

## Heredabilidad de la sobrevivencia en 169 familias de maíz-roseta de granos blancos: Un enfoque Bayesiano

Marcos de Araújo Rodovalho<sup>1</sup>, Freddy Mora<sup>1</sup>, Elisangela Mendes dos Santos<sup>1</sup>, Carlos Alberto Scapim<sup>1</sup> y Emmanuel Arnhold<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias. Universidade Estadual de Maringá.  
Avenida Colombo, 5790, Bloco 5-PGM, Maringá-PR, Brasil.

<sup>2</sup> Centro de Ciências Agrárias e Ambientais (CCAA). Universidade Federal do Maranhão, BR 222, km 04, S/N, Boa Vista. CEP 65.500-000, Caixa Postal 09, Chapadinha-MA, Brasil.

### Abstract

**M.A. Rodovalho, F. Mora, E.M. Santos, C.A. Scapim, and E. Arnhold. 2008. Survival heritability in 169 families of white grain popcorn: A Bayesian approach. Cien. Inv. Agr. 35(3):303-309.** During the genetic evaluation of 169 half-sib families of white grain popcorn (*Zea mays*), at the beginning of a breeding program conducted in southern Brazil (Cycle I), significant differences in family survival were detected ( $p < 0.01$ ). Consequently, plant survival was incorporated into the breeding program. The main objective of this study was to examine genetic parameters for plant survival, and their association with other traits of agronomic interest. A Bayesian approach was used for this purpose, implemented by Gibbs sampling (for individual plant selection) and independence chain algorithms (for family selection). The survival (measured as a binary trait) varied from 48 to 100% at the family level. Heritability ( $h^2$ ) was significant and high for this trait, with a posterior mean of  $h^2=0.63$  and Bayesian credible interval of 0.53-0.74. The genetic gain was 14.5% (selection intensity: 20%). Survival was correlated positively and significantly with grain yield ( $p < 0.01$ ), indicating that family selection based on survival alone would have a positive effect on yield and *vice versa*. The Spearman correlation coefficient calculated between survival and popping expansion was not significantly different from zero, indicating that selection for family based on popping expansion would not have a significant effect on survival.

**Key words:** Breeding values, Gibbs sampling, independence chain, survival, white grain popcorn, *Zea mays*.

### Introducción

El maíz-roseta (*Zea mays* L.) es un tipo de maíz que tiene la capacidad de expandirse y eventualmente reventar a altas temperaturas, generando un alimento sabroso y suave, el cual es apreciado en diferentes países consumidores del producto. En Brasil, existe una creciente demanda anual de maíz-roseta, donde se estima un consumo aproximado de 70.000 t/año<sup>-1</sup>, de las cuales 71% son importadas principalmente de Argentina y Estados Unidos (Scapim *et*

*al.*, 2006). El número reducido de cultivares es un factor limitante para la expansión de este cultivo en Brasil. Además, las empresas distribuidoras de maíz usualmente no trabajan con cultivares de Brasil debido a la poca oferta de semillas en el mercado (Scapim *et al.*, 2002). Consecuentemente, los productores agrícolas enfrentan problemas de productividad y calidad (capacidad de expansión del maíz-roseta), siendo un aspecto prioritario de los programas de mejoramiento genético de este tipo de maíz.

El maíz-roseta está influenciado considerablemente por las variaciones ambientales (factores abióticos), pudiendo afectar el rendimiento de la siembra así como la calidad de los sub-pro-

ductos (Mora y Scapim, 2007). Los factores ambientales pueden afectar también a la sobrevivencia de este cultivo en forma similar a lo reportado para otras especies de importancia agrícola (Coyle *et al.*, 2006).

El análisis genético de la sobrevivencia *per se* en plantas de maíz-roseta está relativamente indocumentado en Brasil. De hecho, la evaluación genética de plantas de maíz ha estado enfocada principalmente a mejorar su productividad y calidad (Arnhold *et al.*, 2006; Mora y Arnhold, 2006). Sin embargo, una significativa mortalidad en una plantación de maíz-roseta, ya sea provocada por factores abióticos o bióticos, puede afectar también significativamente a la productividad.

En los programas de mejoramiento, la sobrevivencia se mide usualmente al momento de la cosecha, la cual se puede considerar como una característica de tipo binario, donde valores 0 son atribuidos a aquellas plantas que no sobrevivieron a los factores ambientales, y valores 1, para aquellas que son efectivamente productivas dentro de una población de mejoramiento. Específicamente, un agricultor puede estar interesado en predecir si un genotipo determinado sobrevive a determinadas condiciones ambientales, ya que la sobrevivencia tiene un rol importante dentro de su sistema de producción agrícola. Estadísticamente, las respuestas de tipo binaria (ej. 0 ó 1) se consideran variables aleatorias discretas, dentro del sistema productivo. La evaluación genética en características discretas se puede conducir a través de métodos Bayesianos (Mora *et al.*, 2007; Van Tassell *et al.* 1998;). De hecho, de acuerdo con Carneiro-Junior *et al.* (2005), en el trabajo de Gianola y Foulley (1982) se introdujeron los métodos Bayesianos en el mejoramiento animal dentro del contexto de las características discretas.

Walsh (2001) afirmó que en los próximos años existirá un mayor uso de los procedimientos Bayesianos, reemplazando a los métodos basados en la función de verosimilitud. Gianola y Fernando (1986) afirmaron que el análisis Bayesiano se fundamenta en el conocimiento de la distribución *a posteriori* de los parámetros genéticos (por ej. componentes de varianza,

heredabilidad, correlaciones genéticas) y viabiliza la conformación de regiones de credibilidad (intervalos de confianza) de tales parámetros. Los métodos de Monte Carlo, vía Cadenas de Markov (MCMC), permiten el cálculo de las distribuciones *a posteriori* Bayesianas (Mora *et al.*, 2007).

El objetivo del presente estudio fue examinar la heredabilidad de la sobrevivencia en 169 familias de medios hermanos de maíz-roseta de granos blancos, provenientes de un programa de mejoramiento genético conducido en el sur de Brasil. Para ello se utilizó un enfoque Bayesiano, implementado a través de los algoritmos de Gibbs y de cadenas independientes, variantes de los métodos MCMC.

## Materiales y métodos

### Experimento

En la temporada agrícola 2004-2005, se inició un programa de mejoramiento genético de maíz-roseta de granos blancos, en el campo experimental de Iguatemi (FEI) 23° 25' S, 51° 57' O, 550 m.s.n.m.), de la Universidad Estadual de Maringá, Estado Paraná, en el sur de Brasil.

En este estudio (Ciclo I) se reportan los primeros resultados del programa de mejoramiento, donde se evalúan 169 progenies de medios hermanos, las cuales se dispusieron en un diseño de látice simple 13 x 13, a una densidad de 55.000 plantas·ha<sup>-1</sup>, constituidas en líneas de 5 m de largo y 25 plantas por parcela.

Se realizó un desmalezado manual, y al momento de la siembra se aplicó 250 kg·ha<sup>-1</sup> de una mezcla fertilizante 8-20-20 (N:P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>:K<sub>2</sub>O), más 100 kg·ha<sup>-1</sup> de urea aplicada a los 30 d después de la emergencia (Sawazaki, 2001).

### Mediciones

Cada parcela se constituyó de 25 semillas. Posterior a la emergencia, se tomaron registros binarios (0 y 1) para la característica de sobrevivencia, en dos posibles eventos biológicos: planta viva (valor 1) o muerta (valor 0) dentro de una parcela determinada.

Adicionalmente, con el objetivo de evaluar la asociación (genética) entre la sobrevivencia y características agronómicas, se midieron las variables: altura de las plantas (Ap), altura de mazorcas (Am), capacidad de expansión (Ce) y el rendimiento de maíz (Rm). La Ce se obtuvo a través de una muestra de semillas retiradas de la parte centro basal de 10 mazorcas de cada familia y de cada repetición (Granate *et al.* 2002). Todas las muestras se colocaron en cámara fría seca, para alcanzar la humedad de equilibrio de 12%, luego se realizó la preparación de las rosetas en flujo de aire caliente y con 1.200 Watts de potencia considerando una temperatura de 280°C durante 130 s. Se utilizaron aproximadamente 30 g de maíz (de cada parcela) para medir el volumen de la roseta. La Ce se obtuvo a través de la razón del volumen de roseta expandida dividida por la masa de semillas reventadas (mL·g<sup>-1</sup>).

#### *Análisis genético y estadístico*

En una primera etapa, el análisis genético-estadístico para la característica de sobrevivencia, consideró el ajuste del siguiente modelo mixto,

$$y = Xb + Za + \varepsilon$$

donde  $y$  es el vector de las observaciones de plantas individuales,  $b$  es el vector de efectos fijos de bloques,  $a$  es el vector de los efectos genéticos aditivos de las plantas individuales como el efecto aleatorio de interés,  $X$  y  $Z$  son las matrices de incidencia de los efectos fijos y aleatorios, respectivamente y  $\varepsilon$  es el vector de residuos del modelo.

Para este análisis genético, se estimaron los componentes de varianza, heredabilidad en sentido estricto y valores genéticos (para el cálculo de la ganancia genética), usando un enfoque Bayesiano vía algoritmo de Gibbs, variante de los métodos de Monte Carlo-Cadenas de Markov (MCMC) (Mora y Arnhold, 2006).

Se utilizó el programa MTGSAM (Van Tassell y Van Vleck, 1996), para estimar las distribuciones *a posteriori* de los parámetros genéticos, basado en un modelo con variables

clasificadoras discretas (Van Tassell *et al.*, 1998). Se evaluó la estacionalidad de las cadenas generadas por el algoritmo de Gibbs (convergencia), a través del método de Heidelberger y Welch (1983) disponible en la biblioteca CODA, incorporado en el programa R.

En una segunda etapa, se obtuvo la predicción de los valores genéticos de las 169 familias para las características Ap, Am, Ce, Rm y sobrevivencia. Para ello se utilizó el siguiente modelo mixto, con el efecto de familias como aleatorio:

$$y = Xb + Zf + \varepsilon$$

donde  $y$  es el vector de las observaciones fenotípicas,  $b$  es el vector de efectos fijos de bloques,  $f$  es el vector del efecto familiar,  $X$  y  $Z$  son las matrices de incidencia de los efectos fijos y aleatorios, respectivamente y  $\varepsilon$  es el vector de residuos del modelo.

Se utilizó el procedimiento MIXED de SAS (Littell *et al.*, 1996) para la predicción de los valores genéticos de las características Ap, Am, Ce y Rm y se usó la macro %GLMIXED para la predicción del efecto de familias de la sobrevivencia; con función de ligación (o función de enlace) logística (o *logit*). En este caso, el análisis Bayesiano se basó en el algoritmo de Cadenas Independientes (Mora y Arnhold, 2006). Con los valores genéticos medios *a posteriori* se calcularon las correlaciones de Spearman entre los ranking de cada característica, usando el procedimiento CORR de SAS (SAS Institute, NC, USA), y se graficaron tales valores predichos, para establecer la relación entre la sobrevivencia y las otras características de interés.

#### **Resultados y discusión**

La sobrevivencia promedio del ensayo fue alta (88,6%). Sin embargo, ésta varió de 48 a 100%. El criterio de información de la desviación evidenció diferencias significativas ( $p < 0,01$ ) del efecto de familias para la sobrevivencia en esta población de mejoramiento. Consecuentemente, la heredabilidad (grado de control genético aditivo) fue alta y significativa para tal característica, con un valor promedio a

**Cuadro 1.** Estimaciones de componentes de varianza y heredabilidad (sentido estricto) para la característica de sobrevivencia estudiada en 169 familias de maíz-roseta (*Zea mays*) de granos blancos, en el sur de Brasil. Análisis genético realizado a través de un enfoque Bayesiano.

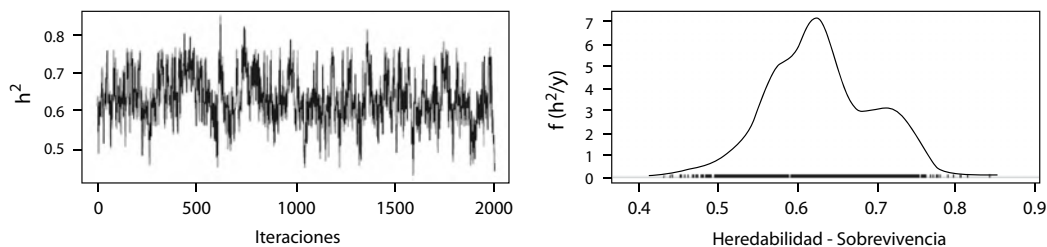
**Table 1.** Estimates of variance components and heritability (narrow sense) for plant survival studied in 169 families of white grain popcorn (*Zea mays*) in southern Brazil. Genetic analysis was performed by a Bayesian approach.

Parámetros	Promedio	Mediana	Moda	Desviación estándar	Límites de credibilidad (95%)	
					Inferior	Superior
Varianza aditiva	0,062	0,060	0,060	0,007	0,050	0,070
Varianza residual	0,038	0,040	0,040	0,006	0,030	0,050
Varianza fenotípica	0,099	0,100	0,100	0,004	0,090	0,110
Heredabilidad	0,629	0,624	0,623	0,065	0,525	0,741

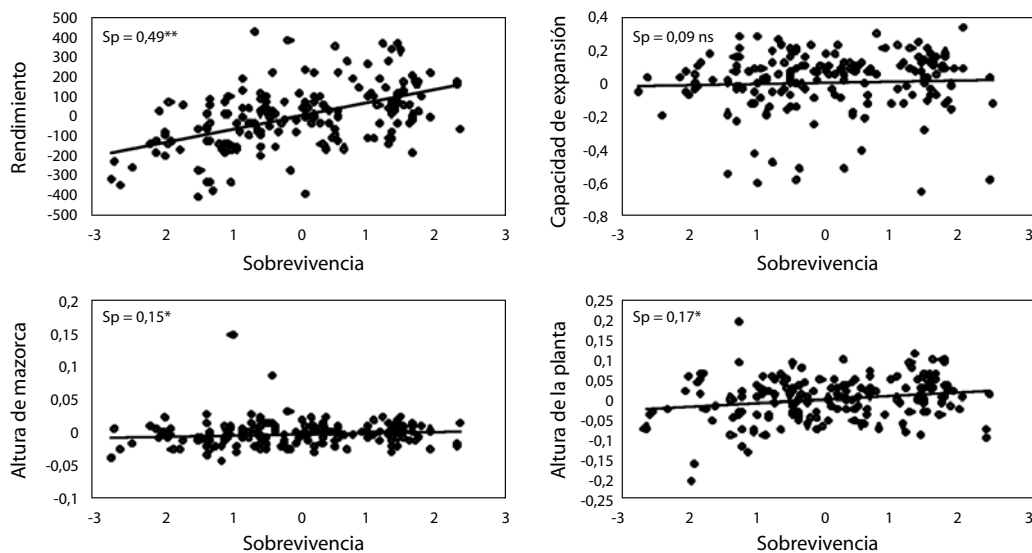
posteriori de  $h^2=0,63$  e intervalo de credibilidad bayesiano entre 0,53 y 0,74 (Cuadro 1). Los valores de la mediana y la moda de las distribuciones *a posteriori* de los componentes de varianza y de la heredabilidad fueron similares a la media aritmética, evidenciando una cierta simetría en las distribuciones. Se consideraron cadenas iniciales con 180.000 muestras aleatorias con un periodo de descarte (*burn-in*) de tamaño 30.000, e intervalos de muestreo a cada 75 muestras, para eliminar la auto-correlación, originando cadenas finales de tamaño 2.000 (Figura 1). Con este procedimiento se obtuvo la convergencia de las cadenas de Gibbs, la cual fue confirmada por el estadístico de Heidelberger y Welch (1983).

En la Figura 2 se muestran los gráficos con los valores genéticos de familias, obtenidos vía predicción Bayesiana para sobrevivencia,

los cuales fueron confrontados con los valores predichos del efecto de familias de las características de productividad, Am, Ce y Ap. La línea recta de cada gráfico es un indicativo del grado de asociación entre los valores genéticos de las 169 familias de medios hermanos. Sin excepción, los coeficientes de correlación de Spearman (calculados entre los ordenamientos (*ranking*) de las familias para cada característica) fueron positivos, pero variaron en su significancia estadística. La sobrevivencia se correlacionó positiva y significativamente ( $p < 0,01$ ) con la productividad de los granos, indicando que la selección de familias basado en la sobrevivencia tendría un efecto positivo en el rendimiento, y viceversa. El valor de la correlación de Spearman entre sobrevivencia y Am y Ap fue baja pero significativamente diferente de cero ( $p < 0,05$ ). Entre la sobrevivencia y



**Figura 1.** Distribución *a posteriori* de la heredabilidad ( $h^2$ ) para la sobrevivencia, evaluada en plantas de maíz-roseta (*Zea mays*) de granos blancos (a la derecha), e iteraciones de la cadena de Gibbs definitiva (enfoque Bayesiano; a la izquierda).  
**Figure 1.** Posterior distribution for the heritability estimate ( $h^2$ ) for plant survival, evaluated in white grain popcorn (*Zea mays*) plants (to the right), and iterations of the final Gibbs chain (Bayesian approach; to the left).



**Figura 2.** Gráficos de dispersión con los valores genéticos predichos (nivel familiar) para las características agronómicas y la sobrevivencia (escala del modelo logístico), evaluados en 169 familias de maíz-roseta (*Zea mays*) de granos blancos en el sur de Brasil. Sp: correlación de Spearman; ns: correlación no significativa; \* y \*\* correlaciones significativas a 5 y 1%, respectivamente.

**Figure 2.** Scatter graphs of the predicted breeding values (family level) for the agronomic traits and plant survival (logistic scale), which were evaluated in 169 families of white grain popcorn (*Zea mays*) in southern Brazil. Sp: Spearman correlation; ns: not significant; \* and \*\* significant correlations at 5 and 1%, respectively.

la capacidad de expansión, la correlación de Spearman no fue significativamente diferente de cero, indicando que la selección de familias por su Ce no tendría un efecto significativo sobre la sobrevivencia. Es decir, al seleccionar únicamente para la Ce, la mortalidad de plantas podría aún ser un problema en esta población de mejoramiento.

El conocimiento de la magnitud de las asociaciones entre las características de interés en el mejoramiento de maíz-roseta es de fundamental importancia en la obtención de genotipos mejorados. Ruffato *et al.* (2000) afirma que la característica que constituye el principal parámetro de calidad es la Ce, la cual está influenciada por factores genéticos y no-genéticos, como las condiciones de desarrollo del cultivo en el campo, cosecha y procesamiento. Habitualmente se ha reportado una correlación genética negativa o nula entre la Ce y la productividad de los granos (Mora y Scapim, 2007; Arnhold *et al.*, 2006; Mora

y Arnhold, 2006). En el presente estudio, el análisis estadístico corroboró este resultado. Además, la Ce del maíz presentó una débil asociación con la sobrevivencia, siendo un aspecto relevante dentro del programa de mejoramiento genético de la especie, ya que la mortalidad en una plantación de maíz puede tener implicancias directas en la productividad, calidad y el éxito del cultivo. Existen diversas investigaciones relacionadas al estudio genético de la productividad, Ce y características agronómicas en maíz-roseta (Babu *et al.*, 2006; Lu *et al.*, 2003), pero son pocos los estudios emprendidos en relación con el control genético de la sobrevivencia.

Zaidi *et al.* (2003) menciona que en ambientes tropicales o subtropicales las condiciones climáticas extremas y las presiones bióticas o abióticas son los principales factores responsables por la pérdida de potencial productivo. Entre los problemas abióticos, los extremos de disponibilidad de agua, ya sea

sequía o exceso de agua, son los principales problemas para la producción y productividad de la mayoría de los cultivos, incluyendo al maíz, los cuales pueden afectar directamente al establecimiento (sobrevivencia) de la plantación.

Se concluye que la sobrevivencia de las plantas de maíz-roseta de granos blancos se debería incluir como una característica importante dentro del programa de mejoramiento genético, la cual podría tener efectos sobre otras características de interés económico. Esta variable cuantitativa se puede estudiar como una característica de tipo binaria, la cual se puede analizar genéticamente a través de los métodos Bayesianos.

## Resumen

Durante la evaluación genética de 169 familias de medios hermanos de maíz-roseta de granos blancos (*Zea mays*), en el inicio de un programa de mejoramiento genético (Ciclo I) conducido en el sur de Brasil, se detectaron diferencias significativas ( $p < 0,01$ ) en la sobrevivencia. Consecuentemente, la sobrevivencia se incorporó dentro del programa de mejoramiento. El objetivo principal de este estudio fue examinar parámetros genéticos para la sobrevivencia, y su asociación con otras características agronómicas. Para cumplir con este objetivo se usó un enfoque Bayesiano, vía el algoritmo de Gibbs (para selección de plantas individuales) y algoritmo de cadenas independientes (para la selección de familias). La sobrevivencia (medida como una característica binaria) varió de 48 a 100%, a nivel de familias. La heredabilidad ( $h^2$ ) fue significativa y alta para tal característica, con un valor promedio a posteriori de  $h^2 = 0,63$  e intervalo de credibilidad Bayesiano entre 0,53 y 0,74. La ganancia genética fue de 14,5% (intensidad de selección: 20%). La sobrevivencia se correlacionó positiva y significativamente ( $p < 0,01$ ) con la productividad de los granos, indicando que la selección de familias basado en la sobrevivencia tendría un efecto positivo en el rendimiento, y viceversa. Entre la sobrevivencia y la capacidad de expansión la correlación de Spearman no fue significativamente diferente de cero, indicando que la selección de familias por su capacidad de expansión no tendría un

efecto significativo sobre la sobrevivencia. Se concluye que la sobrevivencia de las plantas de maíz-roseta debería ser incluida como una característica importante dentro del programa de mejoramiento de la especie, la cual puede ser estudiada a través de los métodos Bayesianos.

**Palabras clave:** Algoritmo de Gibbs, cadenas independientes, maíz-roseta de granos blancos, sobrevivencia, valores genéticos, *Zea mays*.

## Literatura citada

- Arnhold, E., F. Mora y A. Deitos. 2006. Correlaciones genéticas en familias S4 de maíz (*Zea mays*). Cien. Inv. Agr. 33:105-110.
- Babu, R., S.K. Nair, A. Kumar, H.S. Rao, P. Verma, A. Gahala, I.S. Singh y H.S. Gupta. 2006. Mapping QTLs for popping ability in a popcorn  $\times$  flint corn cross. Theor. Appl. Genet. 112:1392-1399.
- Carneiro-Junior, J.M., G.M.L. Assis, R.F. Euclydes y P.S. Lopes. 2005. Influência da informação *a priori* na avaliação genética animal utilizando dados simulados. R. Bras. Zootec. 34:1905-1913.
- Coyle, D.R., M.D. Coleman, J.A. Durant y L.A. Newman. 2006. Survival and growth of 31 *Populus* clones in South Carolina. Biomass and Bioenergy 30:750-758.
- Gianola, D. y R.L. Fernando. 1986. Bayesian methods in animal breeding theory. Journal of Animal Science 63:217-244.
- Gianola, D. y J.L. Foulley. 1982. Non linear prediction of latent genetic liability with binary expression: an empirical Bayes approach. v.7, Pages 293-303. In: World Congress on Genetics Applied Livestock Production. Madrid, Spain.
- Granate, M.J., C.D. Cruz y C.A.P. Pacheco. 2002. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho-pipoca CMS-43. Pesquisa Agropecuária Brasileira 37:101-108.
- Heidelberger, P. y P.D. Welch. 1983. Simulation run length control in the presence of an initial transient. Operations Research 31:1109-1144.
- Littell, R.C., G.A. Milliken, W.W. Stroup y R.D. Wolfinger. 1996. SAS system for mixed models. SAS Institute Cary, NC.
- Lu, H.J., R. Bernardo y H.W. Ohm. 2003. Mapping QTL for popping expansion volume in popcorn with simple sequence repeat markers. Theor. Appl. Genet. 106:423-427.
- Mora, F. y E. Arnhold. 2006. Application of the Bayesian inference and mixed linear model method to maize breeding. Cien. Inv. Agr. 33:185-190.

- Mora, F. y C.A. Scapim. 2007. Predicción de valores genéticos del efecto de poblaciones de maíz evaluadas en Brasil y Paraguay. *Agric. Téc. (Chile)* 67:139-146.
- Mora, F., S. Perret, C.A. Scapim, E.N. Martins y M.P. Molina. 2007. Source-dependent blooming variability of *Eucalyptus cladocalyx* in the Region of Coquimbo, Chile. *Cien. Inv. Agr.* 34:99-106.
- Ruffato, S., P.C. Correa, J.H. Martins, B.H.M. Mantovani y J.N. Silva. 2000. Efeito das condições de colheita, pré-processamento e armazenamento na qualidade de milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 35:591-597.
- Sawazaki, E. 2001. A cultura do milho-pipoca no Brasil. *O Agrônomo* 53:11-13.
- Scapim, C.A., C.A.P. Pacheco, A. Tonet, A.L. Braccini y R.J.B. Pinto. 2002. Diallel analyses and heterosis in popcorn varieties. *Bragantia* 61:219-230.
- Scapim, C.A., R.J.B. Pinto, A.T. Amaral-Júnior, F. Mora y T.S. Dandolini. 2006. Combining ability of white grain popcorn populations. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 6:136-143.
- Van Tassell, C.P. y L.D. Van Vleck. 1996. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. *Journal of Animal Science* 74:2586-2597.
- Van Tassell, C.P., L.D. Van Vleck y K.E. Gregory. 1998. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. *Journal of Animal Science* 76:2048-2061.
- Walsh, B. 2001. Quantitative genetics in the age of genomics. *Theoret. Pop. Biol.* 59:175-184.
- Zaidi, P.H., S. Rafique y N.N. Singh. 2003. Response of maize (*Zea mays* L.) genotypes to excess soil moisture stress: morpho-physiological effects and basis of tolerance. *European Journal of Agronomy* 19:383-399.