



Parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos via REML/BLUP em famílias de meios-irmãos de milho tradicional

Luan de Oliveira Nascimento^{1*}, Vanderley Borges dos Santos², Fabricio Rivelli Mesquita², Jaqueline Souza da Costa³, Antônia Fabiana Barros de Lima⁴, Cosme Damião Cruz⁵, Marcos Deon Vilela de Resende⁶

¹Técnico em Agropecuária da Universidade Federal do Acre, Centro Multidisciplinar, Cruzeiro do Sul, Acre, Brasil. ²Professor da Universidade Federal do Acre, Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Rio Branco, Acre, Brasil. ³Discente da Universidade Federal do Acre, Curso de Bacharelado em Engenharia Agrônoma, Cruzeiro do Sul, Acre, Brasil, ⁴Mestra em Ciência, Inovação e Tecnologia para Amazônia da Universidade Federal do Acre, Rio Branco, Acre, Brasil. ⁵Professor da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. ⁶Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Colombo Paraná, Brasil. *luan17czs@yahoo.com.br

Recebido em: 05/03/2023

Aceito em: 09/10/2023

Publicado em: 30/12/2023

DOI: <https://doi.org/10.29327/269504.5.2-3>

RESUMO

O estudo propôs estimar componentes de variância e parâmetros genéticos por REML/BLUP em famílias de meio-irmãos de milho tradicional, para prever as melhores famílias. O trabalho foi conduzido no delineamento em blocos casualizados com 14 genótipos e duas repetições. As parcelas foram constituídas por três linhas com 5 m de comprimento, em espaçamento de 0,80 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, onde a fileira central foi considerada como área útil da parcela. Os genótipos foram obtidos a partir da seleção de famílias de meios-irmãos de uma variedade de milho tradicional que anteriormente foi submetida a dois ciclos de seleção massal. As características avaliadas foram: altura de planta (AP), altura de inserção da espiga (AIE), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), número de fileiras de grãos (NFG), número de grãos por fileira (NGF), massa de espiga (ME) e massa de grãos (MG). Os componentes de variância, parâmetros genéticos e valores genotípicos preditos foram obtidos pela metodologia REML/BLUP. Assim, observou-se que houve presença de genótipos superiores entre as famílias. O AP, AIE, CE, ME e MG apresentaram maior expressão genética. Contudo, as famílias com melhor progresso genético foram L1531, L2032 e L723.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Modelos mistos. Progresso genético.

Genetic parameters and prediction of genotypic values via REML/BLUP in families of half-sibs of traditional maize

ABSTRACT

The study proposed to estimate variance components and genetic parameters by REML/BLUP in traditional maize half-sib families, to predict the best families. The work was conducted in a randomized block design with 14 genotypes and two replications. The plots consisted of three rows 5 m long, spaced 0.80 m between rows and 0.20 m between plants, where the central row was considered the useful area of the plot. The genotypes were obtained from the selection of half-sib families of a traditional maize variety that was previously submitted to two rounds of mass selection. The evaluated traits were: plant height (AP), ear insertion height (IEA), ear length (EC), ear diameter (DE), number of grain rows (NFG), number of grains

per row (NGF), ear mass (ME) and grain mass (MG). The variance components, genetic parameters and predicted genotypic values were obtained using the REML/BLUP methodology. Thus, it was observed that there was presence of superior genotypes among the families. AP, AIE, EC, ME and MG showed higher gene expression. However, the families with the best genetic progress were L1531, L2032 and L723.

Keywords: *Zea mays* L. Mixed models. Genetic progress.

INTRODUÇÃO

O milho possui alto valor energético e representa matéria prima de baixo custo relativo utilizado de forma direta e indireta na alimentação humana e animal, assim como em diversos segmentos industriais. A espécie detém uma posição de destaque entre as culturas agrícolas exploradas mundialmente, é a terceira cultura em termo de área cultivada e apresenta o maior volume de produção em grãos (TANKLEVSKA et al., 2020).

Em virtude do aumento da demanda mundial deste cereal, a exploração da variabilidade do milho por meio do melhoramento vegetal possibilitou a obtenção de híbridos com maior produtividade e adaptabilidade em diversas regiões do mundo (MUKRI et al., 2022). Dessa forma, o uso das cultivares modernas passou a ser associado a industrialização das lavouras agrícolas com a presença de baixa variabilidade e características mais homogêneas dentro da população cultivada (FENZI; COUIX, 2022). No entanto, a introdução dessas cultivares híbridas e sua ampla utilização em lavouras tem ameaçado a diversidade de milho nos locais de cultivo (ARDENGHI et al., 2018).

O estreitamento da variabilidade leva à perda da diversidade genética, porém, sem variabilidade genética, uma população não pode evoluir em resposta as adversidades bióticas e abióticas, enfrentando assim um maior risco de extinção (PÉREZ et al., 2018). Por isso, é importante implementar e buscar constantemente genótipos dentro do germoplasma de milho disponível em populações de plantas tradicionalmente utilizadas na agricultura familiar (SILVEIRA et al., 2015).

A maior parte da diversidade genética na cultura do milho é encontrada em variedades tradicionais, que são definidas como materiais vegetais constituídos por variedades cultivadas que evoluíram e podem continuar evoluindo em ambientes agrícolas sob a influência dos povos tradicionais (CASAÑAS et al., 2017). Por essas razões, as variedades de milho são de fundamental importância para aumentar o pool genético em processo de melhoramento, com o objetivo de alcançar um sistema agrícola mais resiliente e sustentável (COSTA et al., 2017).

Também conhecido como variedades locais, o milho tradicional não só possui características úteis para o melhoramento da cultura, como são de imenso valor patrimonial ligadas a produtos característicos da região, e sua variabilidade deve ser preservadas pela importância da espécie na cultura local (ELISA et al., 2022). Além disso, a manutenção desses materiais promove a autonomia do agricultor, permitindo geração de renda e redução do custo de produção, uma vez que possui material próprio para semeadura das próximas safras (LIMA et al., 2022).

Torna-se necessário a caracterização das variedades de milho tradicional disponíveis, para conhecer a variabilidade e os genótipos promissores para a melhoria da produção de grãos (QUEIROZ et al., 2019). Todavia, o conhecimento da variabilidade genética em milho tradicional pode ser realizado por meio de parâmetros genéticos, como médias estimadas, variâncias fenotípica e genética, a herdabilidade e os outros coeficientes, que são importantes fontes para indicar os genótipos promissores para o melhoramento (FERDOUSH et al., 2017).

Segundo Baretta et al. (2017), a caracterização de genótipos em qualquer fase de um programa de melhoramento deve basear-se em meios genotípicos e não fenotípicos, uma vez que refletem as médias futuras quando submetidas as áreas de cultivo em larga escala. Neste contexto, o uso de modelos mistos permite obter componentes de variância e parâmetros genéticos através da máxima verossimilhança restrita (REML). Esses modelos são flexíveis e podem ajudar na seleção e predição de genótipos através do melhor preditor linear não-viesado (BLUP), tornando as inferências mais precisas sobre o valor genético e a nova média para cultivo subsequente (CARVALHO et al., 2017).

A metodologia de modelo misto REML/BLUP tem desempenhado um papel fundamental no melhoramento genético de plantas, promovendo a seleção de forma acurada com base nos valores genotípicos, proporcionando maior ganho genético em programas de melhoramento da cultura do milho (SANTOS et al., 2021). Assim, diante da grande variabilidade existente entre as variedades de milho tradicional o uso desse modelo pode ser eficiente para obter estimativas e previsões médias em busca de genótipos promissores (BARETTA et al., 2016).

O presente estudo teve como objetivo verificar a variabilidade genética por meio dos componentes de variância e os parâmetros genéticos em família de meio-irmãos de milho tradicional provenientes de seleção massal, além de conhecer as melhores famílias

e as principais características para uso em programas de melhoramento de milho tradicional.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido na área experimental da Granja Carijó, localizada no município de Cruzeiro do Sul no estado do Acre ($7^{\circ} 36' 11,47''$ S e $72^{\circ} 41' 11,63''$ O em datum WGS84) no período safra 2020/2021 (Figura 1). A área foi reservada para condução deste experimento, uma vez que se encontrava distantes de outras lavouras de milho.

Figura 1 - Localização da área experimental da Granja Carijó, Cruzeiro do Sul, Acre.



O clima da região é caracterizado, por Köppen, como equatorial quente e úmido (Af), e temperatura média anual de $24,5^{\circ}\text{C}$ (MOREIRA et al., 2019). A região é dividida em um período mais seco (maio a setembro) e um período chuvoso (outubro a abril), onde a precipitação média anual é próxima de 2.000 mm, enquanto a mensal está em torno de 60 mm, mesmo no período mais seco do ano (SILVA et al., 2021).

Uma variedade de milho tradicional do tipo duro provenientes da Terra Indígena Kaxinawá de Nova Olinda (TIKNO), localizada na região do Alto Envira, no município de Feijó, Acre, foi submetida a dois ciclos de seleção massal, realizados no período de 2018/2019 e 2019/2020. Com base nos valores fenotípicos, no final do processo de seleção massal foram obtidas as melhores famílias de meio-irmãos de milho tradicional e

suas sementes foram armazenadas em frasco hermeticamente fechados em ambiente climatizado.

O experimento foi conduzido em delineamento em blocos casualizados com duas repetições, onde os tratamentos foram 14 famílias de meios-irmãos de milho tradicional proveniente de dois ciclos de seleção massal. As parcelas experimentais foram constituídas por três linhas com 5 m de comprimento cada com espaçamento de 0,80 m entre linhas e de 0,20 m entre plantas de milho, correspondendo a uma densidade de 62.500 plantas ha⁻¹, sendo considerada a fileira central como área útil da parcela.

O cultivo foi realizado sem uso de fertilizantes químicos e sem irrigação, buscando simular as condições agrícolas da região. O solo é classificado como argissolo, onde a análise química do solo da área experimental na camada de 0 - 20 cm apresentou pH = 4,3; P = 1,9 mg dm⁻³; K = 63,35 mg dm⁻³; MO = 20,6 g dm⁻³; Al = 0,38 cmol_c dm⁻³; Ca² + Mg² = 1,46 cmol_c dm⁻³.

A semeadura foi realizada manualmente com uma semente por cova no dia 15 de novembro de 2020, posteriores replantios foram realizados nos dias 22 e 29 de novembro do mesmo ano. No decorrer do experimento foram realizadas duas capinas manuais entre e dentro das linhas de plantio, sendo aos 30 e 60 dias após a semeadura, respectivamente.

Na área útil de cada parcela, com a maturação fisiológica das espigas e antes da colheita, foram tomadas três plantas aleatoriamente e mensuradas a altura da planta (AP) e de inserção da espiga (AIE) medindo da superfície do solo até a base da folha “bandeira” e da espiga mais elevada na planta, respectivamente, com auxílio de régua graduada (m) de madeira.

Por ocasião da colheita que ocorreu 120 dias após a semeadura, as seguintes características agrônômicas foram avaliadas em cada parcela experimental: massa de espiga (ME): peso médio de três espigas sem a presença de palhas, obtido por balança de precisão, expresso em g; o comprimento de espiga (CE): média do comprimento total de três espigas, medida da extremidade basal até a extremidade apical da espiga, expressa em cm; diâmetro de espiga (DE): a média do diâmetro da parte central de três espigas, dado em mm.

Para o número de fileiras de grãos por espiga (NFG) foram anotados a média da quantidade de fileiras em três espigas, enquanto que o número de grãos por fileira (NGF) foram obtidos pela média do número de grãos em uma fileira observadas em três espigas.

Já a massa de grãos (MG) foi obtida pela média do peso total do grão de três espigas, utilizando balança de precisão em gramas.

Os componentes de variâncias e os parâmetros genéticos foram obtidas por meio do programa estatístico SELEGEN - REML/BLUP com o modelo 93, que é aplicado aos testes de progênies de polinização aberta (RESENDE, 2016). Os parâmetros e os componentes de variância estimado por esse procedimento levou em consideração a análise individual da população, que foi representado pelo seguinte modelo matricial:

$$y = Xr + Za + Wp + e$$

Em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

Pelo procedimento REML/BLUP os componentes de variâncias estimados foram a variância genética aditiva (σ^2_a), ambiental (σ^2_e) e fenotípica (σ^2_f). Já os parâmetros genéticos obtidos foram a herdabilidade no sentido restrito (h^2_a); coeficiente de variância genético (CV_g) e o coeficiente de variação relativa (CV_r) e a acurácia de seleção foi obtida por meio da fórmula: " $r_{gg} = \sqrt{(1-PEV)/\sigma^2_g}$ ", sendo: PEV a variância do erro dos valores genotípicos e σ^2_g a variância genotípica (RESENDE; DUARTE, 2007).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Conhecer os componentes de variância e a estimativa dos parâmetros genéticos de uma população permite obter diversas informações da natureza dos genes que estão envolvidos na herança dos caracteres, além de avaliar se uma característica fenotípica pode evoluir por meio da seleção natural e artificial (VILLEMEREUIL et al., 2017). Assim, os componentes de variância e os parâmetros genéticos das características avaliadas foram estimados com a metodologia REML/BLUP, buscando distinguir a natureza e o nível da variabilidade genética observada entre as famílias de meio-irmão de milho tradicional (Tabela 1).

Tabela 1 - Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos (PG) para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção da espiga (AIE), número de fileiras de grãos (NFG), número de grãos na fileira (NGF), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), massa de espiga (ME) e massa de grãos por espiga (MG) em famílias de meio-irmãos de milho tradicional provenientes de dois ciclos de seleção massal.

PG	Caracteres							
	AP	AIE	NFG	NGF	CE	DE	ME	MG
σ^2_f	0,28	0,12	6,31	56,63	9,99	123,95	1151,95	824,40
σ^2_a	0,18	0,09	1,76	20,56	9,20	17,93	821,72	511,28
σ^2_e	0,08	0,02	4,51	35,92	0,76	105,56	325,97	310,54
h^2_a	0,66	0,79	0,27	0,36	0,92	0,14	0,71	0,62
CV_g	21,18	32,87	11,80	22,08	30,94	12,93	52,53	50,84
r_{gg}	0,88	0,92	0,81	0,85	0,94	0,70	0,92	0,90
CV_r	1,08	1,37	0,80	0,93	1,61	0,57	1,37	1,26

σ^2_f : variância fenotípica; σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_e : variância ambiental; h^2_a : herdabilidade no sentido restrito; CV_g : coeficiente de variação genética; r_{gg} : acurácia da seleção; CV_r : coeficiente de variação relativa.

Considerando os componentes de variância, as características que apresentaram maior expressão genética no fenótipo foram AP, AIE, CE, ME e MG, enquanto que a variância ambiental influenciou a respostas do NFG, NGF e DE das famílias de meio-irmão de milho avaliadas neste estudo. Esta é uma situação muito favorável ao melhoramento, sendo possível a seleção de genótipos, onde os valores fenotípicos dos caracteres sofreram maior influência da parte genética dos indivíduos (TUCKER et al., 2020).

A variância fenotípica é o resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e ambiental sobre a expressão de características de um determinado genótipo, porém a variância genética é o componente mais importante para o melhoramento (BORÉM et al., 2017). Segundo Swarup et al. (2021), quando a diferença entre os genótipos está relacionada ao potencial genético da característica, há maior possibilidade do desenvolvimento das melhorias desse caráter, pois o fator genético pode ser moldado pelos programas de melhoramento para que alcance alta performance fenotípica.

Para o parâmetro de herdabilidade, segundo Saha et al. (2019) os valores superiores a 0,70 são considerados altos, o qual refere-se que a expressão da característica provém da parte genética e que tem elevada chance de ser herdado pela próxima geração. Nesta pesquisa os caracteres AIE (0,79), CE (0,92), ME (0,70) apresentaram alta h^2 no sentido restrito, indicando condição favorável para ganhos genéticos com a seleção de genótipos usando essas características. Por outro lado, o AP (0,66), NFG (0,27), NGF (0,36), DE (0,14), MG (0,62) apresentaram baixa estimativa de herdabilidade, o que sugere a influência do ambiente nesses resultados.

Na seleção de genótipos, o uso da herdabilidade auxilia na obtenção de indivíduos com características que corresponda com o progresso do melhoramento genético da cultura, uma vez que seus valores representam a fração genética herdável na expressão do fenótipo (BAZAKOS et al., 2017). Segundo Villemereuil et al., (2017) a herdabilidade corresponde à fração do diferencial de seleção que pode causar alteração genética na geração da prole. Assim, ela atua como um filtro que determina a eficiência com que uma população pode responder ao melhoramento genético.

Já o coeficiente de variação genético (CV_g), segundo Pandey et al. (2017), é comumente empregado para observar a extensão da variabilidade genética, além de comparar a expressão da característica de cada genótipo, onde valores de CV_g superiores a 5% são considerados elevados. Neste sentido, os valores para CV_g foram considerados altos para todas as características analisadas nas famílias de meio-irmãos de milho tradicional, variando entre 11,80% para número de fileiras de grãos a 52,53% para massa de espiga por planta, permitindo inferir que os genótipos avaliados apresentam alta variabilidade genética.

Fontinele et al. (2021), verificando a variabilidade e a associação de caracteres em quatro variedades de milho crioulo, observaram pelo CV_g uma elevada variação genética para cada genótipo, o que foram considerados como promissores para melhoramento das variedades crioulas de milho. De tal modo, segundo Bhusal et al. (2017), a elevada variabilidade é sempre preferível nos processos de melhoramento genético de milho, pois assim é possível obter progresso na melhoria dos genótipos selecionados.

Quanto ao coeficiente de variação relativa (CV_r), ele representa a proporção da variância genética sobre o fator ambiental na expressão do fenótipo, uma vez que seu valor é alcançado pela relação do coeficiente de variação genética sobre o da variância ambiental. Assim, as estimativas iguais ou superior a 1 indicam superioridade da variância genética em relação à ambiental, tornando-se uma situação favorável à seleção para a condução em programa de melhoramento (GOMES et al., 2022).

Os resultados para CV_r , revelaram que as características AP (1,08), AIE (1,37), CE (1,61), ME (1,37) e MG (1,26) apresentaram maior proporção genética na expressão dos caracteres, por isso tornam-se essenciais na escolha de genótipos para o melhoramento da variedade tradicional. Por outro lado, as características NFG (0,80),

NGF (0,93) e DE (0,57) sofreram uma forte influência do fator ambiental, restringindo uso desses caracteres na obtenção de candidatos ao melhoramento vegetal.

De tal modo, Clovis et al. (2015) e Fontinele et al., (2021) também identificaram em genótipos de milho características propícia ao melhoramento genético da cultura, uma vez que os CV_r indicaram maior ocorrência da expressão genética nos caracteres avaliados. Segundo Kebede et al. (2016), a maioria dos caracteres agrônômicos em milho são de herança complexa e influenciada por vários genes interagindo com as diferentes condições ambientais. Assim, o CV_r não é apenas útil para comparar a quantidade relativa de variações genéticas e ambientais entre diferentes características, mas também auxilia na seleção de genótipos para o melhoramento (RAHMAN et al., 2015).

A acurácia seletiva (r_{gg}) é um parâmetro que se refere à correlação existente entre o valor genotípico verdadeiro e os valores estimados ou preditos a partir dos dados obtidos no experimento, sendo classificada como muito alta ($r_{gg} \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq r_{gg} < 0,90$), moderada ($0,50 \leq r_{gg} < 0,70$) e baixa ($r_{gg} < 0,50$) (PIMENTEL et al., 2014). Desse modo, a acurácia apresentou valores mínimos de 0,70 para DE e máximo de 0,94 para CE, sendo considerado de alta a elevada magnitude. Esses resultados indicam uma alta correlação entre o valor genotípico verdadeiro das características e o predito com as informações experimentais deste estudo.

Baretta et al., (2017) estimando os parâmetros genéticos em populações de milho crioula por procedimento REML/BLUP, observaram variação na acurácia seletiva entre 0,88 e 0,98, concluindo que o procedimento utilizado foi preciso para prever os valores genotípicos que retratam os verdadeiros valores dos indivíduos. Nesse contexto, considerando que a exatidão é o principal elemento do progresso genético, a acurácia superior a 0,70 são eficientes, pois fornecem inferência do valor genético dos indivíduos de forma precisa, e por ser uma medida associada a precisão na seleção ela permite maximizar os ganhos genéticos com os genótipos selecionados (PEREIRA et al., 2017).

Os valores genotípicos para as quatorze famílias de meio-irmãos de milho tradicional estão apresentados nas Tabelas 2 e 3. Os resultados foram obtidos somando cada efeito genotípico predito mais a média geral do experimento, tornando-se a nova média individual genotípica (SANTOS et al., 2021). De acordo com Agyeman e Ewool (2022), com os valores genotípicos das famílias de meio-irmãos de milho tradicional, é possível recomendar os melhores genótipos, uma vez que suas estimativas advêm da fração genética e estão livres da interação com o ambiente.

Tabela 2 - Ordenação (Or.), genótipos (Gen.) e nova média genotípica (NM) para os caracteres altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AIE), comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE) em famílias de meio-irmãos de milho tradicional proveniente de dois ciclos de seleção massal.

AP (m)			AIE (m)			CE (cm)			DE (mm)		
Or.	Gen.	NM	Or.	Gen.	NM	Or.	Gen.	NM	Or.	Gen.	NM
1	F13	2,66	1	F13	1,46	1	F13	15,08	1	F14	39,15
2	F3	2,64	2	F3	1,45	2	F14	13,96	2	F13	36,74
3	F5	2,57	3	F5	1,40	3	F4	13,32	3	F1	35,39
4	F6	2,51	4	F8	1,35	4	F3	12,53	4	F3	35,06
5	F8	2,42	5	F6	1,29	5	F9	12,02	5	F5	34,82
6	F14	2,38	6	F12	1,25	6	F5	11,35	6	F9	34,42
7	F9	2,35	7	F4	1,18	7	F10	11,15	7	F6	34,07
8	F10	2,32	8	F10	1,15	8	F6	10,95	8	F8	33,94
9	F4	2,26	9	F14	1,11	9	F12	10,75	9	F4	33,81
10	F12	2,24	10	F7	1,09	10	F11	10,57	10	F11	33,40
11	F7	2,16	11	F9	1,07	11	F1	10,40	11	F2	33,27
12	F2	2,11	12	F2	1,03	12	F7	10,25	12	F12	33,15
13	F11	2,06	13	F11	0,97	13	F8	10,09	13	F10	33,02
14	F1	2,04	14	F1	0,95	14	F2	9,95	14	F7	32,89

Tabela 3 - Ordenação (Or.), genótipos (Gen.) e nova média genotípica (NM) para os caracteres número de fileiras de grãos (NFG), número de grãos na fileira (NGF), massa de espiga (ME) e massa de grãos por espiga (MG) em famílias de meio-irmãos de milho tradicional proveniente de dois ciclos de seleção massal.

NFG			NGF			ME (g)			MG (g)		
Or.	Gen.	NM	Or.	Gen.	NM	Or.	Gen.	NM	Or.	Gen.	NM
1	F3	13,15	1	F13	27,96	1	F13	108,25	1	F13	85,72
2	F5	12,69	2	F3	25,77	2	F4	95,54	2	F5	75,39
3	F1	12,53	3	F4	24,99	3	F5	89,67	3	F3	70,02
4	F11	12,37	4	F5	24,10	4	F3	82,72	4	F4	65,37
5	F6	12,11	5	F14	23,44	5	F8	75,81	5	F8	62,98
6	F8	11,96	6	F1	23,13	6	F11	73,61	6	F14	61,20
7	F9	11,88	7	F6	22,88	7	F6	69,73	7	F1	57,07
8	F13	11,81	8	F9	22,03	8	F1	68,03	8	F11	56,02
9	F7	11,69	9	F7	21,86	9	F9	66,52	9	F6	54,01
10	F10	11,61	10	F10	21,69	10	F14	65,07	10	F9	53,03
11	F4	11,54	11	F8	21,53	11	F10	59,73	11	F10	48,59
12	F12	11,47	12	F11	21,33	12	F7	57,97	12	F7	47,21
13	F14	11,41	13	F2	20,82	13	F12	56,21	13	F2	45,79
14	F2	11,30	14	F12	20,53	14	F2	54,56	14	F12	44,48

As famílias de meios irmãos de milho tradicional F3, F5 e F13 estiveram, ao mesmo tempo, entre os cinco genótipos superiores para as características de AP, AIE, DE, NGF, ME e MG avaliadas neste estudo. Dentro dos materiais genéticos, os resultados mostram a possibilidade de utilizar os referidos genótipos para o melhoramento genético, uma vez que podem concentrar alelos simultaneamente favoráveis para esse conjunto de características (BERILLI et al., 2020).

A maioria das características de interesses dos melhoristas em variedades de milho é influenciada por um grande número de genes, onde cada um contribui com pequeno efeito no fenótipo, proporcionando grande variação fenotípica (NARDINO et al., 2016). No entanto, a obtenção dos valores genotípicos é crucial para compreender o quanto do valor genético está contida na expressão de cada característica e que pode integrar a próxima geração (OLIVOTO et al., 2017). De tal modo, os genótipos com os maiores valores genotípicos em um conjunto de características são os mais indicados para compor programas de melhoramento de milho (FIGUEIREDO et al., 2015).

O melhor desempenho de genótipos de milho em vários caracteres favorece ao bom desenvolvimento e produção das plantas, pois o rendimento está significativamente correlacionado com a altura da planta, altura da espiga e os componentes de produção (AHMAD et al., 2015). Neste sentido, o crescimento das plantas contribui para a presença de mais folhas, que por sua vez é possível captar mais energia solar. Isso pode acelerar o processo de fotossíntese e, conseqüentemente, a planta poderá alcançar maior crescimento e elevada produção de fotoassimilados e enchimento dos grãos (SUBAEDAH et al., 2021).

Quanto ao comprimento de espigas, as cinco famílias de meio-irmãos de milho tradicional que se destacaram com os valores genotípicos superiores para as novas médias foram F13, F14, F4, F3 e F9, respectivamente. Esses genótipos podem ser objeto de seleção em programas de melhoramento de milho que objetivam alcançar maiores quantidade de grãos na espiga. Segundo Oliveira et al. (2016), os valores genotípicos são ideais para indicar a seleção dos melhores genótipos para o melhoramento genético da cultura do milho, pois podem elevar de forma precisa o ganho de produção com o progresso genético.

Analisando o número de fileiras de grãos, os genótipos F3, F5, F1, F11 e F6 apresentaram as melhores cinco médias genotípicas com 13,15; 12,69; 12,53; 12,37 e 12,11 grãos por cada fileira de espiga, respectivamente. Com a seleção dessas melhores

famílias de meio-irmãos de milho tradicional aumentam a chance de ganhos reais no progresso genético para NGF. Visto que os valores genotípicos refletem o valor genético sem a interferência do fator ambiental na expressão do caráter, as novas médias preditas direcionam para a obtenção de proles com características mais consistentes e melhoradas geneticamente (ENTRINGER et al., 2016).

De maneira geral, os resultados são cruciais para a escolha de genótipos para programas de melhoramento de produção do milho tradicional, pois a alta variabilidade observada nas características das famílias de meios irmãos, segundo Begum et al. (2016), favorece a obtenção de genótipos superiores entre a população avaliada. No geral, as famílias F3, F5, F13 se destacam por apresentar alto valor genotípico entre os dez melhores genótipos quando foi combinado três ou mais características de interesse, sendo os mais indicados para fins de seleção.

CONCLUSÃO

Há variabilidade genética entre as famílias de meio-irmãos de milho tradicional provenientes de seleção massal.

A metodologia REML/BLUP mostra-se efetiva na predição dos valores genotípicos das famílias de meio-irmãos de milho tradicional.

As famílias de meio-irmãos de milho tradicional F3 (L1531), F5 (L2032) e F13 (L723) apresentam potencial para utilização em programas de melhoramento.

As características de altura de planta, altura de inserção de espiga, comprimento de espiga, massa de espiga e massa de grãos apresentam maior expressão genética na constituição dos valores fenotípicos.

REFERÊNCIAS

AGYEMAN, A.; EWOOL, M. Genotype by environment interaction analysis of grain yield and yield components in provitamin A maize. **Journal of Crop Improvement**, v. 36, n. 1, p. 1-24, 2022.

AHMAD, Z.; WARAICH, E. A.; AHMAD, T.; AHMAD, R.; AWAN, M. I. Yield responses of maize as influenced by supplemental foliar applied phosphorus under drought stress. **International Journal of Food and Allied Sciences**, v. 1, n. 2, p. 45-55, 2015.

ARDENGLI, N. M. G.; ROSSI, G.; GUZZON, F. Back to beaked: Zea mays subsp. mays Rostrata Group in northern Italy, refugia and revival of open-pollinated maize landraces in an intensive cropping system. **PeerJ**, v. 6, p. 1-39, 2018.

BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; OLIVEIRA, A. D.; SOUZA, V. D.; MAIA, L. D. Performance of maize genotypes of Rio Grande do Sul using mixed models. **Científica**, v. 44, n. 3, p. 403-411, 2016.

BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; PELEGRIN, A. D.; FERRARI, M.; SZARESKI, V. J.; BARROS, W. S.; SOUZA, V. Q.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. D. Estimates of genetic parameters and genotypic values prediction in maize landrace populations by REML/BLUP procedure. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, p. 1-14, 2017.

BAZAKOS, C.; HANEMIAN, M.; TRONTIN, C.; JIMENEZ-GOMEZ, J. M.; LOUDET, O. New strategies and tools in quantitative genetics: how to go from the phenotype to the genotype. **Annual Review of Plant Biology**, v. 68, p. 435-455, 2017.

BEGUM, S.; AHMED, A.; OMY, S. H.; ROHMAN, M. M.; AMIRUZZAMAN, M. Genetic variability, character association and path analysis in maize (*Zea mays* L.). **Bangladesh Journal of Agricultural Research**, v. 41, n. 1, p. 173-182, 2016.

BERILLI, A. P. C. G.; ALMEIDA, R. N.; GOTTARDO, L. E.; MESSIAS, M. M. M.; PEREIRA, G.; BERILLI, S. S.; VETTORAZZI, J. C. F.; TRINDADE, R. S.; ALMEIDA, R. F. Genetic Gains to Grain Yield of Maize Varieties for Small Farmers in Brazil. **Journal of Experimental Agriculture International**, v. 42, n. 12, p. 1-12, 2020.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa: EDUFV, 2017. 543 p.

BHUSAL, T.; LAL, G. M.; MARKER, S.; SYNREM, G. J. Genetic variability and traits association in maize (*Zea mays* L.) genotypes. **Annals of Plants and Soil Research**, v. 19, n. 1, p. 59-65, 2017.

CASAÑAS, F.; SIMÓ, J.; CASALS, J.; PROHENS, J. Toward an evolved concept of landrace. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 1-7, 2017.

CARVALHO, I. R.; PELEGRIN, A. J.; SZARESKI, V. J.; FERRARI, M.; DA ROSA, T. C.; MARTINS, T. S.; SANTOS, N. L.; NARDINO, M.; SOUZA, V. Q.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C. Diallel and prediction (REML/BLUP) for yield components in intervarietal maize hybrids. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1-12, 2017.

CLOVIS, L. R.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; BOLSON, E.; SENHORINHO, H. J. C. Avaliação de linhagens S3 de milho por meio de testadores adaptados à safrinha. **Revista Caatinga**, v. 28, n. 1, p. 109-120, 2015.

COSTA, F. M.; SILVA, N. C. A.; OGLIARI, J. B. Maize diversity in southern Brazil: indication of a microcenter of *Zea mays* L. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, n. 4, p. 681-700, 2017.

ELISA, D. H.; MARCELA, G. M.; ALEJANDRA, G. U. J.; ELENA, D. H. M. The nutraceutical value of maize (*Zea mays* L.) landraces and the determinants of its variability: A review. **Journal of Cereal Science**, v. 103, n. 1, p. 1-13, 2022.

ENTRINGER, G. C.; VETTORAZZI, J. C. F.; SANTOS, E. A.; PEREIRA, M. G.; VIANA, A. P. Genetic gain estimates and selection of S1 progenies based on selection indices and REML/BLUP in super sweet corn. **Australian Journal of Crop Science**, v. 10, n. 3, p. 411-417, 2016.

FENZI, M.; COUIX, N. Growing maize landraces in industrialized countries: from the search for seeds to the emergence of new practices and values. **International Journal of Agricultural Sustainability**, v. 20, n. 3, p. 327-345, 2022.

FERDOUSH, A.; HAQUE, M. A.; RASHID, M. M.; BARI, M. A. A. Variability and traits association in maize (*Zea mays* L.) for yield and yield associated characters. **Journal of the Bangladesh Agricultural University**, v. 15, n. 2, p. 193-198, 2017.

FIGUEIREDO, A. G.; VON PINHO, R. G.; SILVA, H. D.; BALESTRE, M. Application of mixed models for evaluating stability and adaptability of maize using unbalanced data. **Euphytica**, v. 202, n. 3, p. 393-409, 2015.

FONTINELE, Y. R.; SANTOS, V. B.; NASCIMENTO, L. O.; ARAGÃO, A. C.; NASCIMENTO, M. M.; FERREIRA, A. B.; LIMA, A. F. B.; MOREIRA, J. G. V.; ARAÚJO, D. R. Variability, Association and Selection of Promising Characters for Breeding Creole Maize. **Journal of Experimental Agriculture International**, v. 43, n. 4, p. 31-43, 2021.

GOMES, Y. P.; COELHO, C. J.; ZARDO FILHO, R.; MATIELLO, R. R. aptitude of improved half-sib progenies for green corn production. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 4, n. 1, p. 77-87, 2022.

KEBEDE, A. Z.; WOLDEMARIAM, T.; REID, L. M.; HARRIS, L. J. Quantitative trait loci mapping for Gibberella ear rot resistance and associated agronomic traits using genotyping-by-sequencing in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 129, n. 1, p. 17-29, 2016.

LIMA, L. S. D. C. F.; FACHINI, C.; SILVA, V. R. D.; BORGES, J. R. P.; FORTI, V. A. Creole maize from South-West of São Paulo, Brazil: diversity and seed quality. **Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas**, v. 13, n. 1, p. 15-28, 2022.

MOREIRA, J. G. V.; AQUINO, A. P. V.; MESQUITA, A. A.; MUNIZ, M. A.; SERRANO, R. O. P. Stationarity in Annual Daily Maximum Streamflow Series in the Hydrographic Basin of the Upeer Juruá River, Western Amazon. **Revista Brasileira de Geografia Física**, v. 12, n. 2, p. 705-713, 2019.

MUKRI, G.; PATIL, M. S.; MOTAGI, B. N.; BHAT, J. S.; SINGH, C.; KUMAR, S. P. J.; GADAG, N.; GUPTA, N. C.; SIMAL-GANDARA, J. Genetic variability, combining ability and molecular diversity-based parental line selection for heterosis breeding in field corn (*Zea mays* L.). **Molecular Biology Reports**, v. 49, p. 1-8, 2022.

NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; BARETTA, D.; FOLLMANN, D. N.; LESCHEWITZ, R.; OLIVOTO, T.; OTOMARCARON, B.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C.; SOUZA, V. Q. cycle segregation in crossings of landrace corn populations. **International Journal of Current Research**, v. 8, n. 9, p. 37896-37900, 2016.

OLIVEIRA, G. H.; AMARAL, C. B.; SILVA, F. A.; DUTRA, S. M.; MARCONATO, M. B.; MORO, G. V. Mixed models and multivariate analysis for selection of superior maize genotypes. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 76, n. 4, p. 427-431, 2016.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; FERRARI, M.; SZARESKI, V. J.; PELEGRIN, A. J.; SOUZA, V. Q. REML/BLUP and sequential path analysis in estimating genotypic values and interrelationships among simple maize grain yield-related traits. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1-19, 2017.

PANDEY, Y.; VYAS, R. P.; KUMAR, J.; SINGH, L.; SINGH, H. C.; YADAV, P. C. Heritability, correlation and path coefficient analysis for determining interrelationships among grain yield and related characters in maize (*Zea mays* L.). **International Journal of Pure and Applied Bioscience**, v. 5, n. 2, p. 595-603, 2017.

PÉREZ, E. P.; MARTÍNEZ, T. C.; VANEGAS, Y. H. Genetic diversity in a population of creole maize (*Zea mays* L.) evaluated by microsatellite markers in Puerto Libertador, Córdoba. **Revista UDCA Actualidad & Divulgación Científica**, v. 21, n. 2, p. 359-365, 2018.

PEREIRA, G. S.; PINHO, R. G. V.; PINHO, E. V. R. V.; PIRES, L. P. M.; JUNIOR, L. B.; PEREIRA, J. L. A.; MELO, M. P. Selection of maize inbred lines and gene expression for resistance to ear rot. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1-21, 2017.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A. D.; RESENDE, M. D. V. D.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. D. A. S. D. C.; RIBEIRO, G. Estimation of genetic parameters and prediction of additive genetic value for wheat by mixed models. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

QUEIROZ, T. N.; VALIGUZSKI, A. L.; BRAGA, C. D. S.; SOUZA, S. A. M.; ROCHA, A. M. Evaluation of the physiological quality of seeds of traditional varieties of maize. **Revista da Universidade Vale do Rio Verde**, v. 17, n. 1, p. 1-9, 2019.

RAHMAN, S.; MIA, M. M.; QUDDUS, T.; HASSAN, L.; HAQUE, M. Assessing genetic diversity of maize (*Zea mays* L.) genotypes for agronomic traits. **Research in Agriculture Livestock and Fisheries**, v. 2, n. 1, p. 53-61, 2015.

RESENDE, D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

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.

SAHA, S. R.; HASSAN, L.; HAQUE, M. A.; ISLAM, M. M.; RASEL, M. Genetic variability, heritability, correlation and path analyses of yield components in traditional rice (*Oryza sativa* L.) landraces: Variability and traits association in rice. **Journal of the Bangladesh Agricultural University**, v. 17, n. 1, p. 26-32, 2019.

SANTOS, V. B.; LIMA, S. R.; MESQUITA, A. G. G.; FRANKE, I. L.; NEGREIROS, J. R. N.; BEBER, P. M. Seleção genotípica de variedades de milho via metodologia de modelos mistos. **Scientia Naturalis**, v. 3, n. 1, p. 133-147, 2021.

SILVA, J. R. S.; TAVEIRA, M. K.; SERRANO, R. O. P.; MESQUITA, A. A.; MOREIRA, J. G. V. Probability of rainfall for the city of Cruzeiro do Sul, Acre, Brazil. **Revista Ambiente e Água**, v. 16, n. 1, p. 1-12, 2021.

SILVEIRA, D. C.; BONETTI, L. P.; TRAGNAGO, J. L.; MONTEIRO, V. Agromorphologic characterization of maize land varieties in the northwest region of Rio Grande do Sul. **Ciência Tecnologia**, v. 1, p. 01-11, 2015.

SUBAEDAH, S. T.; EDY, E.; MARIANA, K. Growth, yield, and sugar content of different varieties of sweet corn and harvest time. **International Journal of Agronomy**, v. 1, p. 1-7, 2021.

SWARUP, S.; CARGILL, E. J.; CROSBY, K.; FLAGEL, L.; KNISKERN, J.; GLENN, K. C. Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. **Crop Science**, v. 61, n. 2, p. 839-852, 2021.

TANKLEVSKA, N.; PETRENKO, V.; KARNAUSHENKO, A.; MELNYKOVA, K. World corn market: analysis, trends and prospects of its deep processing. **Agricultural and Resource Economics: International Scientific E-Journal**, v. 6, n. 3, p. 96-111, 2020.

TUCKER, S. L.; DOHLEMAN, F. G.; GRAPOV, D.; FLAGEL, L.; YANG, S.; WEGENER, K. M.; KOSOLA, K.; SWARUP, S.; RAPP, R. A.; BEDAIR, M.; HALLS, S. C.; GLENN, K. C.; HALL, M. A.; ALLEN, E.; RICE, E. A. Evaluating maize phenotypic variance, heritability, and yield relationships at multiple biological scales across agronomically relevant environments. **Plant, Cell & Environment**, v. 43, n. 4, p. 880-902, 2020.

VILLEMEREUIL, P.; MORRISSEY, M. B.; NAKAGAWA, S.; SCHIELZETH, H. Fixed-effect variance and the estimation of repeatabilities and heritabilities: Issues and solutions. **Journal of Evolutionary Biology**, v. 31, n. 4, p. 621-632, 2018.