

# EVALUACIÓN DE HÍBRIDOS TOP-CROSS DE MAÍZ-ROSETA USANDO MODELOS LINEALES MIXTOS

Emmanuel Arnhold<sup>1</sup>, Freddy Mora<sup>2\*</sup>, Ricardo G. Silva<sup>1</sup>, Pedro I.V. Good-God<sup>3</sup>, y Marcos A. Rodvalho<sup>2</sup>

## RESUMEN

El mercado del maíz-roseta (*Zea mays* L.) está en continuo crecimiento en Brasil, lo cual ha demandado el desarrollo de cultivares adaptados a las condiciones locales. Por ello, los objetivos del presente trabajo fueron evaluar híbridos top-cross de maíz-roseta en función de la capacidad de expansión y el rendimiento de los granos, en diferentes regiones eco-geográficas de Brasil; estimar componentes de varianza usando Máxima Verosimilitud Restringida (REML) y predecir los valores genotípicos a través de la Mejor Predicción Linear Inssegada (BLUP). La evaluación genética consideró un modelo lineal con una estructura de varianza residual (ambiental) heterogénea. La prueba de la razón de verosimilitud (restringida) evidenció diferencias significativas ( $p < 0,01$ ) para el efecto genotípico. La producción de granos mostró ser una característica de heredabilidad media ( $h^2 = 0,26-0,39$ ). En la capacidad de expansión se evidenció un mayor control genético aditivo ( $h^2 = 0,58-0,85$ ). Las correlaciones genéticas y de Spearman entre las características fueron negativas, indicando que la selección basada en el rendimiento de granos tendría un efecto negativo sobre la capacidad de expansión. Los híbridos top-cross presentaron un rendimiento de grano adecuado, sin embargo, la calidad de la roseta estuvo por debajo de los estándares comerciales.

**Palabras clave:** capacidad de expansión, REML, BLUP, mejoramiento, *Zea mays*.

---

<sup>1</sup> Universidade Federal de Maranhão, Centro de Ciências Agrárias e Ambientais (CCAA), BR 222, CEP 65550-000, Caixa Postal 9, Chapadinha, Maranhão, Brasil. E-mail: [earnhold@pq.cnpq.br](mailto:earnhold@pq.cnpq.br)

<sup>2</sup> Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Agrárias, Av. Colombo 5790, Bloco 05, CEP 87020-900, Maringá, Paraná, Brasil. E-mail: [morapoblete@gmail.com](mailto:morapoblete@gmail.com); \*Autor para correspondencia.

<sup>3</sup> Universidade Federal de Viçosa, Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária – BIOAGRO, CEP 36570-000, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

Recibido: 31 de octubre de 2007

Aceptado: 25 de marzo de 2008.

## ABSTRACT

**Evaluation of top-cross hybrids of popcorn using mixed linear model methodology.** Popcorn (*Zea mays* L.) market has been continuously growing in Brazil, which has demanded the developing of cultivars adapted to local environmental conditions. Thus, the analytical objectives of the present study were to evaluate top-cross hybrids of popcorn, based on popping expansion and grain yield, at three different eco-geography regions of Brazil, to estimate variance components using Restricted Maximum Likelihood (REML) and predict breeding values through Best Linear Unbiased Prediction (BLUP). The genetic evaluation considered a linear model with heterogeneous residual (environmental) variances. Restricted likelihood ratio test evidenced significant difference ( $p < 0.01$ ) for the genotypic effect. Grain yield showed to be a trait moderately heritable ( $h^2 = 0.26-0.39$ ). A higher additive genetic control was evidenced for popping expansion ( $h^2 = 0.58-0.85$ ). Genetic correlation and Spearman coefficient calculated between both traits were negatives, indicating that selection based on grain yield would have a negative effect on popping expansion. The top-cross hybrids evidenced adequate grain yield, but popping expansion was low according to commercial product.

**Key words:** popping expansion, REML, BLUP, improvement, *Zea mays*.

## INTRODUCCIÓN

En Brasil, el mercado del maíz-roseta, o maíz para palomitas, está en continuo crecimiento tanto en su producción como en su productividad (Mora y Scapim, 2007). A pesar del importante crecimiento en el consumo del producto, diversos estudios del Ministerio de Agricultura han determinado que la producción aún es limitada desde el punto de vista del mercado potencial, por lo que cada año son importados de Argentina y Estados Unidos cerca de 61 mil toneladas (Scapim *et al.*, 2006). Se estima que la producción de Brasil es del orden de 20 mil toneladas (Carpentieri-Pípulo *et al.*, 2002), pero el producto nacional presenta una calidad inferior al importado, lo que dificulta el desarrollo de su comercio y el interés productivo. No obstante, esta situación está siendo revertida con los importantes avances alcanzados en los programas de mejoramiento genético.

Debido a las extensas áreas cultivadas, la gran diversidad de regiones eco-geográficas y las variaciones de las técnicas de manejo, se espera una elevada interacción genotipo-ambiente para el cultivo de la especie. Según Gauch y Zobel (1988) la diversidad de ambientes a menudo dificulta la identificación y recomendación de materiales productivos estables. Campbell y Jones (2005) definen interacción genotipo-ambiente como la respuesta diferencial de los genotipos para una determinada característica en diferentes ambientes. Según Lee *et al.* (2003) la estabilidad fenotípica ha sido reconocida como un importante objetivo de los programas de mejoramiento de plantas, siendo influenciada por la estructura genética y el nivel de heterogeneidad y heterocigosis de un cultivar.

Según Cruz *et al.* (2004) los estudios de la interacción genotipo-ambientes, a pesar de ser de gran importancia para el mejoramiento, no proporcionan información pormenorizada sobre el comportamiento de cada genotipo frente a las variaciones ambientales. Según estos autores, para tal objetivo se realizan análisis de adaptabilidad y estabilidad, posibilitando la identificación de cultivares de comportamiento previsible y que respondan a las variaciones ambientales, en condiciones específicas o amplias. Con ello, Sólo recientemente se han realizado estudios de adaptabilidad y estabilidad de cultivares de maíz roseta, utilizando diferentes metodologías en Brasil (Nunes *et al.*, 2002; Von Pinho *et al.*, 2003).

En el contexto de los modelos lineales mixtos, la clasificación (o ranking) de linajes o genotipos relacionada a un carácter de interés puede ser realizada a través de diversas técnicas, siendo las más comunes: las técnicas Bayesianas (Mora y Perret, 2007; Gonçalves-Vidigal *et al.*, 2008) y el procedimiento de la Mejor Predicción Lineal Insesgada (BLUP, del inglés: Best Linear Unbiased Predictor) (Resende, 2002). La predicción de los valores genéticos a través de BLUP depende de las estimaciones de los componentes de varianza asociados a los efectos aleatorios del modelo. Una de las metodologías preferidas para la estimación de componentes de varianza es la Máxima Verosimilitud Restringida (REML, del inglés: Restricted Maximum Likelihood). Este método fue sugerido por Thompson (1962) y posteriormente descrito por Patterson y Thompson (1971). En modelos mixtos, la solución de los efectos aleatorios es obtenida por medio de la maximización de la función de densidad conjunta que considera los efectos fijos y aleatorios del modelo. El sistema de ecuaciones de modelos mixtos permite obtener además la Mejor Estimación Lineal Insesgada (BLUE, del inglés: Best Linear Unbiased Estimation) para los efectos fijos. En estos métodos los componentes de variación y los valores genéticos se pueden obtener mediante procedimientos uni y multi-variados.

Los objetivos del presente trabajo fueron: a) evaluar híbridos top-cross de maíz-roseta en función de la capacidad de expansión y rendimiento de los granos, en diferentes regiones eco-geográficas de Brasil; b)

estimar componentes de varianza y predecir los valores genotípicos a través del procedimiento de estimación/predicción, basado en la máxima verosimilitud restringida y la mejor predicción linear insesgada; y c) aplicar la metodología de modelos lineales mixtos en la evaluación genética de híbridos top-cross, considerando un modelo lineal mixto con una estructura de varianza residual (ambiental) heterogénea.

## MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó en la temporada agrícola 2000-2001 con el establecimiento de tres ensayos de híbridos top-cross. Los híbridos se obtuvieron a partir del cruzamiento de familias S<sub>3</sub> de la población Beija-Flor con la población Viçosa (cruce de prueba). Ambas corresponden a poblaciones de maíz-roseta seleccionadas debido a su buena capacidad de combinación. El estudio tuvo su origen en un cruzamiento dialélico realizado en la temporada agrícola 1996/1997, que incluyó seis poblaciones pertenecientes al banco de germoplasma de maíz de la Universidad Federal de Viçosa, del estado Brasileño de Minas Gerais. Con este estudio se inició, por lo tanto, un programa de mejoramiento de maíz-roseta para la obtención de híbridos y poblaciones mejoradas.

El primer ensayo de top-cross (Sitio 1), con 60 híbridos, se desarrolló en el campo experimental de la Universidad Federal de Viçosa (20°51' S, 42°47' O, 720 m.s.n.m.) en el municipio de Coimbra, Estado de Minas Gerais, Brasil. El segundo ensayo (Sitio 2), con 77 híbridos, se realizó en el Centro de Experimentación, Investigación y Extensión (CEPET/UFV) (18°41' S, 49°34' O, 564 m.s.n.m.) en el municipio de Capinópolis, Estado de Minas Gerais. El tercer ensayo (Sitio 3), con 96 híbridos, se desarrolló en la Empresa de Investigación Agropecuaria del Estado de Río de Janeiro (PESAGRO-RJ) (21°45' S, 41°19' O, 13 m.s.n.m.) en el municipio de Campos dos Goytacazes, Estado do Río de Janeiro. En el análisis conjunto se utilizaron 45 híbridos comunes a los tres sitios.

Todos los ensayos se establecieron en un diseño de bloques al azar con tres repeticiones. Las parcelas correspondieron a hileras de 5 m, espaciadas a 0,9 m, con 30 plantas por parcela. Todos los experimentos incluyeron como testigos (control) al cv. IAC 112 (híbrido simple) perteneciente al Instituto Agronómico de Campinas (Campinas, Brasil), y al cv. Zélia (híbrido triple) (Pioneer Hi-Bred, Johnston Iowa, USA). Se utilizó la siembra convencional sin riego suplementario. La fertilización se realizó con 500 kg ha<sup>-1</sup> de la fórmula 08:28:16 (N:P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>:K<sub>2</sub>O) en la siembra, más 120 kg ha<sup>-1</sup> de urea en cobertura, aplicada 30 días después de la emergencia de las plántulas. Semanalmente, se realizó un control preventivo de *Spodoptera frugiperda* con la aplicación de insecticidas.

En cada parcela se evaluó el rendimiento de los granos (kg granos trillados parcela<sup>-1</sup>) y la capacidad de expansión del maíz (roseta) (mL g<sup>-1</sup>). El rendimiento de los granos se corrigió para una humedad estándar de 14,5% y se transformó a kg ha<sup>-1</sup>.

La capacidad de expansión, o volumen de expansión, se obtuvo a través de la razón entre el volumen de la roseta expandida y la masa de los granos. Para cada parcela se colectó una muestra de 30 g de granos proveniente de la parte central de las mazorcas, la cual se preparó en flujo de aire caliente (Hot Air Popcorn Pumper H7340, Proctor Sílex, Washington, North Carolina, USA), 1.200 W, y 280 °C durante 2 min y 10 s (Arnhold *et al.*, 2006; Mora y Scapim, 2007).

Se utilizó el siguiente modelo lineal mixto:

$$y = X\beta + Z_1g + Z_2w + \varepsilon$$

donde  $y$  es el vector de las observaciones fenotípicas;  $\beta$  es el vector de los efectos fijos debidos al bloque, sitio y el promedio general;  $g$  es el vector de los efectos genotípicos (asumidos como aleatorios);  $w$  es el vector de los efectos de la interacción genotipo x ambiente (aleatorios) y;  $\varepsilon$  es el vector de los residuos (aleatorios). Las letras mayúsculas representan las matrices de incidencia para los referidos efectos.

Se consideró que las observaciones y los efectos aleatorios siguen la siguiente distribución normal multivariada (Mora y Arnhold, 2006):

$$\begin{bmatrix} y \\ g \\ w \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left( \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & Z_1G & Z_2W & R \\ GZ'_1 & G & \emptyset & \emptyset \\ WZ'_2 & \emptyset & W & \emptyset \\ R & \emptyset & \emptyset & R \end{bmatrix} \right)$$

donde 0 es el vector nulo;  $\emptyset$  es la matriz nula; G es la matriz de varianzas inter-genotípicas; W es la matriz de varianzas de la interacción; R es la matriz de varianzas residuales. Considerando el modelo anterior, BLUE (del inglés: Best Linear Unbiased Estimation) para  $\beta$  y BLUP (del inglés: Best Linear Unbiased Prediction) para los efectos aleatorios  $g$  y  $w$  son dados por la siguiente ecuación de modelos mixtos:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + G^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + W^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ g \\ w \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Las estimaciones de los componentes de varianza, necesarios para la obtención de los valores genéticos, se obtuvieron usando el método REML (del inglés: Restricted Maximum Likelihood).

Para la selección de híbridos, ya sea considerando los tres sitios en conjunto (en la presencia de interacción no significativa) o dentro de cada sitio, se seleccionaron los mejores 20 genotipos considerando la productividad y la capacidad de expansión. Con ello, se seleccionaron las familias S<sub>3</sub> cuyos híbridos top-cross se clasificaron simultáneamente entre los 20 genotipos de mayor valor genético para ambas características.

Se investigaron las presuposiciones de homocedasticidad con el procedimiento MIXED (SAS Institute, 1996). Los criterios de información de Akaike (AIC, del inglés: Akaike Information Criterion) (Akaike, 1974) y Bayesiano de Schwarz (BIC, del inglés: Bayesian Information Criterion) (Schwarz, 1978) y el estadístico de la razón de verosimilitud (LR, del inglés: Likelihood Ratio) se usaron conjuntamente para confirmar la hipótesis de homogeneidad de acuerdo con Mora y Scapim (2007).

Los análisis de predicción genética se realizaron usando también el procedimiento MIXED de SAS (SAS Institute, 1996). La significancia estadística de los efectos genotípicos y de interacción genotipo-ambiente se realizaron usando la prueba de la razón de la verosimilitud (restringida) (Mora y Scapim, 2007). Adicionalmente, se estimaron coeficientes de correlaciones de Spearman (Newcom *et al.*, 2005) entre los ranking de ambas características para determinar los efectos de selección indirecta, para esto se utilizó el procedimiento CORR (SAS Institute, 1996) y se computaron intervalos de confianza Bootstrap (Mora y Arnhold, 2006).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los valores promedio del rendimiento de granos fueron de 2 285 kg ha<sup>-1</sup> en Coimbra (Sitio 1), 3 091 kg ha<sup>-1</sup> en Capinópolis (Sitio 2) y 3 524 kg ha<sup>-1</sup> en Campos dos Goytacazes (Sitio 3). El promedio general de la productividad en los tres ensayos fue de 2 967 kg ha<sup>-1</sup>. Por lo tanto, los híbridos top-cross en general presentaron una productividad moderada, considerando que la productividad promedio en EE.UU. varía

en torno a 3 500 kg ha<sup>-1</sup> (Pacheco *et al.*, 1998) y que la productividad promedio del híbrido comercial IAC 112 fue de 3 124 kg ha<sup>-1</sup> (promedio de los tres sitios).

El estadístico de la razón de verosimilitud así como AIC y BIC confirmaron una significativa heterogeneidad de varianzas ambientales ( $p < 0,05$ ) en ambas características (**Cuadro 1**). Silva *et al.* (2005) afirmaron que la homogeneidad de las varianzas residuales, así como las de tipo genético, es uno de los supuestos estadísticos más importantes en modelos de evaluación genética que utilizan BLUP. Con este resultado se utilizó un modelo de varianzas heterogéneas en el modelo lineal mixto de evaluación genética de las familias top-cross de maíz-roseta.

Con el ajuste de la heterogeneidad de varianzas residuales, los resultados de la prueba de razón de verosimilitud indicaron que el efecto familiar fue estadísticamente significativo ( $p < 0,01$ ), al contrario de la interacción familia-sitio ( $p > 0,05$ ). La producción de granos en este experimento mostró ser una característica de heredabilidad media ( $h^2 =$  de 0,26 a 0,39; **Cuadro 2**). Para la capacidad de expansión el valor de la heredabilidad varió de 0,58 a 0,85, evidenciando un mayor control genético aditivo (**Cuadro 2**). Esta variación genética indica una situación providencial a la selección inter-genotípica (Mora y Scapim, 2007). La heredabilidad de la capacidad de expansión se encuentra dentro de lo indicado en la literatura (Arnhold *et al.*, 2006). En un ensayo genético con familias S<sub>2</sub> de la población de maíz Beija-Flor, Santos *et al.* (2004) estimaron una heredabilidad en sentido amplio de 0,72 para capacidad de expansión. Con la misma población, Vilarinho *et al.* (2003) encontraron heredabilidades más bajas, variando de 0,60 a 0,32, en familias S<sub>1</sub> y S<sub>2</sub>, respectivamente.

La predicción genética para el rendimiento de granos de maíz basado en el efecto familiar (vía BLUP) de los 20 mejores genotipos se muestra en el **Cuadro 3**. Considerando esta predicción genética ( $u + g$ ) se observa que nueve híbridos top-cross superaron en su valor promedio al IAC 112, destacándose el híbrido HT 26. El valor promedio de HT 26 fue de 3 398 kg ha<sup>-1</sup> considerando conjuntamente los valores genotípicos predichos en los tres sitios. Rivas y Barriga (2002) mencionaron la importancia de la elección de los progenitores que resulten en combinaciones híbridas superiores para un programa de mejoramiento que obtiene nuevas variedades a través de hibridaciones, y esta selección puede hacerse a través de la evaluación de las capacidades combinatorias de los genotipos a utilizar, lo que dará información sobre cuáles serán los más favorables para mejorar caracteres de interés.

En el contexto de los modelos lineales mixtos, Piepho y Möhring (2006) reportaron la utilidad de este procedimiento en la selección de cultivares agronómicos del nabo de mesa (*Brassica napus* L.) en etapas

avanzadas de un programa de mejoramiento genético, demostrando que el método REML es preferible a la Máxima Verosimilitud (ML, del inglés Maximum Likelihood) en la estimación de componentes de varianza, y que BLUP es preferible a BLUE. En modelos lineales mixtos, el procedimiento estándar que ha sido preferentemente usado en la estimación de componentes de varianza es REML (Mora y Scapim, 2007). Al igual que el método ML, el procedimiento REML también es iterativo y exige normalidad de los residuos, ya que está basado en la función de densidad de la distribución normal. Sin embargo, la ventaja de REML es que considera la pérdida de grados de libertad debido a los efectos fijos del modelo, proporcionando estimaciones insesgadas y de varianza mínima para datos balanceados (Marcelino e Iemma, 2000).

En el **Cuadro 4** se muestra el ranking con los 20 mejores genotipos para la capacidad de expansión, basado en la predicción de valores genéticos vía BLUP. En este cuadro se verifica evidentemente la superioridad de los híbridos comerciales IAC 112 y Zélia. El híbrido top-cross de mejor calidad (HT 23) presentó un valor genotípico predicho de 27,11 mL g<sup>-1</sup> y fue superior a los demás híbridos top-cross en los tres sitios. El valor promedio de la capacidad de expansión en los tres ensayos fue de 22,68 mL g<sup>-1</sup>. Para la capacidad de expansión también existió una gran variación entre los ambientes, siendo el ambiente más favorable nuevamente Campos dos Goytacazes (Sitio 3) con promedio de 28,71 mL g<sup>-1</sup>, seguido por el promedio de Coimbra (23,03 mL g<sup>-1</sup>) y Capinópolis (16,31 mL g<sup>-1</sup>).

Para que una población de maíz-roseta pueda ser comercializada, debe tener una capacidad de expansión mínima de 20 mL g<sup>-1</sup>, ya que con valores bajo ese índice la roseta se presenta muy rígida y con muchos granos sin reventar, siendo una característica de las poblaciones o variedades no mejoradas (Mora y Scapim, 2007). Según Matta y Vianna (2001) la capacidad de expansión de la roseta de buena calidad, importada y comercializada en Brasil, varía en torno de 33 y 38 mL g<sup>-1</sup> dependiendo de la marca comercial. Por lo tanto, en el presente estudio, a pesar de la productividad adecuada, los híbridos top-cross presentaron una limitada capacidad de expansión.

Analizando los **Cuadros 3** y **4**, se puede verificar que sólo algunos híbridos top-cross (30%) se clasificaron entre los 20 mejores genotipos para los valores genotípicos predichos de rendimiento de granos y capacidad de expansión conjuntamente. La excepción ocurrió para los híbridos HT 4, 6, 7, 16, 38, 39 e IAC 112. Este hecho ya era esperado y ocurrió debido a la existencia de una correlación genética negativa generalmente estimada entre rendimiento de granos y la capacidad de expansión (Arnhold *et al.*, 2006). Efectivamente, la correlación genética calculada entre los valores genotípicos predichos de ambas

características (considerando todo el ranking) fue -0,37 (Sitio 1), -0,36 (Sitio 2) -0,34 (Sitio 3). Estos resultados fueron coincidentes con las estimaciones de correlación de Spearman (**Cuadro 5**).

En los Sitios 2 y 3, los intervalos de confianza no incluyen el valor cero para la estimación del coeficiente de Spearman calculado entre los ranking de ambas características, indicando que la selección basada en el rendimiento de granos de maíz tendría un efecto negativo sobre la capacidad de expansión, y viceversa. Éste es un resultado ampliamente reportado en la literatura, por ejemplo Sawazaki (1995) y Coimbra *et al.* (2001) confirmaron que la producción de granos de maíz-roseta está inversamente correlacionada (asociación negativa) con la capacidad de expansión de la roseta. Mora y Arnhold (2006) estimaron un coeficiente de correlación de Spearman no significativo, calculado entre el ranking BLUP de ambas características, en familias S<sub>3</sub> de maíz, indicando que la selección para capacidad de expansión no tendrá un efecto significativo sobre la producción. Sin embargo, la obtención de respuestas positivamente correlacionadas entre producción de granos y capacidad de expansión puede ser obtenida a través de determinados procesos de selección simultánea entre ambas características (Arnhold *et al.*, 2006; Mora y Scapim, 2007). Arnhold *et al.* (2006) mencionaron que la asociación negativa entre capacidad de expansión y rendimiento dificulta la obtención de ganancias por selección simultánea cuando se refiere a las dos características en el mejoramiento poblacional. Desde el punto de vista genético, este fenómeno indica que ambas características podrían estar controladas por genes distintos.

En el presente estudio fue posible investigar y seleccionar genotipos más productivos, de mayor capacidad de expansión, y más adaptados y estables en relación a estos caracteres (en ausencia de interacción genotipo-ambiente). Desde el punto de vista del mejoramiento genético, de acuerdo con Soto *et al.* (2004) los híbridos comerciales de maíz son destinados a la producción de grano y forraje, dependiendo de variables como la precocidad, época de siembra, condiciones climáticas y de suelo, densidad de siembra, fertilización, manejo del cultivo, entre otras, o sea condiciones ambientales que determinan su comportamiento productivo y, en el presente caso, cualitativo.

En el presente estudio, la clasificación (orden) de los genotipos no fue dependiente de las condiciones ambientales en las cuales se establecieron (interacción genotipo x ambiente no significativa,  $p > 0,05$ ). En los programas de mejoramiento genético, la presencia de interacción entre el genotipo y el ambiente conlleva a la selección de genotipos que presentan mayor estabilidad en una gama de ambientes donde se desean introducir, y también se deben evaluar los potenciales productivos y las posibles limitaciones de éstos en cada ambiente (Contreras y Krarup, 2000). El conocimiento de la magnitud de la interacción de los genotipos con los factores ambientales (ya sean éstos debidos al sitio, año de plantación, tipo de suelo,

nivel de tecnología usado, entre otros) es de gran importancia para los agricultores y en los programas de mejoramiento de plantas, en los cuales se quiere minimizar las diferencias en productividad entre los genotipos que son dependientes del ambiente en el cual están siendo cultivados (Yue *et al.*, 1997; Scapim *et al.*, 2000; Contreras y Krarup, 2000).

## CONCLUSIONES

Los híbridos top-cross presentaron un rendimiento de granos adecuado; sin embargo, la calidad de la roseta (medida a través de la capacidad de expansión de los granos) aún se encuentra por debajo de los estándares de la roseta importada al Brasil.

La producción de granos mostró ser una característica de heredabilidad moderada. En tanto que la capacidad de expansión evidenció un mayor control genético aditivo. Estos resultados son promisorios para el avance del programa de mejoramiento conducido en Brasil.

El modelo de heterogeneidad de varianzas, a través del uso de los Modelos Lineales Mixtos REML-BLUP, permitió el ajuste adecuado de los valores genéticos considerando un análisis conjunto de los tres ambientes. Con ello, fue posible identificar genotipos de mejor rendimiento y capacidad de expansión de maíz-roseta. Los híbridos de mayor rendimiento de granos, en general, no fueron los de mayor capacidad de expansión, confirmando estudios anteriores con el cultivo. La selección genotípica debe ser conducida considerando aquellos genotipos que presentan conjuntamente una mayor capacidad de expansión y un alto rendimiento de granos.

## LITERATURA CITADA

Akaike, H. 1974. A new look at the statistical model identification. *Trans. Autom. Control* 19:716-723.

Arnhold, E., F. Mora, y A. Deitos. 2006. Correlaciones genéticas en familias  $S_4$  de maíz (*Zea mays*). *Cien. Inv. Agr.* 33(2):25-131.

Campbell, B.T., and M.A. Jones. 2005. Assessment of genotype x environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. *Euphytica* 144:69-78.

Carpentieri-Pípolo, V., H.W. Takahashi, R.M. Endo, M.R. Petek, e A.L. Seifert. 2002. Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. *Hortic. Brás.* 20:551-554.

Coimbra, R.R., G.V. Miranda, J.M.S. Viana, e C.D. Cruz. 2001. Correlações entre caracteres na população de milho-pipoca DFT-1 Ribeirão. *Revista CERES* 48:427-435.

Contreras, S., y C. Krarup. 2000. Interacción genotipo por ambiente en cinco cultivares de espárrago (*Asparragus officinalis* L.). *Cien. Inv. Agr.* 27:133-139.

Cruz, C.D., A.D. Regazzi, e P.C.S. Carneiro. 2004. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 480 p. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Brasil.

Gonçalves-Vidigal, M.C., F. Mora, T.S. Bignotto, R.E.F. Munhoz, and L.D. Souza. 2008. Heritability of quantitative traits in segregating common bean families using a Bayesian approach. *Euphytica* 164:551-560.

Gauch, H.G., and R.W. Zobel. 1988. Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. *Theor. Appl. Genet.* 76:1-10.

Lee, E.A., T.K. Doerksen, and L.W. Kannenberg. 2003. Genetic components of yield stability in maize breeding populations. *Crop Sci.* 43:2018-2027.

Marcelino, S.D.R., e A.F. Iemma. 2000. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. *Sci. Agric.* 57:643-652.

Matta, F.P., e J.M.S. Viana. 2001. Testes de capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho pipoca. *Scientia Agrícola* 58:845-851.

Mora, F., y E. Arnhold. 2006. Inferencia Bayesiana y metodología de modelos lineales mixtos aplicados al mejoramiento del maíz. *Cien. Inv. Agr.* 33:217-223.

Mora, F., y S. Perret. 2007. Aplicación de técnicas bayesianas en el análisis genético de árboles forestales. *Bosque* 28:198-206.

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.

Newcom, D.W., T.J. Baas, K.J. Stalder, and C.R. Schwab. 2005. Comparison of three models to estimate breeding values for percentage of loin intramuscular fat in Duroc swine. *J. Anim. Sci.* 83:750-756.

Nunes, H.V., G.V. Miranda, J.C.C. Galvão, L.V. Souza, e L.J.M. Guimarães. 2002. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho-pipoca por meio de dois métodos de classificação. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo* 1:78-88.

Pacheco, C.P., E.E.G. Gama, P.E. Guimarães, M.X. Santos, e A.S. Ferreira. 1998. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho-pipoca. *Pesq. Agropec. Bras.* 33:1995-2001.

Patterson, H.D., and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. *Biometrika* 58:545-554.

Piepho, H.P., and J. Möhring. 2006. Selection in cultivar trials – Is It Ignorable? *Crop Sci.* 46:192-201.

Resende, M.D.V. 2002. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.* 975 p. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, Brasil.

Rivas, R.P., y P.B. Barriga. 2002. Capacidad combinatoria para rendimiento de grano y caracteres de calidad maltera en cebada (*Hordeum vulgare* L.). *Agric. Téc. (Chile)* 62:347-356.

Santos, J.F., J.M.S. Viana, A.A. Vilarinho, and T.M.M. Câmara. 2004. Efficiency of S<sub>2</sub> progeny selection strategies in popcorn. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 4:183-191.

SAS Institute. 1996. *Statistical analysis system user's guide.* 956 p. SAS Institute, Cary, North Carolina, USA.

Sawazaki, E. 1995. *Melhoramento do milho-pipoca.* 21 p. Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, São Paulo, Brasil.

Scapim, C.A., V.R. Oliveira, A.L. Braccini, C.D. Cruz, C.A.B. Andrade, and M.C.G. Vidigal. 2000. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. *Genet. Mol. Biol.* 23:387-393.

Scapim, C.A., R.J.B. Pinto, A.T. Amaral-Júnior, F. Mora, and T.S. Dandolini. 2006. Combining ability of white grain popcorn populations. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 6:136-143.

Silva, J.C., G.W. Dutkowski, and N.M.G. Borralho. 2005. Across-site heterogeneity of genetic and environmental variances in the genetic evaluation of *Eucalyptus globulus* trials for height growth. *Ann. For. Sci.* 62:183-191.

Soto, P.O., E.B. Jahn, y S.S. Arredondo. 2004. Mejoramiento del porcentaje de proteína en maíz para ensilaje con el aumento y parcialización de la fertilización nitrogenada. *Agric. Téc. (Chile)* 64:156-162.

Schwarz, G. 1978. Estimating the dimension of a model. *Ann. Stat.* 6:461-464.

Thompson, W.A. 1962. The problem of negative estimates of variance components. *Ann. Math. Stat.* 33:273-289.

Vilarinho, A.A., J.M.S. Viana, J.F. Santos, e T.M.M. Câmara. 2003. Eficiência da seleção de progênies  $S_1$  e  $S_2$  de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. *Bragantia* 62:9-17.

Von Pinho, R.G., A. Brugnera, C.A.P. Pacheco, e M.S. Gomes. 2003. Estabilidade de cultivares de milho-pipoca em diferentes ambientes, no Estado de Minas Gerais. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo* 2:53-61.

Yue, G.L., K.L. Roozeboom, W.T. Schapaugh, and G.H. Liang. 1997. Evaluation of soybean cultivars using parametric and nonparametric stability estimates. *Plant Breed.* 116:271-275.

**Cuadro 1. Modelos heterocedástico y homocedástico (en relación con las varianzas ambientales) para el rendimiento ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) y capacidad de expansión ( $\text{mL g}^{-1}$ ) de genotipos de maíz-roseta evaluados en Brasil.**

**Table 1. Heteroscedasticity and homoscedasticity models (according to environmental variances) for yield and popping expansion of pop-corn families evaluated in Brazil.**

Parámetros	Rendimiento		Capacidad de expansión	
	Varianza común	Heterogeneidad	Varianza común	Heterogeneidad
Varianza genotípica ( $\sigma_g^2$ )	51 332	57 366	7,731 6	7,938 8
Varianza interacción ( $\sigma_w^2$ )	13 796	15 993	0,788 2	0,374 7
Varianza residual ( $\sigma_e^2$ )	394 538	-	10,507 1	-
Varianza residual Sitio 1 ( $\sigma_{e1}^2$ )	-	523 964	-	17,049 2
Varianza residual Sitio 2 ( $\sigma_{e2}^2$ )	-	285 910	-	4,105 8
Varianza residual Sitio 3 ( $\sigma_{e3}^2$ )	-	360 875	-	11,375 2
-2 RLL	6 876,6	6 865,4	2 395,5	2 346,3
AIC	6 882,6	6 875,4	2 401,5	2 356,3
BIC	6 888,2	6 884,9	2 407,1	2 365,8
LR	-	11,2	-	49,2
P-valor para LR	-	0,010 7	-	< 0,000 1

RLL: logaritmo de verosimilitud restringida; AIC: criterio de información de Akaike (1974); BIC: criterio de información Bayesiano (Schwarz, 1978); LR: razón de verosimilitud.

**Cuadro 2. Estimaciones de los componentes de varianza a través del procedimiento de la máxima verosimilitud restringida (REML) y de la heredabilidad para el rendimiento y capacidad de expansión de maíz-roseta, considerando un modelo lineal mixto con varianzas residuales heterogéneas.**

**Table 2. Estimates of variance components through restricted maximum likelihood method (REML) and heritability for yield and popping expansion of pop-corn, considering mixed linear model with heterogeneous residual variances.**

<b>Parámetros</b>	<b>Rendimiento</b>	<b>Capacidad de expansión</b>
	<b>kg ha<sup>-1</sup></b>	<b>mL g<sup>-1</sup></b>
Varianza familiar ( $\sigma_f^2$ )	62 226	8,091
Varianza residual Sitio 1 ( $\sigma_{e1}^2$ )	538 088	17,792
Varianza residual Sitio 2 ( $\sigma_{e2}^2$ )	297 978	4,205
Varianza residual Sitio 3 ( $\sigma_{e3}^2$ )	369 553	11,590
Heredabilidad Sitio 1 ( $\hat{h}_{s1}^2$ )	0,258	0,577
Heredabilidad Sitio 2 ( $\hat{h}_{s2}^2$ )	0,385	0,852
Heredabilidad Sitio 3 ( $\hat{h}_{s3}^2$ )	0,336	0,677

**Cuadro 3. Veinte mejores genotipos en relación a los valores genotípicos predichos vía Mejor Predicción Lineal Insesgada (BLUP) para el rendimiento de granos de familias de maíz-roseta evaluadas en Coimbra y Capinópolis (Minas Gerais), y Campos dos Goytacazes (Río de Janeiro), Brasil.**

**Table 3. The twenty better genotypes based on predicting breeding values by using Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) for yield of popcorn families evaluated at Coimbra and Capinópolis (Minas Gerais), and Campos dos Goytacazes (Rio de Janeiro), Brazil.**

Genotipo	Producción de granos (kg ha <sup>-1</sup> )			
	<i>g</i>	<i>u + g</i>	Ganancia	Nuevo promedio
HT 26	431,0	3398,0	431,0	3398,0
HT 42	366,9	3333,9	399,0	3365,9
HT 17	360,8	3327,8	386,3	3353,2
HT 10	357,8	3324,8	379,2	3346,1
HT 25	291,6	3258,5	361,6	3328,6
HT 24	282,3	3249,2	348,4	3315,4
HT 9	265,5	3232,4	336,6	3303,5
HT 41	233,9	3200,8	323,7	3290,7
HT 8	200,4	3167,4	310,0	3277,0
IAC 112	163,9	3130,8	295,4	3262,4
HT 33	116,6	3083,5	279,1	3246,1
HT 7	104,9	3071,9	264,6	3231,6
HT 44	98,7	3065,6	251,9	3218,8
HT 13	92,1	3059,0	240,5	3207,4
HT 39	90,6	3057,5	230,5	3197,4
HT 6	90,5	3057,5	221,7	3188,7
HT 37	87,3	3054,2	213,8	3180,8
HT 4	77,3	3044,2	206,2	3173,2
HT 16	70,9	3037,9	199,1	3166,0
HT 38	20,5	2987,5	190,2	3157,1

(*g*) es el valor de la predicción del efecto genotípico; (*u + g*) es el valor promedio más el efecto genotípico.

**Cuadro 4. Veinte mejores genotipos en relación a los valores genotípicos predichos vía Mejor Predicción Lineal Insegada (BLUP) para capacidad de expansión de familias de maíz-roseta evaluadas en Coimbra y Capinópolis (Minas Gerais) y Campos dos Goytacazes (Río de Janeiro), Brasil.**

**Table 4. Twenty better genotypes based on predicting breeding values via Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) for popping expansion of popcorn families evaluated at Coimbra and Capinópolis (Minas Gerais) and Campos dos Goytacazes (Rio de Janeiro), Brazil.**

Genotipo	Capacidad de expansión (mL g <sup>-1</sup> )			
	<i>g</i>	<i>u + g</i>	Ganancia	Nuevo promedio
IAC 112	7,48	30,16	7,48	30,16
ZELIA	7,37	30,05	7,42	30,10
HT 23	4,43	27,11	6,42	29,10
HT 14	2,68	25,36	5,49	28,17
HT 46	2,26	24,94	4,84	27,52
HT 4	2,12	24,80	4,39	27,07
HT 6	2,10	24,78	4,06	26,74
HT 30	2,06	24,75	3,81	26,49
HT 20	2,02	24,70	3,61	26,29
HT 18	1,67	24,35	3,42	26,10
HT 43	1,55	24,24	3,25	25,93
HT 11	1,42	24,10	3,10	25,78
HT 16	1,41	24,09	2,97	25,65
HT 22	1,38	24,06	2,85	25,53
HT 7	1,28	23,97	2,75	25,43
HT 38	0,92	23,60	2,63	25,32
HT 40	0,92	23,60	2,53	25,21
HT 28	0,92	23,60	2,44	25,13
HT 48	0,85	23,53	2,36	25,04
HT 39	0,83	23,51	2,28	24,96

(*g*) es el valor de la predicción del efecto genotípico; (*u + g*) es el valor promedio más el efecto genotípico.

**Cuadro 5. Correlaciones de Spearman e intervalos de confianza Bootstrap (95% de probabilidad) calculados entre los rankings de las características rendimiento de granos y capacidad de expansión de familias de maíz-roseta.**

**Table 5. Spearman correlation coefficients and Bootstrap confidence intervals (95% probability) calculated between the rankings of yield and popping expansion traits of pop-corn families.**

<b>Ítem</b>	<b>Sitio 1</b>	<b>Sitio 2</b>	<b>Sitio 3</b>
Correlación de Spearman	-0,278	-0,362	-0,278
Error estándar	0,147	0,129	0,135
Límite inferior Bootstrap	-0,566	-0,614	-0,542
Límite superior Bootstrap	0,009	-0,110	-0,015