

PREDICCIÓN FENÓMICA DE RENDIMIENTO Y HUMEDAD A COSECHA EN HÍBRIDOS DE MAÍZ MEDIANTE TELEDETECCIÓN ORIENTADA AL MEJORAMIENTO GENÉTICO: RESULTADOS PRELIMINARES BASADOS EN ESPECTROSCOPIA NIR DE GRANO

Pugni G^{1,2}; Meier MS²; Eyherabide G¹; Di Leo NC³; Galaretto AO²

¹ Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Doctorado en Mejoramiento Genético, Pergamino, Buenos Aires, Argentina. gpugni@comunidad.unnoba.edu.ar; guillermo.eyherabide@gmail.com

² Asociación de Cooperativas Argentinas (ACA), Criadero de Semillas, Pergamino, Buenos Aires, Argentina. mmeier@acacoop.com.ar; agalaretto@acacoop.com.ar

³ Universidad Nacional de Rosario, Facultad de Ciencias Agrarias, Zavalla, Santa Fe, Argentina. ndileo@unr.edu.ar

PHENOMIC PREDICTION OF GRAIN YIELD AND HARVEST MOISTURE IN MAIZE HYBRIDS USING REMOTE SENSING FOR PLANT BREEDING: PRELIMINARY RESULTS BASED ON GRAIN NIR SPECTROSCOPY

Phenomic prediction has emerged as a promising approach to accelerate selection in plant breeding programs. Among the available phenomic data sources, near-infrared spectroscopy (NIRS) provides information related to grain composition and structure, offering opportunities to predict agronomic traits of interest. The objective of this study was to evaluate the predictive ability of phenomic models for grain yield and harvest moisture in maize hybrids. A total of 300 genotypes were evaluated, and NIR spectra were collected from grain samples. A phenomic kinship matrix was generated from spectral data and used to perform phenomic prediction. Preliminary results showed that spectral information enabled prediction of agronomic traits with different levels of accuracy. Thousand-kernel weight showed the highest predictive ability (PA = 0.40), followed by grain yield (PA = 0.27) and harvest moisture (PA = 0.22). Days to silking showed the lowest predictive ability (PA = 0.16). These findings support the potential of NIRS-based phenomic prediction as a complementary tool for maize breeding programs. Future stages of this research will incorporate remote sensing data to assess possible improvements in model performance.

Palabras clave: Predicción fenómica, Mejoramiento genético, Espectroscopía de infrarrojo cercano, Maíz.

Keywords: Phenomic prediction, Plant breeding, Near-infrared spectroscopy, Maize.

Introducción

La evaluación fenotípica constituye uno de los principales desafíos en los programas de mejoramiento genético de maíz. Mientras que los avances en secuenciación y genotipado permitieron acelerar la obtención de información genómica, el fenotipado convencional continúa requiriendo importantes recursos, superficie y esfuerzo logístico (Araus y Cairns, 2014; Furbank y Tester, 2011). Esta limitación resulta especialmente relevante para caracteres complejos como el rendimiento y la humedad a cosecha, cuya expresión depende de la interacción entre múltiples genes y el ambiente a lo largo del ciclo del cultivo (Khatun *et al.*, 2022).



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

En los últimos años, el desarrollo de tecnologías de fenotipado de alto rendimiento impulsó la generación masiva de información fenómica, ampliando las posibilidades para el desarrollo de modelos predictivos (Mir *et al.*, 2019; Gill *et al.*, 2022). Basada en los principios de la selección genómica, la predicción fenómica utiliza información obtenida mediante sensores remotos para estimar el desempeño agronómico de los genotipos, permitiendo acelerar los procesos de selección y dar un salto de escala en la evaluación (Zhu *et al.*, 2021; Adak *et al.*, 2024).

Entre las distintas fuentes de información fenómica disponibles, la espectroscopía en el infrarrojo cercano (NIRS) ha demostrado un gran potencial debido a su rapidez, bajo costo operativo y carácter no destructivo. Los espectros obtenidos sobre granos contienen información asociada a su composición química y estructural, permitiendo caracterizar diferencias entre genotipos e identificar relaciones con caracteres agronómicos de interés.

Estudios recientes mostraron que la predicción fenómica basada en espectros NIR puede alcanzar habilidades predictivas comparables a las obtenidas mediante información genómica para diversos rasgos en maíz (Rincen *et al.*, 2018; Adak *et al.*, 2023; DeSalvio *et al.*, 2024). La predicción fenómica puede abordarse mediante distintos enfoques, como el uso directo de espectros, funciones espectrales a través del tiempo o matrices de parentesco fenómico. Entre ellos, las matrices de parentesco fenómico constituyen una metodología eficiente para capturar similitudes entre genotipos y mejorar la capacidad predictiva de los modelos. (Rincen *et al.*, 2025).

En este contexto, el objetivo de la presente investigación fue evaluar la habilidad predictiva de modelos fenómicos basados en información espectral de grano para estimar el rendimiento y la humedad a cosecha, peso de granos y días a emisión de estigmas.

Materiales y Métodos

El estudio fue desarrollado en el campo experimental de la Asociación de Cooperativas Argentinas (ACA), ubicado en Pergamino, provincia de Buenos Aires. La población evaluada fue compuesta por 300 híbridos de maíz, incluyendo 295 híbridos experimentales pertenecientes al programa de mejoramiento genético de ACA y cinco híbridos comerciales utilizados como testigos. Los ensayos fueron implantados bajo un diseño de bloques completos al azar con dos repeticiones.

La siembra se realizó el 27 de septiembre del año 2025, con una sembradora neumática experimental de 4 surcos. La cosecha fue realizada con una cosechadora experimental Vassalli 900, equipada con un sistema Harvest Master Allegro (Juniper Systems), que registró el rendimiento (REN) y la humedad de los granos (HUM) en cada unidad experimental. Adicionalmente fueron registrados los días a emisión de estigmas (FFd), al momento en que esa condición se cumplía en el 50% de las plantas de cada unidad experimental.

Se recolectaron muestras de grano que se usaron para estimar peso de grano (PMS) y para obtener el espectro mediante espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS). Los espectros se obtuvieron usando un equipo FOSS XDS MasterLab Rapid Content Analyzer (Foss Analytical) registrando un valor para cada longitud de onda en el rango de 400 a 2500 nm.

Los datos de FFd, REN, HUM, PMS y cada longitud de onda NIRS se analizaron mediante un modelo mixto incluyendo un efecto bloque (fijo) y genotipo (aleatorio) usando el paquete lme4 (Bates *et al.*, 2015) en R (R Core Team). Para cada variable se estimaron las heredabilidades (h^2) y se obtuvieron los *Best Linear Unbiased Predictors* (BLUPs) para cada genotipo.

Se construyó una matriz fenómica de parentesco usando los BLUPs de cada longitud de onda, siguiendo Robert *et al.* (2022). Los BLUPs del espectro NIRS fueron normalizados y procesados usando el filtro Savitzky-Golay (Savitzky y Golay, 1964) con una ventana de 37 longitudes de onda, una derivada de primer orden y una función polinomial de segundo orden. Finalmente, la matriz de parentesco se obtuvo del producto cruzado de los espectros procesados.

La capacidad predictiva de para cada variable se evaluó usando un esquema de validación cruzada (*five-fold cross validation*), donde el 80% de los datos se usaron para entrenar el modelo (set de entrenamiento) y predecir el 20% restante (set de predicción) (Burgueño *et al.*, 2012). Los modelos se ajustaron usando el paquete *sommer* (Covarrubias-Pazaran, 2016). El desempeño predictivo (*predictive ability* – PA) se estimó como la correlación entre valores observados y predichos para cada carácter analizado. Este proceso se repitió 100 veces para evaluar el efecto de la composición del set de entrenamiento.

Resultados y discusión

El rendimiento promedio (REN) de la fecha temprana fue 5796,6 kg/ha con máximo de 7230,7 kg/ha y mínimo de 4541,2 kg/ha. La humedad a cosecha (HUM) varió entre 14,9% y 15,5%, mientras que la fecha de emisión de estigmas (FFd) varió entre 75 y 84 días después de la siembra (dds). El peso de mil granos promedio (PMS) fue 284,6 g. con un máximo de 317,6 g. y un mínimo de 249,5 g. (Tabla 1). La variable de mayor heredabilidad fue FFd (0,91), seguida de PMS (0,48) y REN (0,32), mientras que la variable de menor heredabilidad fue HUM (0,22) (Tabla 1).

Tabla 1: Tabla resumen donde se muestran los valores promedios, mínimos, máximos y heredabilidad (h^2) obtenidos para las variables en estudio. Rendimiento expresado en kilogramos por hectárea (kg/ha), humedad expresada en porcentaje (%), fecha de emisión de estigmas (FFd) expresada en días después de la siembra (dds) y peso de mil granos (PMS) expresado en gramos (g).

Variable	Media	Min	Max	h^2
FFd (dds)	80,6	75	84	0,91
HUM (%)	15,18	14,92	15,48	0,22
PMS (g)	284,6	249,5	317,6	0,48
REN (kg/ha)	5796,6	4541,2	7230,7	0,32

Los resultados de todas las repeticiones de predicción fenómica se muestran en la Figura 1. El PMS fue la variable con mejor predicción promedio (PA = 0,4), mientras que FFd fue la variable peor predicha (0,16). El valor de predicción promedio para REN fue de 0,27 mientras que para HUM fue 0,22. La composición del set de entrenamiento tuvo



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

mayor influencia en HUM (desvío estándar = 0,03), mientras que la influencia fue menor en PMS y REN (desvío estándar = 0,01 en ambos).

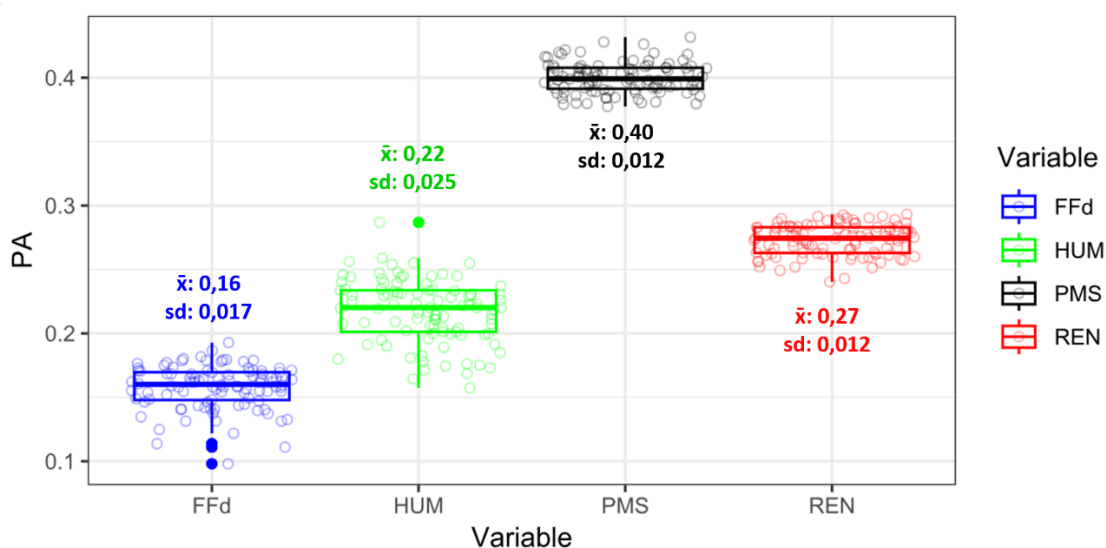


Figura 1: Box plot resultado de las repeticiones de predicción fenómica. Se muestra la habilidad predictiva media ($\bar{x}$) del modelo y su desvío estándar (sd) para cada una de las variables en estudio. Cada punto representa una repetición de validación cruzada.

Los resultados obtenidos hasta el momento muestran que el modelo de predicción fenómica tuvo la capacidad de predecir el comportamiento de ciertas variables agronómicas de interés cuando fue construido a partir de información espectral de granos.

En este sentido, un estudio publicado en 2018 por Rincent *et al.*, obtuvieron una PA aproximada de 0,4 para predecir rendimiento de grano en trigo dentro de un ambiente de evaluación. Este resultado fue similar a lo que obtuvieron mediante predicción genómica, y muestra que es posible predecir esta variable con una precisión similar a la obtenida con marcadores moleculares.

Siguiendo esta línea, De Salvio *et al.* (2024) alcanzaron valores de PA de 0,95 para rendimiento y 0,78 para peso de granos, en el mismo esquema de validación. Cuando el modelo predictivo se integró con información genómica, los valores de PA ascendieron a 0,98 y 0,99 respectivamente. Este trabajo destacó que, aunque la genómica fue superior en ciertos escenarios, la tecnología NIRS ofrece una herramienta de alta capacidad de procesamiento, valiosa para que los programas de mejoramiento identifiquen genotipos superiores de forma rápida y eficiente.

En 2025, Rincent *et al.* consiguieron predecir el valor genético de híbridos de maíz analizando los espectros de sus líneas parentales, sin realizar genotipado ni producir físicamente todas las cruas. Lograron mejorar la PA de los modelos cuando integraron información espectral de grano con hojas y silaje de planta entera para predecir floración, altura de planta y materia seca.

Conclusiones y próximos pasos

Si bien las habilidades predictivas observadas fueron moderadas, especialmente para rendimiento y humedad a cosecha, estos resultados respaldan el potencial de la

espectroscopía NIR como herramienta complementaria para aportar información útil en etapas tempranas del proceso de selección.

En futuras etapas de la presente investigación, se construirán modelos predictivos a partir de índices de vegetación que serán extraídos de imágenes multispectrales. Estas imágenes serán obtenidas con un dron DJI Mavic 3M, en vuelos realizados desde V4 hasta R3 con una frecuencia aproximada de diez días. Se evaluará la PA en cada etapa del desarrollo del cultivo y su comportamiento al integrarse en modelos con información espectral de granos.

La investigación contará con un total de seis ambientes de evaluación, y se buscará estudiar la PA de los modelos dentro y entre ambientes.

Apoyo financiero

Esta investigación es financiada por la Asociación de Cooperativas Argentinas en el marco de su programa de mejoramiento genético de maíz.

Referencias bibliográficas

- Adak, A.; DeSalvio, A. J.; Arik, M. A.; Murray, S. C. (2024). Field-based high-throughput phenotyping enhances phenomic and genomic predictions for grain yield and plant height across years in maize. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 14(7). <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkae092>
- Adak, A.; Kang, M.; Anderson, S. L.; Murray, S. C.; Jarquin, D.; Wong, R. K. W.; Katzfuß, M. (2023). Phenomic data-driven biological prediction of maize through field-based high-throughput phenotyping integration with genomic data. *Journal of Experimental Botany*, 74(17), 5307–5326. <https://doi.org/10.1093/jxb/erad216>
- Araus, J. L.; Cairns, J. E. (2014). Field high-throughput phenotyping: The new crop breeding frontier. In *Trends in Plant Science* (Vol. 19, Issue 1, pp. 52–61). <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2013.09.008>
- Bates, D.; Maechler, M.; Bolker, B.; Walker, S. (2015). Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. *Journal of Statistical Software*, 67(1), 1-48. doi:10.18637/jss.v067.i01.
- Burgueño, J.; de los Campos, G.; Weigel, K.; Crossa, J. (2012). Genomic prediction of breeding values when modeling genotype × environment interaction using pedigree and dense molecular markers. *Crop Science*, 52(2), 707–719. <https://doi.org/10.2135/cropsci2011.06.0299>
- DeSalvio, A. J.; Adak, A.; Murray, S. C.; Jarquín, D.; Winans, N. D.; Crozier, D.; Rooney, W. L. (2024). Near-infrared reflectance spectroscopy phenomic prediction can perform similarly to genomic prediction of maize agronomic traits across environments. *Plant Genome*, 17(2). <https://doi.org/10.1002/tpg2.20454>
- Furbank, R. T.; Tester, M. (2011). Phenomics - technologies to relieve the phenotyping bottleneck. In *Trends in Plant Science* (Vol. 16, Issue 12, pp. 635–644). <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2011.09.005>
- Gill, T.; Gill, S. K.; Saini, D. K.; Chopra, Y.; de Koff, J. P.; Sandhu, K. S. (2022). A Comprehensive Review of High Throughput Phenotyping and Machine Learning for Plant Stress Phenotyping. In *Phenomics* (Vol. 2, Issue 3, pp. 156–183). Springer. <https://doi.org/10.1007/s43657-022-00048-z>
- Covarrubias-Pazarán, G. (2016). Genome-assisted prediction of quantitative traits using the R package *sommer*. *PLoS ONE*, 11(6), 1-15. e0156744. doi.org
- Khatun, M.; Monir, M. M.; Lou, X.; Zhu, J.; Xu, H. (2022). Genome-wide association studies revealed complex genetic architecture and breeding perspective of maize ear traits. *BMC Plant Biology*, 22(1). <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03913-1>
- Mir, R. R.; Reynolds, M.; Pinto, F.; Khan, M. A.; Bhat, M. A. (2019). High-throughput phenotyping for crop improvement in the genomics era. In *Plant Science* (Vol. 282, pp. 60–72). Elsevier Ireland Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.01.007>
- Rincint, R.; Charpentier, J.P.; Faivre-Rampant, P.; Paux, E.; Le Gouis, J.; Bastien, C.; Segura, V. (2018) Phenomic selection is a low-cost and high-throughput method based on indirect predictions: proof of concept on wheat and poplar. *G3 Genes Genomes Genetics*. 8(12), 3961–3972. <https://doi.org/10.1534/g3.118.200760>.



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

- Rincent, R.; Solin, J.; Lorenzi, A.; Nunes, L.; Griveau, Y.; Pirus, L.; Kermarrec, D.; Bauland, C.; Reymond, M.; Moreau, L. (2025). Using phenomic selection to predict hybrid values with NIR spectra measured on the parental lines: proof of concept on maize. *Theoretical and Applied Genetics*, 138(1). <https://doi.org/10.1007/s00122024-04809-4>
- R Core Team (2025). R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <<https://www.R-project.org/>>.
- Robert P.; Brault C.; Rincent R.; Segura V.; (2022). In: Ahmadi Nourollah (ed.), Bartholomé Jérôme (ed.). *Genomic prediction of complex traits: methods and protocols*. New York: Humana Press; Springer, p. 397-420. (*Methods in Molecular Biology*, 2467). DOI: 10.1007/978-1-0716-2205-6_14
- Savitzky, A.; Golay, M. J. E. (1964). Smoothing and Differentiation of Data by Simplified Least Squares Procedures. *Analytical Chemistry*, 36(8), 1627–1639.
- Zhu, X.; Leiser, W. L.; Hahn, V.; Würschum, T. (2021). Phenomic selection is competitive with genomic selection for breeding of complex traits. *Plant Phenome Journal*, 4(1). <https://doi.org/10.1002/ppj2.20027>