth stage. *Data Brief* 2021;36:107096. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.dib.2021.107096>
6. Olivoto T, Nardino M. MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*. 2021;37(10):1383-9. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa981>
7. metan: Multi Environment Trials Analysis [Internet]. [place unknown]: Multi Environment Trials Analysis; 2023 [cited April 5, 2023]. Retrieved from: <https://cran.r-project.org/web/packages/metan/index.html>
8. R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing [Internet]. R Foundation for Statistical Computing.2021 [cited 3 May 2023]. Retrieved from: <https://www.r-project.org/>

Nota del Editor:

Journal of the Selva Andina Biophere (JSAB) se mantiene neutral con respecto a los reclamos jurisdiccionales publicados en mapas y afiliaciones institucionales.