



**MERCÊS DA GRAÇA CALISTO SAMPO**

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES  $S_{0:1}$  PROVENIENTES DE  
HÍBRIDOS DE MILHO**

**LAVRAS - MG  
2023**

**MERCÊS DA GRAÇA CALISTO SAMPO**

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES  $S_{0:1}$  PROVENIENTES DE HÍBRIDOS DE MILHO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, com área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

**LAVRAS - MG**  
**2023**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca  
Universitária da UFLA, com dados informados pelo (a) próprio (a) autor (a).**

Sampo, Mercês da Graça Calisto.

Seleção de progênies s0:1provenientes de híbridos de milho /  
Mercês da Graça Calisto Sampo. - 2023.  
39 p.

Orientador (a): João Candido De Souza.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de  
Lavras, 2023.

Bibliografia.

1. Zea mays L. 2. Seleção. 3. Linhagens promissoras. I. De  
Souza, João Candido. II. Título.

**MERCÊS DA GRAÇA CALISTO SAMPO**

**AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES  $S_{0:1}$  DE MILHO DERIVADA DE HÍBRIDOS DE MILHO**

**EVALUATION AND SELECTION OF  $S_{0:1}$  CORN PROGENIES DERIVED FROM CORN HYBRIDS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, co área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA, 18 de julho, 2023.

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes

Prof. Dr. Joao Candido De Souza

Dr. Deoclécio Domingos Garbuglio

UFLA

UFLA

IDR - Paraná



Prof. Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

**LAVRAS - MG  
2023**

*À minha família, em especial aos meus estimados pais Calisto Sampo e Manuela  
Jossaia, a quem eu devo tudo o que me tornei.  
Dedico*

## AGRADECIMENTOS

À Deus em primeiro lugar, pelo dom da vida, por se fazer presente em todos os momentos da minha vida e em particular nessa caminhada acadêmica, “Então tomou Samuel uma pedra, e a pôs entre Mizpá e Sem, e chamou-lhe Ebenézer; e disse: Até aqui nos ajudou o Senhor (**1 Samuel 7:12**).

À Universidade Federal de Lavras, em especial ao programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela estrutura e oportunidade. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGGM) da Universidade Federal de Lavras (UFLA), por todos os conhecimentos transmitidos e por toda atenção, paciência e zelo que têm com os alunos. Em especial, ao Prof. Dr. João Cândido de Souza, meu Orientador pelo aprendizado e experiência, pelo apoio, paciência e motivação durante todo o processo. Ao professor José Airton Rodrigues Nunes pelo aconchego e orientações que me concedeu quando cheguei ao Brasil.

Aos meus pais Calisto Sampo e Manuela Jossaia, pelo cuidado contínuo, amor, compreensão, dedicação e apoio incondicional em tudo e quando eu precisei, durante essa longa caminhada. Foi graças a você que cheguei até aqui! Aos meus irmãos, Aldo, Benilde e Angela Sampo, aos meus Tios, Lázaro, Paulo e Florinda, aos meus primos José, Crimildo, Vitalina e Ruth e Loleth, pelo apoio físico/emocional e carinho, vocês são o bem mais precioso que Deus me deu. Sou eternamente grata. Essa vitória é de todos nós! Ao meu namorado Gamito Lesta, por me trazer tranquilidade, alegria e forças para continuar, sempre que achei que não daria conta, pelo companheirismo e acima de tudo por todo amor.

Aos meus colegas do “programa milho” em especial a Alcides, Cesar, Lorena, Santa Helena e Mayra, obrigada pela amizade e pelo suporte. Aos funcionários da fazenda Muquem, em especial ao Leonardo. E a todos os discentes do programa de genética e melhoramento, pelo aprendizado.

A todos os meus amigos que foram um presente nessa caminhada, pela compreensão e momentos de alegria, Ivan, Victor, Almiro, Martinho, Elsa, Lucia e Mocidade Sal da terra da minha igreja, por me darem força e suporte, tornando este período mais leve e alegre. Obrigada a todos que direta ou indiretamente contribuíram de alguma forma para o meu percurso acadêmico.

## RESUMO

O presente estudo teve como objetivo avaliar 500 progênies S0:1 de milho, a fim de selecionar as melhores progênies com base nas estimativas dos parâmetros genéticos usando abordagens por meio de modelos mistos. O experimento foi realizado na Fazenda-Muquém, localizada no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras (UFLA). Foram analisadas 500 progênies, provenientes de 10 populações do programa de melhoramento genético de milho da UFLA, sendo 50 progênies de cada população. Para efeitos de comparação das médias, quatro linhagens parcialmente endogâmicas foram utilizadas como testemunhas. O delineamento experimental adotado foi o Alfa látice (12x42), com duas repetições e parcelas compostas por duas linhas, cada uma medindo 2 metros de comprimento, com um espaçamento de 0,6 metros entre as linhas e 0,25 metros entre as plantas. Os seguintes caracteres foram avaliados: altura de plantas (AP) e espiga (AE), incidência de doenças foliares (ID) e produtividade de grãos (PROD). As análises estatísticas foram realizadas por meio do software R, que permitiu estimar os parâmetros genéticos, correlações genotípicas e o ganho esperado com a seleção. A análise de deviance pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) a 1% de significância indicou que os caracteres AE, PROD e ID2 diferiram significativamente entre as progênies, exceto pelo caráter AP e ID1, que não apresentaram diferenças significativas. Para avaliar a precisão e qualidade experimental, foi calculada a acurácia seletiva, variando de 0,75 (P7) a 0,87 (P8) para PROD, o que é considerado de magnitude alta. Quanto a AE, não houve  $r\hat{g}\hat{g}$  na P4, e o maior valor foi de 0,69 (P6), classificado como de magnitude moderada. Para ID2, não houve  $r\hat{g}\hat{g}$  nas Populações (4, 7 e 8), e o maior valor foi de 0,59 (P6), também classificado como de magnitude moderada. As estimativas dos parâmetros genéticos revelaram a existência de variabilidade entre as populações, o que possibilita a seleção de genótipos superiores. A correlação genotípica foi significativamente positiva para PROD e AP na P2 (0,413), de magnitude moderada, e também na P6 (0,353) e P7 (0,358), mas de magnitude baixa. Quanto a AP e AE, houve correlação positiva significativa em todas as populações, com valores variando de 0,74 (P2) a 0,80 (P6), considerada de magnitude forte. A seleção direta permitiu a escolha de quatro populações (P4, P5, P6 e P7), a partir das quais foram selecionadas 10 progênies em cada população, usando uma intensidade de seleção de 20%. Isso resultou em ganhos com a seleção para o caráter PROD em torno de 995,42 (26,33%) para P4, 560,04 (16,19%) para P7, 410,77 (14,02%) para P6 e 40,22 (1,35%) para P5. As 10 progênies selecionadas demonstraram as melhores estimativas de ganho em produtividade de grãos, tornando-as promissoras para dar continuidade ao programa de melhoramento genético de milho.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Seleção. Linhagens promissoras. Melhoramento de Plantas.

## ABSTRACT

The present study aimed to evaluate 500 S0:1 maize progenies in order to select the best progenies based on genetic parameter estimates using mixed models approaches. The experiment was conducted at Muquém Farm, located at the Center for Scientific and Technological Development in Agriculture at the Federal University of Lavras (UFLA). A total of 500 progenies were analyzed, derived from 10 populations of the UFLA maize genetic improvement program, with 50 progenies from each population. For the purpose of comparing means, four partially inbred lines were used as controls. The experimental design adopted was Alpha lattice (12x42), with two replications, and plots consisting of two rows, each measuring 2 meters in length, with a spacing of 0.6 meters between rows and 0.25 meters between plants. The following traits were evaluated: plant height (AP) and ear height (AE), foliar disease incidence (ID), and grain yield (PROD). Statistical analyses were conducted using the R software, which allowed for the estimation of genetic parameters, genotypic correlations, and expected gains through selection. Deviance analysis via the likelihood ratio test (LRT) at a 1% significance level indicated that traits AE, PROD, and ID2 differed significantly among progenies, except for the trait AP and ID1, which did not show significant differences. To assess experimental accuracy and quality, selective accuracy was calculated, ranging from 0.75 (P7) to 0.87 (P8) for PROD, which is considered of high magnitude. As for AE, there was no  $r^2$  in P 4, and the highest value was 0.69 (P6), classified as moderate magnitude. For ID2, there was no  $r^2$  in Populations (4, 7, and 8), and the highest value was 0.59 (P6), also classified as moderate magnitude. The genetic parameter estimates revealed variability among populations, allowing for the selection of superior genotypes. Genotypic correlation was significantly positive for PROD and AP in P2 (0.413), of moderate magnitude, and also in P6 (0.353) and P7 (0.358), but of low magnitude. Regarding AP and AE, there was a significant positive correlation in all populations, with values ranging from 0.74 (P2) to 0.80 (P6), considered of strong magnitude. Direct selection allowed for the choice of four populations (P4, P5, P6, and P7), from which 10 progenies were selected in each population, using a selection intensity of 20%. This resulted in gains with selection for the PROD trait of approximately 995.42 (26.33%) for P4, 560.04 (16.19%) for P7, 410.77 (14.02%) for P6, and 40.22 (1.35%) for P5. The 10 selected progenies showed the best gain estimates in grain yield, making them promising for the continuation of the maize genetic improvement program.

Keywords: Zea mays L. Selection. Promising lines. Plant breeding.



## **LISTA DE FIGURAS**

Figura 1 - Correlação genotípica entre os caracteres nas dez populações de milho.....29

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Estimativa dos parâmetros genéticos para cinco variáveis em 10 populações (P1=2B810, P2=BM3066, P3=DKB310, P4=DK363, P5=K9555, P6=MG580, P7=MG652, P8=RB9077, P9=Sviptera e P10= SX7341BM).....	27
Tabela 2 - Medias Blup`s das populações e medias Blue das testemunhas. ....	31
Tabela 3 - Estimativas dos ganhos esperados com a seleção direta nas populações selecionadas com baseada nos valores Blups a 20% de intensidades de seleção.....	32

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>12</b>
<b>2 REFERÊNCIAL TEÓRICO .....</b>	<b>14</b>
<b>2.1 IMPORTÂNCIAS ECONÔMICA.....</b>	<b>14</b>
<b>2.2 MELHORAMENTOS GENÉTICO DO MILHO.....</b>	<b>15</b>
<b>2.3 COMPONENTES DE VARIÂNCIA GENÉTICA .....</b>	<b>16</b>
<b>2.4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS.....</b>	<b>17</b>
<b>2.5 AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES .....</b>	<b>18</b>
<b>2.6 USO DE MODELOS MISTOS .....</b>	<b>19</b>
<b>3 MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>21</b>
<b>3.1 ÁREA EXPERIMENTAL E GENÓTIPOS AVALIADOS .....</b>	<b>21</b>
<b>3.2 ANÁLISES ESTATÍSTICA .....</b>	<b>22</b>
<b>3.3. ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS.....</b>	<b>23</b>
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>25</b>
<b>4.1. PARÂMETROS GENÉTICOS.....</b>	<b>25</b>
<b>4.2. ANÁLISE DA CORRELAÇÃO GENOTÍPICA (R<sub>G</sub>) DOS CARACTERES.....</b>	<b>28</b>
<b>4.3. SELEÇÃO DIRETA E GANHO COM A SELEÇÃO .....</b>	<b>30</b>
<b>5 CONCLUSÕES.....</b>	<b>33</b>
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>34</b>

## 1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma cultura que possui grande importância econômica a nível mundial, sobretudo por ser caracterizada pelas suas diversas formas de utilização. Dentre essas, destacam-se a alimentação humana, animal e industrial, sendo que cerca de 70% de sua produção é destinada à alimentação animal (EMBRAPA, 2021). Atualmente, o Brasil é o terceiro maior produtor mundial de grãos de milho, com a produção estimada em torno de 125,5 milhões de toneladas nas safras 2022-2023 em uma área plantada de cerca de 21,97 milhões de hectares (CONAB, 2023).

A cultura do milho é a que mais se desenvolveu tecnologicamente nos últimos tempos, apresentando maior resposta em produtividade. Estas mudanças devem-se aos programas de melhoramento que buscam obter híbridos superiores com maiores respostas à aplicação de tecnologias e uso de práticas modernas no manejo (EMBRAPA, 2021).

Nota-se o aumento do consumo mundial, mas em contrapartida as restrições de expansão de áreas aráveis (ONU, 2012). Estas restrições devem-se ao crescimento populacional que aumenta significativamente, cuja projeção apresenta uma população superior a 9,5 bilhões de pessoas até 2050 (ONU, 2012). Em detrimento disso, salienta-se a necessidade de aumentar a produtividade de grãos nas áreas exploradas para subsidiar essa demanda populacional. Um dos meios viáveis, em termos econômicos, para contornar essa situação deve se dar através dos programas de melhoramento direcionados a obtenção híbrido com elevado potencial produtivo.

Os programas de melhoramento de milho têm como objetivo contribuir com o aumento na produção, lançando híbridos mais produtivos e adaptados às diferentes condições de cultivo. No mercado agrícola, salienta-se a melhora da qualidade dos grãos, o que impacta diretamente na qualidade dos alimentos (TESTER; LANGRIDGE, 2010). Para se obter sucesso em um programa de melhoramento de milho, que aspire desenvolver híbridos mais produtivos, é fundamental a identificação de populações promissoras para extração de linhagens superiores (LIMA; SOUZA; RAMALHO, 2000).

Para a obtenção de um híbrido superior depende-se, principalmente da escolha das populações as quais serão extraídas as linhagens (HALLAUER; CARENA; FILHO, 2010). As populações identificadas devem ter grande variabilidade genética, proporcionando a possibilidade de serem extraídas linhagens com constituições genéticas portadoras de alelos favoráveis para os caracteres desejáveis ao programa (ARAÚJO; NASS, 2002).

As progênies avaliadas apresentam variabilidade e possíveis contribuições genéticas para o melhoramento, uma vez que são oriundas de híbridos comerciais com elevadas estimativas de  $m + a^2 d$ , o que gera a possibilidade de fazer a seleção de progênies superiores para o uso em programa de melhoramento. Diante do exposto, o presente trabalho tem como objetivo avaliar 500 progênies  $S_{0:1}$  de milho, a fim de selecionar as melhores progênies com base nas estimativas dos parâmetros genéticos.

## 2 REFERÊNCIAL TEÓRICO

### 2.1 Importâncias econômica

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais de maior importância econômica mundial, destacando-se como uma das culturas mais produzidas e prestes a atingir a segunda maior marca de bilhões de toneladas, já mais vista na história. Na safra de 2022-2023 foi estimada a produção de 1,220 bilhões de toneladas, o que posiciona esta cultura como a de maior volume de produção mundial. O Brasil é o terceiro maior produtor do cereal, perdendo somente para a China e Estados Unidos, logo, destaca-se como um dos principais produtores de milho. A produção brasileira somada a da Argentina e União Europeia correspondem a 73,9% da produção mundial de milho (USDA, 2021).

No Brasil, a cultura é considerada como o alicerce do sistema produtivo, em virtude do seu cultivo em diversas épocas do ano. O milho está entre as três *commodities* mais produzidas no país, com área semeada correspondente a 21,97 milhões de hectares, atingindo uma produção de 125,5 milhões de toneladas e produtividade média de 5,443 toneladas/há (CONAB, 2023).

No que diz respeito à alimentação humana, o milho pode ser consumido diretamente, como farinha, polenta, cuscuz, fubá, canjica ou de forma *in natura* e indiretamente como componente na produção de chocolate, biscoitos, pães, cerveja e maionese. Assim, observa-se que o grão pode suprir boa parte das necessidades nutritivas da população, devido a presença de componentes como vitaminas, proteínas, lipídios, carboidratos e fibras (REGITANO-D'ARCE; SPOTO; CASTELLUCI, 2015).

A produção brasileira de etanol à base de milho, também vem crescendo significativamente nos últimos anos, atingindo na safra 2021-2022 uma produção de 3,36 bilhões de litros. Na safra 2022/2023 tem-se a estimativa de aumentar para 4,5 bilhões de litros, sendo a região Centro-Oeste responsável por 95% da oferta nacional do produto (CONAB, 2023).

No agronegócio, o milho tem uma grande participação, sendo responsável por 17,3% do total da exportação do setor de cereais. Em números tem-se que dos US\$ 10,22 bilhões exportados pelo agronegócio, US\$ 1,77 bilhão sejam referentes ao grão, despontando-o como sendo uma das maiores *commodities* do agronegócio.

## 2.2 Melhoramentos genético do milho

As pesquisas relacionadas ao melhoramento genético do milho iniciaram-se no início do século XX, com o desenvolvimento dos primeiros híbridos (CIB, 2006). O método básico para obtenção de sementes híbridas foi inicialmente proposto por Shull (1909). Este método consiste na obtenção de linhas puras, através do processo de sucessivas autofecundações, bem como na produção de sementes híbridas, a partir dos cruzamentos entre elas. Como resultado tem-se plantas superiores em virtude da restauração da heterozigose.

No entanto, as linhagens endogâmicas produziam baixas quantidades de semente, o que dificultava a produção comercial de sementes híbridas. Diante disso, esta questão foi ultrapassada por meio das proposições realizadas por Jones (1918), que sugeriam a utilização de híbridos duplos, resultantes do cruzamento entre dois híbridos simples, para a obtenção de sementes em larga escala e, como consequência de menor preço. Este método colaborou para a problemática da produção de sementes, tornando o processo de obtenção mais simples (FILHO; NASS, 2001). A partir disso, a utilização de híbridos de milho cresceu exponencialmente, conforme aponta Hallauer (1990), sobre o *Corn Belt* americano (cinturão do milho - EUA) que na década de 1950 foi quase totalmente semeado com híbridos duplos.

As primeiras pesquisas de milho no Brasil se iniciaram em 1932 no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e em 1935 na Universidade Federal de Viçosa (UFV). O primeiro híbrido duplo surgiu em 1946 e o híbrido simples no ano de 1952, buscando obter plantas superiores em termos de produtividade em comparação às variedades cultivadas na época. Neste momento, o Brasil passava a ser o segundo país a adotar a produção comercial de milho baseada em materiais híbridos (FANCELLI, 1994; BOREM; MIRANDA, 2013).

Atualmente, no mercado de sementes do Brasil, foram disponibilizados 98 híbridos para os produtores na safra 2022-2023, evidenciando ser um número reduzido de cultivares disponibilizadas para a comercialização, quando comparada a safra 2021/2022 que foram disponibilizadas 259 cultivares. No entanto, registrou-se um aumento no lançamento de novas cultivares em relação aos anos anteriores. Os híbridos simples representaram 50% do mercado de milho no Brasil, na safra 2021-2022 quanto às safras anteriores, os duplos representaram 1,16%; os triplos 1,93%, e as variedades com 2,70% do mercado (EMBRAPA, 2022).

### 2.3 Componentes de variância genética

O sucesso de um programa de melhoramento está diretamente associado à variabilidade genética presente nas populações selecionadas para estudos genéticos, sendo que no milho, os melhoristas têm esforços voltados para os caracteres quantitativos, sendo estes os principais caracteres de importância agrônômica (VENCOVSKY, 1987). Para selecionar populações com alto potencial produtivo é imprescindível estimar o efeito ambiental e o efeito genético da expressão dos caracteres em questão, por meio da estimação de componentes da variância e parâmetros genéticos (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

A maior complexidade genética está majoritariamente associada a erros experimentais e aos efeitos do ambiente que são frequentes, razão pela qual os melhoristas utilizam técnicas específicas durante os programas, com o intuito de separar e interpretar as variações genéticas e ambientais de forma precisa (VENCOVSKY, 1987). Os componentes de variância desempenham um papel fundamental no conhecimento da estrutura genética da população, na escolha dos métodos para avaliações nos programas de melhoramento, no número de ambientes a avaliar, número de repetições e na predição de progresso genético com a seleção (ROBINSON; COCKERHAM, 1965; VENCOVSKY, 1969; BOREM, 1998).

As estimativas de componentes de variância genética são divididas em: variância fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ) e variância ambiental ( $\sigma_e^2$ ). A variância genética resulta da soma dos efeitos genéticos aditivos, de dominância e epistáticos, dentre quais, a variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ) é a mais importante, pelo fato dela contribuir totalmente para a resposta à seleção (VENCOVSKY, 1987). Na seleção, a variância genética aditiva é a componente fundamental, em razão da semelhança entre parentes, além de ser a determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção (FALCONER; MACKAY, 1996).

A variância fenotípica pode ser separada em três componentes principais, sendo eles a variação causada pelo ambiente, variação produzida pelas diferenças na hereditariedade e variação gerada pelo efeito conjugado do meio ambiente e efeito da hereditariedade (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Nas estimativas das variâncias, quando a  $\sigma_g^2$  é superior a  $\sigma_e^2$ , Isso indica que  $\sigma_g^2$  é devido ao fator genético, o que possibilita realizar a seleção por meio do melhoramento genético, pois existe ampla variabilidade genética para a variável analisada. No entanto, se a  $\sigma_e^2$  for superior à  $\sigma_g^2$ , a  $\sigma_g^2$  deve-se à influência do fator ambiental, o que



dificulta a seleção, pois a variabilidade genética para a variável avaliada é menor (CRUZ et al., 2012).

#### 2.4 Estimativas de parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros genéticos geram informações sobre o potencial genético de indivíduos ou progênes, o tipo de ação dos genes em caracteres quantitativos a serem selecionados para o próximo ciclo de seleção, estimação dos progressos esperados na seleção, cuja utilização consiste na definição de métodos de melhoramento mais apropriados (RESENDE, 1991; FERNANDES et al., 2004; VENCOVSKY, 1969).

No melhoramento do milho, a obtenção de genótipos superiores baseia-se no caráter produção, que é o produto da interação de fatores genéticos, fisiológicos e ambientais. A complexidade de estudo desses fatores e a necessidade de fazer uma boa seleção requerem o desdobramento das estimativas de correlação genética (TAVARES et al., 1999). A correlação reflete o grau de associação entre duas variáveis, logo, seu conhecimento é importante, porque possibilita ao melhorista entender como a seleção para uma variável influencia na expressão de outras variáveis. Ademais, nos programas de melhoramento, além de melhoria de uma variável principal, busca-se o aprimoramento de outras variáveis da planta (CRUZ, REGAZZI e CARNEIRO 2012)

Os parâmetros genéticos são herdabilidade ( $h^2$ ), ganho genético esperado com seleção (GS), correlação fenotípica ( $r_P$ ), genotípica ( $r_G$ ) e ambiental ( $r_E$ ), coeficientes de variação fenotípica ( $CV_f$ ), coeficiente de variação genotípica ( $CV_g$ ), coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ) e o quociente de variação ( $b$ ) (CRUZ, REGAZZI e CARNEIRO 2012). A herdabilidade permite prever os possíveis ganhos com a seleção, pois se ela se expressa na proporção da variação fenotípica herdável, medindo a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo e o ganho de seleção é entendida como a alteração da média de uma ou mais características de uma população para níveis de interesse do melhorista (FERREIRA; MOREIRA; HIDALGO, 2009). Podendo ser considerada no sentido amplo ( $h^2_a$ ) e restrito ( $h^2_r$ ), onde  $h^2_a$  é estimada entre a razão das variâncias genética e fenotípica, e a  $h^2_r$  estimada entre a razão da variância aditiva e a fenotípica (CARVALHO et al., 2001).

A existência de variabilidade genética tem sido expressa e estimada pelo coeficiente de variação genética, que indica a magnitude da variação genética em relação à média do caráter, e são considerados altos quando têm valores acima de 7% (RESENDE, 1991;

SEBBENN et al., 1998). O índice  $b$ , quando apresenta valores próximos ou superiores a 1,0, indica situações favoráveis para a seleção (SANTOS et al., 2012). O  $CV_g$  permite comparar a variabilidade existente dentro da mesma população ou em diferentes populações para várias variáveis (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005).

O conhecimento da natureza e magnitude das correlações existentes entre os caracteres são muito importantes, uma vez que essas são avaliadas por meio de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais (RODRIGUES et al., 2010). A correlação fenotípica é estimada diretamente de medidas fenotípicas, resultante de causas genéticas e ambientais. No entanto, apenas a correlação genotípica, que correspondem a porção genética da correlação fenotípica, tem sido utilizada para orientar os programas de melhoramento, tendo em vista que trata-se da única de natureza herdável (FERREIRA et al., 2003).

A estimativa de correlação genética entre duas características tem sido causada pela pleiotropia, que é quando um loco é responsável pela expressão de mais de um caráter gerado pela ligação entre os *loci* que controlam os múltiplos caracteres. No caso de caracteres quantitativos, controlados por vários genes, ambos os fatores podem ser responsáveis pela ocorrência de correlação genética (FALCONER; MACKAY, 1996).

Os valores das correlações variam de -1 a 1, classificadas como fraca (abaixo de 0,4), moderada (0,4 a 0,7), forte (0,7 a 1) e perfeita (1), independente do sinal. Quando as  $r_P$  e  $r_G$  apresentaram boa concordância de sinais, entre as variáveis analisadas, há a indicação de que a contribuição dos fatores genéticos foi superior em relação aos fatores ambientais para a expressão fenotípica em relação às variáveis estudadas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Quando a  $r_E$  for significativa, isso aponta que as duas variáveis sofrem influências das condições ambientais, sendo positivo quando o efeito dessas variações for favorável e negativo quando desfavorável às duas variáveis, sincronicamente (SANTOS et al., 2012).

## **2.5 Avaliações de Progênes**

Desde os princípios dos trabalhos de pesquisas relacionados ao melhoramento de plantas, tem-se como uma das fases mais importantes do programa a avaliação de progênes, pois é nesta fase que os indivíduos geneticamente superiores são selecionados. Muitas alterações foram realizadas nas metodologias empregadas na avaliação ou teste de progênes, essencialmente na parte experimental. Estas modificações tiveram como objetivo

proporcionar ao melhorista a certeza na avaliação e principalmente na seleção dos melhores indivíduos, uma vez que muitos fatores interferem na seleção (GODOI, 1991).

As populações a serem selecionadas por meio da avaliação de progênies devem ser portadoras de alelos favoráveis para as características de interesse, dependendo do objetivo do programa de melhoramento, o que vai permitir a extração de linhagens com alto potencial de rendimento e que resultem numa maior expressão da heterose (HALLAUER; CARENA; FILHO, 2010). Para a obtenção de linhagens, o método mais empregado é a autofecundação das progênies selecionadas nas populações, que é a polinização dos estigmas da espiga com o pólen da própria planta, induzindo os indivíduos à homozigose causando a perda de vigor (VIÉGAS; FILHO, 1978).

## 2.6 Usos de modelos mistos

O sucesso dos programas de melhoramento genético está diretamente relacionado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão utilizados como genitores durante a hibridação (CRUZ; CARNEIRO, 2003). A identificação desses indivíduos portadores de alelos favoráveis é realizada a partir da avaliação dos candidatos à seleção (ROCHA et al., 2007).

A inferência sobre os genótipos, em qualquer uma das faces de um programa de melhoramento, deve ser com base nas médias genéticas e não fenotípicas, pois são médias genotípicas que serão expressas futuramente nos cultivares quando submetidas em condições de cultivos comerciais (BORGES et al., 2010). Para auxiliar nesta seleção, ou seja, na predição dos valores genéticos dos genótipos superiores, a abordagem de modelos mistos, como os métodos de estimação *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP) e *Restricted Maximum Likelihood* (REML) são considerados altamente eficientes.

O tratamento dos dados experimentais via abordagem de modelos mistos possibilita maior flexibilidade de análises e permite lidar melhor com o problema do desbalanceamento, uma vez que os tratamentos são estudados individualmente (ARNOLD et al., 2012). As principais vantagens do uso do método de modelos mistos na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos são: ser aplicável a dados desbalanceados; não requerer muita rigorosidade experimental; possibilitar o uso simultâneo de grande número de informações provenientes de diversos experimentos, tendo estimativas precisas; corrige os dados para os efeitos ambientais e prediz de forma precisa e não viciada os valores genéticos,

permitindo à maximização do ganho genético com a seleção; e por fim, detém menores variâncias e erros (IEMMA, 2003; ARNHOLD et al., 2009).

No melhoramento genético quando os efeitos de tratamentos são considerados aleatórios e efeitos ambientais são considerados fixos, em procedimentos REML/BLUP existe maior acurácia preditiva. Isso é pelo fato de que as predições dos efeitos aleatórios são impostas em direção à média geral, pelo efeito *shrinkage*, penalizando predições baseadas em pequenas amostras (RESENDE; DUARTE, 2007).

Com relação aos componentes de variância, estes têm uma importância fundamental no contexto de modelos mistos quando determinados pela máxima verossimilhança restrita (REML), pois é necessário a estimação precisa dos componentes de variância para aumentar a acurácia dos valores genéticos, possibilitando assim a identificar genótipos superiores (ARNHOLD et al., 2012).

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Áreas experimental e genótipos avaliados

O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras (UFLA), localizado no município de Lavras, no Estado de Minas Gerais. Este, possui uma altitude de 918 metros, coordenadas 21°14'30'' de latitude Sul e a 45°00'10'' de longitude Oeste, na safra de verão 2022-2023.

Nesta safra, foram avaliadas 500 progênies  $S_{0:1}$  oriundas de dez populações híbridos comerciais (P1=2B810, P2=BM3066, P3=DKB310, P4=DK363, P5=K9555, P6=MG580, P7=MG652, P8=RB9077, P9=Sviptera, P10= SX7341BM). A geração  $S_0$  de cada híbrido comercial foi autofecundado para gerar as progênies  $S_{0:1}$ , das quais foram retiradas 50 progênies de cada população. Foram utilizadas quatro linhagens parcialmente endogâmicas como testemunha, oriundas do programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Lavras. O delineamento experimental foi de Alfa látice (12x42) com duas repetições, as parcelas foram constituídas por duas linhas de 2m, com espaçamento de 0,6 m entre linhas e 0,25 m entre plantas, totalizando 16 plantas por parcela.

Os caracteres avaliados foram:

- Altura de planta (AP), que foi medida em cm em 3 plantas de cada parcela, sendo desde a superfície do solo até a curvatura da folha bandeira;
- Altura de espiga (AE), medida em cm em 3 plantas de cada parcela, desde a superfície do solo até a espiga superior;
- Incidência de doenças foliares (ID): foi utilizada a escala proposta por Agrocere (1996) adaptada, onde é dada uma nota geral para a parcela de 1 a 9, sendo nota 1 quando a ausência de sintoma das doenças na área foliar, 2-1% de sintomas, 3-2,5%, 4-5%, 5-10%, 6-25%, 7-50%, 8-75% e 9 para sintoma acima de 75% presentes na área foliar. A porcentagem da área foliar afetada foi feita considerando três folhas da planta (folha abaixo da espiga, folha da espiga e folha acima da espiga). As avaliações foram realizadas com 90 e 100 dias após a semeadura (DAS), considerando as seguintes doenças foliares: mancha branca (*Phaeosphaeria maydis* / *Pantoea ananatis*), mancha de diplodia (*Stenocarpella macrospora*), cercosporiose (*Cercospora zeaemaydis*) e helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*);

- Produtividade de grãos (PROD), que correspondeu ao peso total de grãos da parcela, em Kg/ha, após padronização dos resultados para 13% de umidade. Corrigido conforme a equação:

$$\text{PROD} = \left[ \text{PG original} \times \frac{(100 - \text{UD})}{87} \right] \times \left[ \frac{10}{\text{ÁREA ÚTIL}} \right] \quad (3.1)$$

Em que:

PROD: Peso de grãos corrigido para Kg/ha, a 13% de umidade;

PG original: Peso de grãos colhidos na parcela experimental (em Kg);

UD: Umidade de grãos da parcela;

ÁREA ÚTIL = CL x E e L x NL;

CL: Comprimento da linha (metros);

E e L: Espaçamento entre linhas (metro);

NL: Número de linhas que correspondem à parcela útil.

Na semeadura foram utilizados 350 kg ha<sup>-1</sup> do formulado comercial NPK correspondentes à 8-28-16, a adubação de cobertura foi realizada aos 25 dias após a semeadura, com 200 kg de ureia (45% N). Os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para a cultura.

### 3.2 Análises estatística

As análises estatísticas foram realizadas por meio do *Software R* (R CORE TEAM 2023), por meio do pacote lme4 (BATES et al., 2013), para estimação dos parâmetros e predições dos valores genéticos. O procedimento adotado no programa para a predição dos valores genéticos foi via BLUP, com uso das estimativas de variâncias obtidas via REML.

O modelo genético-estatístico utilizado, para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos foi:

$$\mathbf{Y}_{ijk} = \mathbf{m} + \mathbf{g}_i + \mathbf{r}_j + \mathbf{b}_{jk} + \mathbf{e}_{ijk} \quad (3.2)$$

Em que:

$\mathbf{Y}_{ijk}$  - é a variável de resposta do i-ésimo genótipo no k-ésimo bloco da j-ésima repetição;

$\mathbf{m}$  - é a interceptação;

$\mathbf{t}_i$  - é o efeito para o i-ésimo genótipo;

**r<sub>j</sub>** - é o efeito da j-ésima repetição;

**b<sub>jk</sub>** - é o efeito do k-ésimo bloco incompleto da j-ésima repetição;

**e<sub>ijk</sub>** - é o efeito do erro de plotagem correspondente a y<sub>ijk</sub>.

Foi realizada uma análise de *deviance* (ANADEV), a fim de testar a significância dos componentes de variância. Para a aplicação REML/BLUP é fundamental ter estimativas precisas dos componentes de variâncias (BORGES et al., 2010). Por meio dos componentes de variância foi empregado o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que a significância do modelo será avaliada pelo teste Qui-Quadrado com um grau de liberdade a 1% de probabilidade (RESENDE; DUARTE, 2007).

### 3.3. Estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos

Foram estimados os componentes da variância pelo método da máxima verossimilhança residual (REML). Para a avaliação da precisão experimental, foi estimado a acurácia seletiva ( $\hat{r}\hat{g}$ ), que foi determinada pelo seguinte estimador (HENDERSON, 1984):

$$\hat{r}\hat{g} = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\sigma_g^2}\right)} \quad (3.3)$$

Em que:

$\hat{r}\hat{g}$  - Acurácia seletiva;

*PEV* - Variância do erro de predição dos BLUP's;

$\sigma_g^2$  - Variância genotípica entre os tratamentos.

Também foi estimada a herdabilidade no sentido amplo ( $h^2$ ) pelo seguinte estimador:

$$h^2 = 1 - \frac{PPEV}{2\sigma^2} \quad (3.4)$$

Em que:

*PEV* - Variância do erro de predição dos BLUP's;

$\sigma_g^2$  - Variância genotípica entre os tratamentos.

As correlações genotípicas entre os caracteres foram estimadas a partir das predições BLUP de cada progênie (RESENDE e DUARTE 2007). Para o ganho genético esperado com a seleção (GS) foi estimado para o caráter produtividade numa intensidade de seleção de 20% por meio da seleção direta que permite que sejam escolhidas as características potenciais para

a seleção e para determinar o sentido da seleção (CRUZ, 2001). As estimativas do ganho esperado com a seleção em porcentagem da média (GS%) foram obtidas pelo seguinte estimador:

$$GS\% = \frac{h^2 \times ds}{M_0} \quad (3.5)$$

$h^2$  - herdabilidade do caráter;

$M_0$  - média original;

$ds$  - diferencial de seleção (Média dos genótipos selecionados -  $M_0$ ).



## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de *deviance*, por meio das estimativas dos componentes de variância associados as populações, constatou-se diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança (LRT), para os caracteres avaliados: altura da espiga (AE), produtividade de grão (PROD) e incidência de doenças foliares (ID2). Por outro lado, os caracteres altura da planta (AP) e incidência de doenças foliares (ID1) não apresentaram diferença significativa entre os tratamentos (Tabela 1).

### 4.1. Parâmetros genéticos

Para avaliar a precisão e qualidade experimental foi utilizado a acurácia seletiva ( $\hat{r}\hat{g}g$ ), um parâmetro de extrema importância na avaliação da precisão experimental, conforme definido por Resende e Duarte (2007). A acurácia seletiva reflete a correlação entre o valor genotípico real do tratamento genético e o valor previsto com base nas informações do experimento. Ela é classificada em uma escala que varia de 0,1 a 0,49 (magnitude baixa), 0,5 a 0,69 (magnitude moderada), 0,7 a 0,89 (magnitude alta) e valores acima de 0,9 (magnitude muito alta). É importante ressaltar que para estimar esse parâmetro, as populações devem apresentar uma variância genética ( $\sigma_g^2$ ) significativa.

No presente estudo, a estimativa da  $\hat{r}\hat{g}g$  variou de 0,75 (P7) a 0,87 (P8) para PROD, sendo considerada de magnitude alta. Para AE, não houve  $\hat{r}\hat{g}g$  na P 4, e o maior valor observado foi de 0,69 (P6), classificado como magnitude moderada. Em relação a ID 2, não foi observada  $\hat{r}\hat{g}g$  nas Populações (4, 7 e 8), sendo o maior valor encontrado de 0,59 (P6), também classificado como magnitude moderada (Tabela 1).

Esses resultados indicam que há uma boa confiabilidade na precisão experimental, o que permite a estimativa dos valores genotípicos com base nas informações experimentais. A ausência de  $\hat{r}\hat{g}g$  em algumas das populações se deve à falta de variância genética. Segundo Maes (2015), valores baixos de acurácia podem estar relacionados à ausência de variância entre os tratamentos e não à baixa precisão experimental.

Em relação a herdabilidade ( $h^2$ ), um dos parâmetros genéticos de elevada importância no melhoramento genético, devido à função preditiva, que indica a confiabilidade do valor fenotípico mediante ao valor genético (BORÉM; MIRANDA; NETO, 2017). O coeficiente da  $h^2$  varia de 0 a 1, sendo que valores abaixo de 0.2 são considerados de  $h^2$  baixa, valores entre

0.2 a 0.5  $h^2$  moderada e os valores acima de 0.5  $h^2$  alta (SILVEIRA et al., 2006). Nesse contexto, a  $h^2$  no sentido amplo para a PROD variou de 0.56 (P7) a 0.76 (P8), classificada como de magnitude alta. Quanto à AE, não houve estimativa de  $h^2$  na P4, e o maior valor, que foi de 0.47 para a P6 considerado de magnitude moderada. No caso de ID2, não houve estimativa de  $h^2$  nas populações 4, 7 e 8, sendo que o maior valor observado foi de 0.35 (P6), também classificado como de magnitude moderada (Tabela 1).

Esses resultados indicam que mais de 50% das variações do caractere PROD nas progênes dentro das populações são influenciadas pelas variações dos valores genéticos. Isso significa que os fenótipos das progênes refletem em grande parte seu genótipo, o que é altamente favorável para o melhoramento genético. Resultados semelhantes foram encontrados por Almeida (2018), que observou uma herdabilidade de magnitude alta para o caráter PROD, variando entre 74.6% e 80.17%, ao avaliar progênes S0:1 de milho com foco na textura farinácea dos grãos e na produtividade. Além disso, Daros et al. (2004), ao trabalhar com 222 famílias S1 de milho pipoca, encontrou uma  $h^2$  de 84,15% para o caractere peso dos grãos. Por outro lado, os caracteres AE e ID2 indicaram que grande parte de suas variações depende dos atributos fenotípicos apresentando valores baixos da  $h^2$ .

A variância genética ( $\sigma_g^2$ ) foi significativa a 1% de probabilidade nas populações P2, P4, P6, P7 e P8 para o caráter PROD, em relação a AE teve significância nas populações P6 e P8, e para o caráter ID2 somente na P6. De ressaltar que o efeito significativo observado para os caracteres PROD e AE indicam que as populações apresentaram variabilidade genética e possíveis contribuições genéticas para o melhoramento, condição essencial para continuidade do programa de melhoramento, o que já era esperado, visto que essas progênes são oriundas de híbridos comerciais com elevadas estimativas de  $m + a^2$ . A existência da variabilidade genética é indispensável para seleção das melhores populações, onde serão extraídas as linhagens para a produção de híbridos com elevado potencial produtivo.

Resultados similares foram encontrados por Simões (2021), no seu estudo sobre a seleção de progênes endogâmicas de milho tropical, tendo obtido a  $\sigma_g^2$  significativa para os caracteres PROD e AE. Silva et al. (2023) no seu estudo de parâmetros genéticos e seleção para múltiplas características em populações de seleção recorrente de milho, obtiveram  $\sigma_g^2$  significativas para PROD e AE, chegando a conclusão de que os resultados indicam a existência de variabilidade entre as progênes para as características avaliadas.

O coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ), indica a magnitude da variação genética em relação à média do caráter, é considerado alto quando têm valores acima de 7% (RESENDE,

1991; SEBBENN; KAGEYAMA; VENCOSVKY, 1998). Em relação a estimativa de  $CV_g$ , o caráter PROD apresentou maiores magnitudes no intervalo de 25.40 (P2) e 31.20 (P8). Os valores altos de  $CV_g$  de PROD pode ser explicado, pela maior estimativa da  $\sigma_g^2$  causada pela endogamia nos lócus com efeito de dominância (DIOCLÉCIO et al., 2009). Para AE os valores variaram de 7.7 (P7) e 8.58 (P6) sendo considerado valores intermédios, enquanto para ID2 teve valores muito baixos do  $CV_g$ , evidenciando as menores contribuições da variação genética em relação ao fenotípico. As estimativas deste parâmetro em geral foram altas para os caracteres PROD e AE, o que indica a existência de variabilidade genética suficiente para a seleção.

Resultados similares foram encontrados por Prado et al. (2016) quando avaliavam progênies de meios-irmãos do primeiro ciclo de seleção recorrente interpopulacional em milho, onde obteve maiores valores do  $CV_g$  para o caractere PROD. Em Dioclécio et al. (2009) quando estudavam a variabilidade genética em famílias S1 de diferentes populações de milho, onde observou-se que os valores de AP estiveram próximos de 6%, enquanto para AE valores estavam próximos de 8%.

**Tabela 1** - Estimativa dos parâmetros genéticos para cinco variáveis em 10 populações (P1=2B810, P2=BM3066, P3=DKB310, P4=DK363, P5=K9555, P6=MG580, P7=MG652, P8=RB9077, P9=Sviptera e P10= SX7341BM).

Populações	Parâmetros	PROD	AP	AE	ID1	ID2
P1	$\sigma_g^2\%$	25.6	13.6	4.12	7.63	0
	$h^2$	0.38	0.24	0.09	0.16	–
	$\hat{r}\hat{g}g\%$	0.62	0.49	0.29	0.4	–
	$CV_g$	18.30	4.61	3.60	2.40	0.00
P2	$\sigma_g^2\%$	58.4*	13.6	25	19.3	3.05
	$h^2$	0.74	0.24	0.43	0.36	0.07
	$\hat{r}\hat{g}g\%$	0.86	0.49	0.66	0.6	0.26
	$CV_g$	25.40	4.38	8.13	5.50	1.56
P3	$\sigma_g^2\%$	17	3.7	5.88	0	0
	$h^2$	0.28	0.07	0.12	0	–
	$\hat{r}\hat{g}g\%$	0.53	0.27	0.35	0	–
	$CV_g$	15.50	2.46	3.93	0.00	0.00
P4	$\sigma_g^2\%$	57.50*	12.26	0	0	0
	$h^2$	0.70	0.12	0	–	0
	$\hat{r}\hat{g}g\%$	0.83	0.51	0	–	0
	$CV_g$	29.60	4.08	0	0.00	0.00
P5	$\sigma_g^2\%$	11.6	5.62	17.4	0	0
	$h^2$	0.21	0.11	0.37	–	–
	$\hat{r}\hat{g}g\%$	0.45	0.33	0.61	–	–

	$CV_g$	9.66	3.17	7.61	0.00	0.00
P6	$\sigma_g^2\%$	45.8*	25.2	27.3*	0	20.9*
	$h^2$	0.61	0.42	0.47	–	0.35
	$\hat{r}\hat{g}g\%$	0.78	0.65	0.69	–	0.59
	$CV_g$	21.40	6.53	8.58	0.00	4.66
P7	$\sigma_g^2\%$	42.7*	24.8	21.2	3.27E-08	0
	$h^2$	0.56	0.40	0.38	0	–
	$\hat{r}\hat{g}g\%$	0.75	0.63	0.62	0	–
	$CV_g$	26.00	5.73	7.07	0.00	0.00
P8	$\sigma_g^2\%$	63.9*	24.4	24.5*	0	0
	$h^2$	0.76	0.39	0.44	0	–
	$\hat{r}\hat{g}g\%$	0.87	0.63	0.66	0	–
	$CV_g$	31.20	5.41	8.19	0.00	0.00
P9	$\sigma_g^2\%$	19.5	18.5	9.84	0	28.8
	$h^2$	0.32	0.34	0.22	–	0.47
	$\hat{r}\hat{g}g\%$	0.57	0.58	0.47	–	0.69
	$CV_g$	14.70	5.36	5.73	0.00	4.68
P10	$\sigma_g^2\%$	27.9	17.3	3.71	0	15.9
	$h^2$	0.43	0.3	0.08	–	0.3
	$\hat{r}\hat{g}g\%$	0.65	0.54	0.28	–	0.54
	$CV_g$	16.90	4.14	2.91	0.00	3.34

Nota: \*- significativo a 1% de probabilidade pelo teste REML. PG - Produtividade de grãos (kg/ha), AP - altura da planta (cm), AE - altura da espiga (cm), e ID1- incidência de doenças foliares aos 90 dias após a semeadura, ID2-incidência de doenças foliares aos 100 dias após a semeadura.  $\sigma_g^2$ - Variância genética;  $h^2$ - Herdabilidade;  $\hat{r}\hat{g}g\%$  - Acurácia em nível de progênies;  $cv_g$ -Coeficiente de variação genética.

Fonte: Do autor (2023).

#### 4.2. Análise da correlação genotípica ( $\hat{r}_G$ ) dos caracteres

Em relação as populações no geral, a PROD apresentou  $\hat{r}_G$  significativa positiva com a AP e AE, com os valores em torno de 0,138 e 0,096, considerados de magnitude baixa, respectivamente. A nível individual, a população P 2 teve uma  $\hat{r}_G$  significativa positiva para PROD e AP com o valor de 0,413 de magnitude moderada e nas populações P 6 e P7 a  $\hat{r}_G$  foi significativa positiva para PROD e AP com valores de 0,353 e 0,358 consideradas de magnitude baixa (Figura 1). Estes resultados sugerem que plantas altas apresentam melhores produtividades de grãos. Segundo Silva et al. (2006), plantas maiores tendem a ser mais produtivas, provavelmente por acumularem maiores quantidades de reservas no colmo.

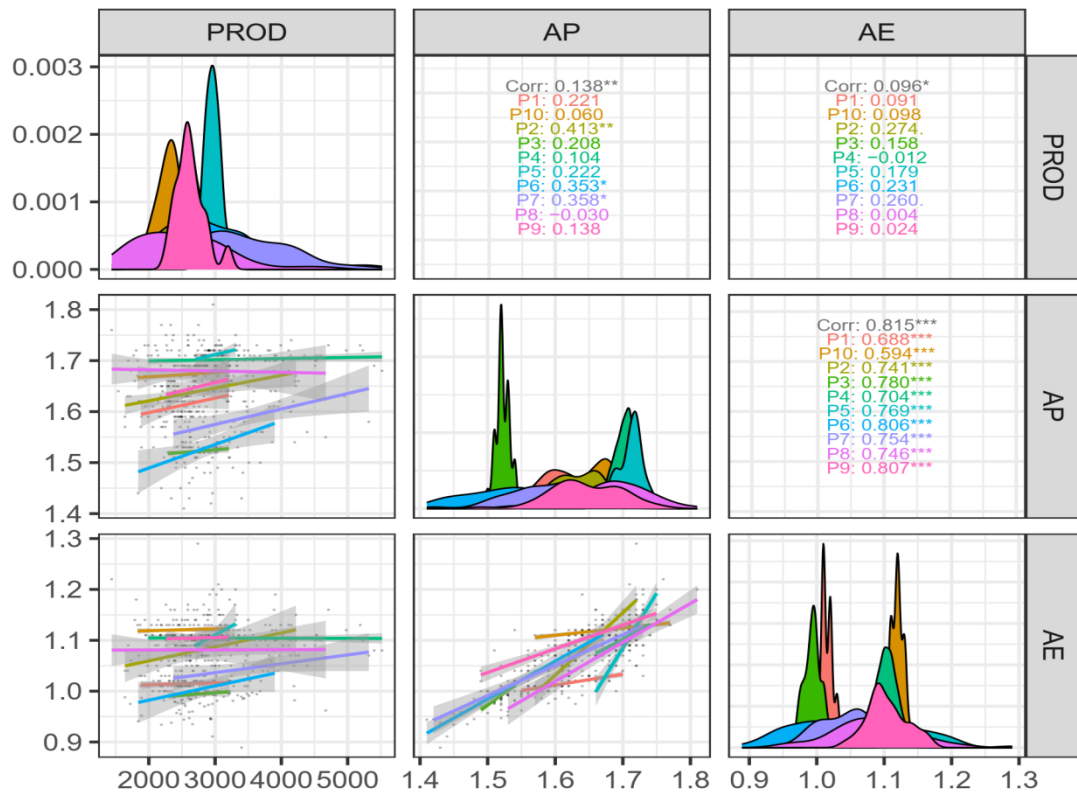
No entanto, Moraes e Brito (2017) discutem que plantas mais altas utilizam mais nutrientes durante o crescimento vegetativo ao invés de utilizá-los na fase reprodutiva, resultando em nutrição tardia da espiga. Além disso, os programas de melhoramento

geralmente buscam genótipos mais baixos e com menor altura da espiga que facilitam a produção de sementes híbridas mecanizadas. Resultados similares foram encontrados por Souza et al., (2008) que obtiveram  $\hat{r}_G$  baixa entre PROD e AP (0,11) e PROD e AE (0,02) quando avaliava 100 progênies de meios irmãos de variedades local em campos dos Goytacazes.

Em a  $\hat{r}_G$  entre AP e AE foi significativamente positiva em todas as populações com os valores no intervalo de 0.741 (P2) e 0.806 (P6), considerados de magnitude forte. Estes resultados indicam que plantas com maiores alturas de planta apresentam consequentemente maiores alturas das espigas, isto é, muitos dos genes responsáveis pela determinação da altura da planta estão envolvidos simultaneamente na determinação da altura de espiga.

Os caracteres AE e AP , para além de estarem correlacionadas entre si , apresentam  $\hat{r}_G$  positiva com PG nas mesmas populações (P2, P6, P7), evidenciando que alguns genes responsáveis tanto no desenvolvimento de plantas com maiores AP como maiores AE estão em parte relacionados a plantas com maiores PROD. Paterniani (1968), citado por Cruz (2001), verificou que plantas com maiores AP tendiam a ter maior AE e também maior PROD, já que elas possuíam maior número de folhas que estaria associado à produção. Resultados similares foram encontrados por Silva (2018), Dao et al. (2017) e Nzuve et al. (2014) em seus trabalhos com a cultura de milho.

**Figura 1** - Correlação genotípica entre os caracteres nas dez populações de milho.



Nota: \*\*\*, \*\*, \*: significativo a 0.001, 0.01 e 0.05 pelo teste t, respectivamente. PROD- produtividade de grãos, AP- altura da planta, AE- altura da espiga.

Fonte: Do autor (2023).

### 4.3. Seleção direta e ganho com a seleção

A seleção direta foi realizada para o caractere PROD, conforme recomendado por Cruz (2001). O autor diz que quando se pretende selecionar apenas um caráter, é recomendável o uso da seleção direta, a menos que a herdabilidade do caráter desejado seja muito baixa ou seja de difícil mensuração. Nesse caso, pode-se utilizar a seleção em uma característica secundária que tenha alta  $h^2$  e seja altamente correlacionada com a característica que se deseja melhorar. No presente estudo, o caractere PROD apresentou herdabilidades de magnitudes moderadas e altas, o que possibilitou a seleção direta. Das dez populações avaliadas, foram selecionadas quatro que apresentaram médias elevadas para o caractere PROD: P4 (3700 kg/ha), P7 (3410 kg/ha), P5 (2950 kg/ha) e P6 (2910 kg/ha). O teste t de comparação de médias não revelou significância entre as testemunhas e as progênies nas populações, em relação a todos os caracteres avaliados.

**Tabela 2** - Medias Blup`s das populações e medias Blue das testemunhas.

Populações	PROD			ID2
	(kg/há)	AP (cm)	AE (cm)	(dias)
<b>4</b>	<b>3700</b>	<b>1.69</b>	<b>1.09</b>	<b>5.77</b>
<b>7</b>	<b>3410</b>	<b>1.59</b>	<b>1.04</b>	<b>5.81</b>
<b>5</b>	<b>2950</b>	<b>1.7</b>	<b>1.11</b>	<b>5.72</b>
<b>6</b>	<b>2910</b>	<b>1.54</b>	<b>1.02</b>	<b>5.73</b>
9	2660	1.64	1.1	5.69
3	2630	1.53	1.00	5.72
2	2620	1.63	1.08	5.86
8	2520	1.67	1.07	5.71
1	2510	1.62	1.02	5.72
10	2350	1.67	1.11	5.72
Test1	1912.61	1.52	0.94	5.42
Test2	2743.38	1.47	1.01	5.54
Test3	2911.22	1.38	0.89	5.47
Test4	1861.87	1.47	0.10	5.65
Pr(>F)	0.67ns	0.27ns	0.55ns	0.78ns

Nota: diferenças entre médias das populações e das testemunhas não significativas pelo teste f.

Fonte: Do autor (2023).

Os ganhos com a seleção foram calculados levando em consideração a seleção para o aumento da Produção (PROD) nas quatro populações selecionadas, com uma intensidade de seleção de 20%, o que permitiu a seleção de 10 progênies para cada população (Apêndices A e B). A seleção direta proporcionou ganhos na PROD de aproximadamente 995,42 (26,33%) para P4, 560,04 (16,19%) para P7, 410,77 (14,02%) para P6 e 40,22 (1,35%) para P5 (Tabela 3). De acordo com Cruz et al. (2012), a seleção em uma única característica pode ocasionalmente causar alterações indesejadas em outros caracteres não considerados. Resultados semelhantes aos do presente trabalho foram obtidos por Silva (2020), que observou em seu estudo sobre estratégias de seleção de milho doce por fenotipagem convencional e de alto desempenho, que a seleção direta para a PROD possibilitou um ganho de 11,65%. Melo et al. (2019) ao trabalharem com a seleção de progênies de meios-irmãos de milho para a segunda safra no sul do Tocantins, também alcançaram ganhos com a seleção direta para o caractere PROD, atingindo 24%.

**Tabela 3** - Estimativas dos ganhos esperados com a seleção direta nas populações selecionadas com baseada nos valores Blups a 20% de intensidades de seleção.

Parâmetros	P4	P5	P6	P7
MS	5203.00	3166.00	3603.00	4460.00
MG	3780.97	2974.47	2929.60	3459.93
DS	1422.03	191.53	673.40	1000.07
$h^2$	0.70	0.21	0.61	0.56
GS	995.42	40.22	410.77	560.04
GS (%)	26.33	1.35	14.02	16.19

Nota: MS - média dos selecionados, MG - média geral, DS=diferencial de seleção,  $h^2$  - GS = ganho de seleção e GS (%) - Ganho de seleção percentual, P4-DKB363, P5-K9555, P6-MG580 e P7-MG652.

Fonte: Do autor (2023).



## **5. CONCLUSÕES**

As estimativas dos parâmetros genéticos demonstraram a existência de variabilidade entre as progênes possibilitando a seleção de genótipos superiores.

A seleção direta com base no caráter produtividade de grão permitiu ganhos expressivos.

Foram selecionadas dez progênes dentro de cada população selecionada (P4, P5, P6 e P7), que mostraram ser promissoras para dar continuidade ao programa de melhoramento de milho.

## REFERÊNCIAS

- ARAÚJO, P. M.; L. L. NASS. Caracterização e avaliação de milho crioulo. **Scientia Agrícola**, v. 59, n. 03, p. 589-593, 2002.
- ARNHOLD, E.; MORA, F.; PACHECO, C. A. P.; CARVALHO, H. W. L. de. Prediction of genotypic values of maize for the agricultural frontier region in northeastern Maranhão, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 2, p. 151-155, 2012.
- ARNHOLD, E.; MORA, F.; SILVA, R. G.; GOOD-GOD, P. I. V.; RODOVALHO, M. A. Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. **Chilean Journal Of Agricultural Research**, v. 69, n. 1, p. 46-53, 2009.
- MELO, A. V. de; SANTOS, V. M; TAUBINGER, M.; COSTA, R. C. da; SANTOS, M. P. de A.; Seleção de progênies de meios-irmãos de milho para condição de segunda safra no sul do Tocantins. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, v. 12, n. 1, p. 59-68, 2019.
- BATES, D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. et al. lme4: Linear mixed effects models using Eigen and S4. R package version 1.0-5. 2013. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/lme4/lme4.pdf>. Acesso em: 23 maio. 2023.
- BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. 2.ed. Viçosa: Editora UFV, 1998. 453p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. Ed. Viçosa: UFV, 2013. 816p
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; NETO, R. F. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: UFV, 2017. 543 p.
- BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.
- ALMEIDA, B. K. da S. **Avaliação de progênies  $s_{0:1}$  de milho visando grãos de textura farinácea e produtividade**. 2018. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2018.
- CARVALHO, F. I. F.; SILVA, S. A.; KUREK, A. J.; MARCHIORO, V. S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPEL, 2001. P.99.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira –grãos**: Estimativas em Agosto de 2022 –safra 2020/2021 e 2021/2022. Brasília, 2023. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 05 março. 2023.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira – grãos**: Sétimo levantamento, abril 2021 – safra 2020/2021. Brasília, 2021. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 17 jul. 2022.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012, 514 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003, 585 p.

CRUZ, E. M. **Seleção de famílias de milho-pipoca avaliadas com testemunhas intercalares**. 2001. Tese (Pós-Graduação em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2001.

DAO, A.; SANOU, J.; TRAORE, E. V. S.; GRACEN, V.; DANQUAH, E. Y. Selection of Drought Tolerant Maize Hybrids Using Path Coefficient Analysis and Selection Index. **Pakistan Journal Of Biological Sciences**, v. 20, p.132-139, 2017.

DAROS, M.; JÚNIOR, A. T. do A.; PEREIRA, M. G.; SANTOS, F. S.; GABRIEL, A. P. C.; SCAPIM, C. A.; JÚNIOR, S. de P. F.; SILVÉRIO, L. Recurrent selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, v. 61, n. 6, p. 609-614, 2004.

SILVA, D. A. da; VITORINO, A. C. T.; SOUZA, L. C. F. de; GONÇALVES, M. C.; ROSCOE, R. Culturas antecessoras e adubação nitrogenada na cultura do milho, em sistema plantio direto. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 5, n. 1, p. 75-88, 2006.

Garbuglio; D. D.; FILHO, J. B. de M. Variabilidade genética em famílias S1 de diferentes populações de milho. **Acta Scientiarum**, v. 31, n. 2, p. 209-213, 2009.

EMBRAPA, EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **O programa de melhoramento de milho do centro nacional de pesquisa de milho e sorgo**. Sete Lagoas, 2022. Disponível em: <https://www.embrapa.br/milho-e-sorgo/apresentacao>. Acesso em: 27 Maio. 2023.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4. ed., Harlow: Addison-Wesley Longman, 1996.

FANCELLI, A. L. Tecnologia da produção do milho para alta produtividade. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura e Luiz de Queirós, Universidade de São Paulo, 1994, 222p.

FERREIRA, E. A.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B.; SAWAZAKI, E.; FILHO, J. A. de A.; GUIMARÃES, P. de S. Desempenho de híbridos top crosses de linhagens S3 de milho em três locais do estado de São Paulo. **Bragantia**, v. 68, n. 2, p. 319–327, 2009.

FERREIRA, M. A. J. F.; QUEIROZ, M. A.; BRAZ, L.T.; VENCOVSKY, R. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, v. 21, n. 3, p. 438-442, 2003.

GODOI, R. E. Z. **Avaliação de Progenies de milho (*Zea Mays L.*) utilizando testemunha intercalar**. 1991. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1991.

- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. D. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer Science & Business Media, 2010.
- HALLAUER, A. R.. **Methods used in developing maize inbreds**. Bergamo: Maydica, 1990.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **GENETICS**, v. 28, n. 6, p. 476-490.
- IEMMA, M. **Uso do melhor preditor linear não viesado (Blup) em análises dialélicas e predição de híbridos**. 2003. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agrícola) - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.
- INSTITUTO DE PESQUISA ECONOMICA APLICADA. **Indicador Ipea mensal de FBCF – resultado de maio de 2023**. 2023. Disponível em: <https://www.ipea.gov.br/cartadeconjuntura/index.php/2023/07/>, 2023. Acesso em: XX xx 2023.
- JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Bulletin of the Connecticut Agricultural Experimental Station**, v. 4, n. 8, p. 246-250, 1918.
- LIMA, M. W. O. P., E. A. SOUZA, e M. A. P. . RAMALHO. Procedimentos para a escolha de populações de milho para a extração de linhagens. **Bragantia**, v. 59, n. 2, p. 153-158, 2000.
- MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L. Híbridação no melhoramento. *In*: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento plantas**. 1. ed. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p. 603-628.
- MORAES, D. F.; BRITO, C. H. Análise de possível correlação entre as características morfológicas do colmo do milho e o acamamento. **Horizonte Científico**, v. 2, n. 2, p. 1439–1452, 2008.
- NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis, Fundação MT, 2001.
- NZUVE, F., S.; GITHIRI, D. M.; MUKUNYA; GETHI, J. Genetic Variability and Correlation Studies of Grain Yield and Related Agronomic Traits in Maize. **Journal of Agricultural Science**, v. 6, n. 9, p. 166-176, 2014.
- ONU. **United Nations, Department of economic and social affairs**. The United Nations, Population Division, Population Estimates and Projections Section. 2012. Disponível em: <https://www.un.org/en/development/desa/publications/world-population-prospects-the-2012-revision.html>. Acesso em 03/04/2023.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. *In*: **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 217-264
- PRADO, M. C. do; ALMEIDA, R. V. de; OLIVEIRA, J. C. Avaliação de Progênes de Meios-Irmãos do Primeiro Ciclo de Seleção Recorrente Intrapopulacional em Milho. *In*:

Congresso nacional de milho e sorgo - Milho e Sorgo: inovações, mercados e segurança alimentar. 31., 2016, Bento Gonçalves. **Anais** [...]. Bento Gonçalves, 2016. p. 1281.

QUEIROZ, L. G. C. de. **Desempenho de progênies parcialmente endogâmicas de milho em cruzamento top-cross**. 2022. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2022.

R CORE TEAM. **A Language and Environment for Statistical Computing**. R: Computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, 2023. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 07 junho. 2023.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005.

REGITANO-D'ARCE, M. A. B.; SPOTO, M. H. F.; CASTELLUCCI, A. C. L. Processamento e industrialização do milho para alimentação humana. **Revista Visão Agrícola**, n. 13, p. 138-140, 2015.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C. C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. **Fitotecnia Latino Americana**, v. 2, p. 23-28, 1965.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos, utilizando REML/ BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007.

SANTOS, A. dos; CECCON, G.; CORREA, A. M.; DURANTE, L. G. Y.; REGIS, J. A. V. B. Análise genética e de desempenho de genótipos de feijão-caupi cultivados na transição do cerrado-pantanal. **Revista Cultivando o Saber**, v. 5, n. 4, p. 87-102, 2012.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; VENCOSVKY, R. Variabilidade genética, sistema reprodutivo e estrutura genética espacial em *Genipa americana* L. através de marcadores isoenzimáticos. **Scientia Forestalis**, v. 53, p. 15-30, 1998.

SHULL, G. H. A pure-line method in corn breeding. **American Breeders Association**, v. 5, n. 1, p. 51-59, 1909.

SILVA, E. M. da. **Estimação de parâmetros genéticos em populações de seleção recorrente em milho**. 2018. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2018.

SILVA, E. M. da; GUEDES, M. L.; FILHO, A. J. C.; CIAPPINA, A. L.; REIS, E. F. dos; RESENDE, M. P. M. Genetic parameters and selections for multiple traits in recurrent selection populations of maize. **Ceres**, v. 70, n. 3, p. 81-09, 2023.

SILVA, M. F. **Estratégias de seleção de milho doce por fenotipagem convencional e de alto desempenho.** Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2020.

SILVEIRA, G. D.; MAURO, A. O. di; CENTURION, M. A. P. da C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal (SP) (Ano agrícola 2003-2004). **Científica**, v. 34, n. 1, p. 92-98, 2006.

SIMÕES, E. L. **Seleção de progenies de milho tropical com base nos cruzamentos com testadores de base genética estreita.** Dissertação (Pós Graduação em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2021.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.

SOUZA, A. R. R. e S.; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; FERREIRA, P. L. Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. **Caatinga**, v. 21, n. 4, p. 183-190, 2008.

TESTER, M.; LANGRIDGE, P. Breeding Technologies to Increase Crop Production in a Changing World. **Science**, v. 327, n. 5967, p. 818-822, 2010.

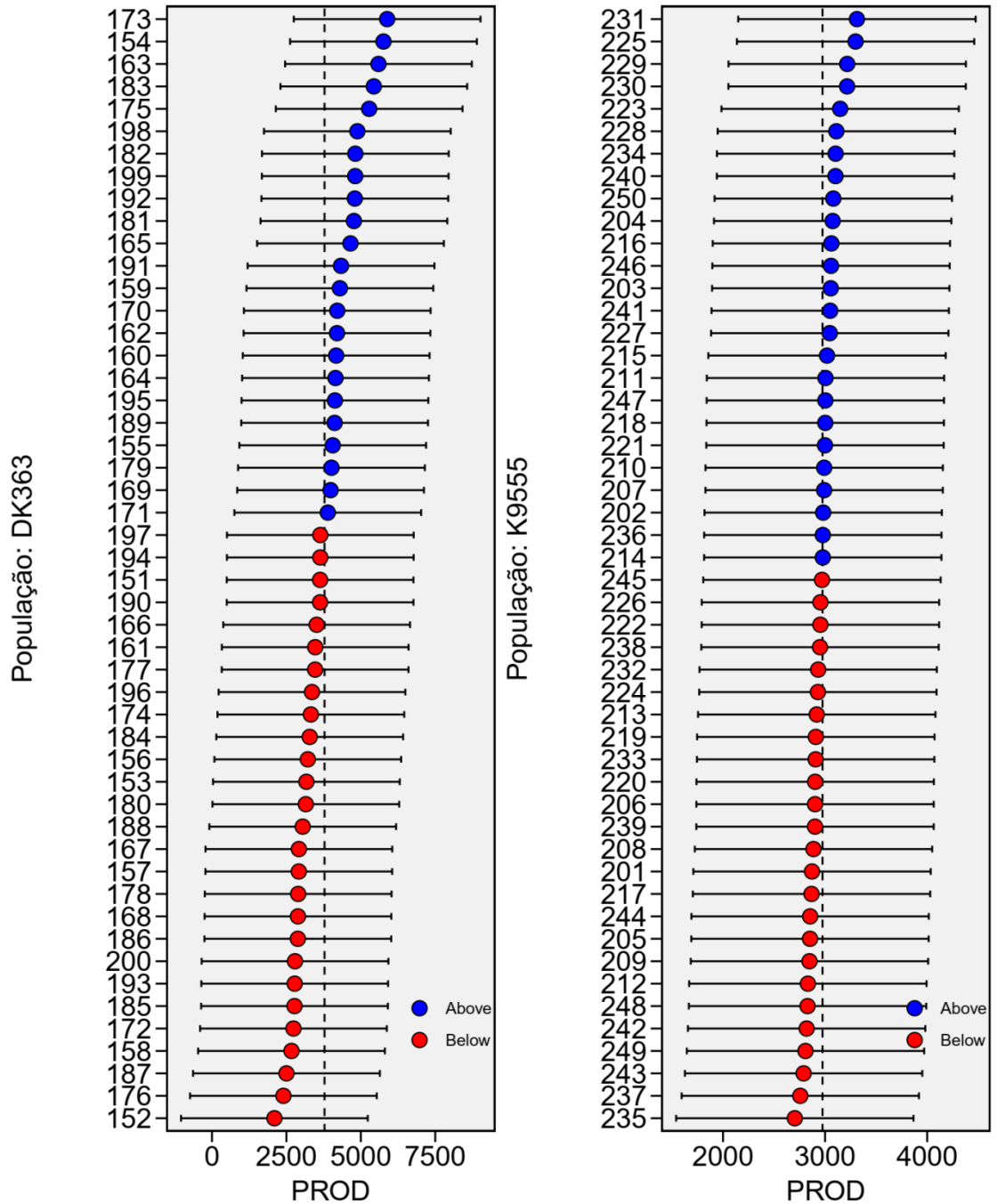
UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World Agricultural Production.** Washington, 2021. Disponível em: <http://www.usda.gov>. Acesso em: 13 abr. 2022.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. *In: Melhoramento e genética.* São Paulo: EDUSP, 1969. p. 17-37.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. *In: Melhoramento e produção do milho.* Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** 1. ed. Ribeirão Preto: SBG, 1992, 496p.

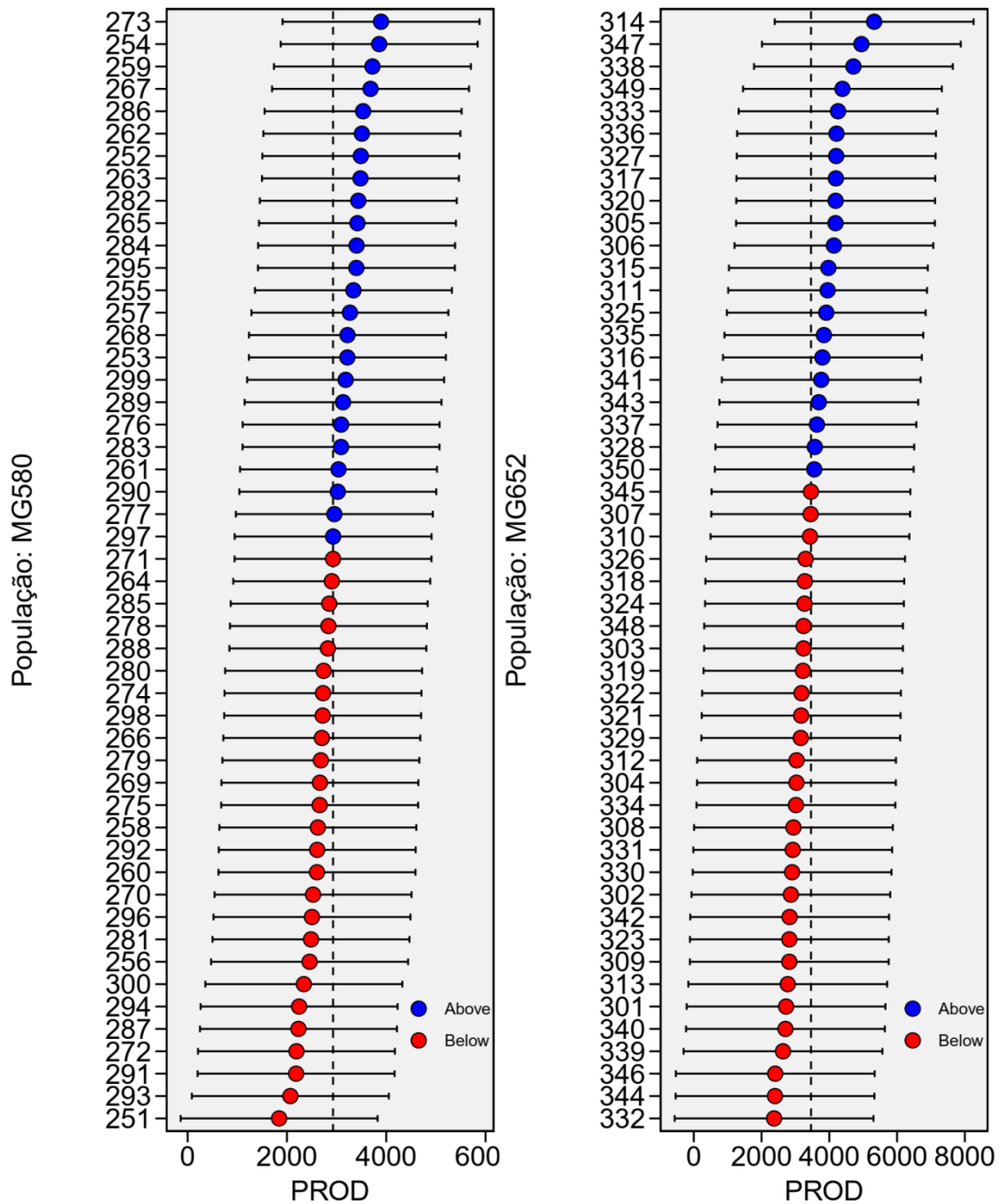
**APÊNDICE A** - Ranqueamento das progênies de cada população selecionada (P4- DK363 e P5-K9555), com base nos valores genéticos individuais para o caráter produtividade (kg/ha).



Nota: As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança. \*Significativos a 1% pelo erro padrão. As bolinhas em vermelho são as progênies selecionadas, que estão acima da média geral.

Fonte: Do autor (2023).

**APÊNDICE B** - Ranqueamento das progênies de cada população selecionada (P6-MG580 e P7-MG652), com base nos valores genéticos individuais para o caráter produtividade (kg/ha).



Nota: As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança. \*Significativos a 1% pelo erro padrão. As bolinhas em vermelho são as progênies selecionadas, que estão acima da média geral.

Fonte: Do autor (2023).