

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Programa De Pós-Graduação em Agronomia



TESE

**MELHORAMENTO GENÉTICO E BIOMETRIA APLICADA A
PRODUTIVIDADE E BIOFORTIFICAÇÃO DE GRÃOS DE MILHO**

Ivan Ricardo Carvalho

Pelotas, 2018

Ivan Ricardo Carvalho

**MELHORAMENTO GENÉTICO E BIOMETRIA APLICADA A
PRODUTIVIDADE E BIOFORTIFICAÇÃO DE GRÃOS DE MILHO**

Tese apresentada ao programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Ciências (área do conhecimento: Fitomelhoramento).

Orientador: Dr. Luciano Carlos da Maia – FAEM/UFPel.
Co-orientadores: Ph.D. Antonio Costa de Oliveira - FAEM/UFPel.
Dr. Velci Queiróz de Souza – UNIPAMPA campus Dom Pedrito.

Pelotas, 2018

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

C331m Carvalho, Ivan Ricardo

Melhoramento genético e biometria aplicada a produtividade e biofortificação de grãos de milho / Ivan Ricardo Carvalho ; Luciano Carlos da Maia, Antonio Costa de Oliveira, orientadoras ; Velci Queiróz de Souza, coorientadora. — Pelotas, 2018.

160 f.

Tese (Doutorado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2018.

1. Zea mays L. 2. Parâmetros genéticos. 3. Produtividade e qualidade de grãos. 4. Interação genótipos x ambientes. 5. Linhagens endogâmicas. I. Maia, Luciano Carlos da, orient. II. Oliveira, Antonio Costa de, orient. III. Souza, Velci Queiróz de, coorient. IV. Título.

CDD : 633.15

Elaborada por Dafne Silva de Freitas CRB: 10/2175

Banca Examinadora:

Dr. Luciano Carlos da Maia – FAEM/UFPeI (Presidente)

Dr. Willian Silva Barros - IFM/UFPeI

Dr. Mauricio Marini Kopp – EMBRAPA

Dr. Ariano Martins De Magalhães Junior - EMBRAPA

Dr. Viviane Kopp da Luz - FAEM/UFPeI(Suplente)

**Aos meus pais Rosalvo Toledo de
Carvalho e Izaura Reolon por todos
os ensinamentos compartilhados
comigo.**

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus pela vida repleta de saúde e paz.

Aos meus pais Rosalvo Toledo de Carvalho e Izaura Reolon, e aos avós Lauro Kellerman Carvalho, Sônia Maria Toledo de Carvalho, Ivo Reolon e Inês Dambrós Reolon, pelo amor, confiança, conselhos e ensinamentos, tendo a convicção que as minhas conquistas são o reflexo do amor de vocês.

Ao meu irmão Igor Ramon Carvalho, por muitas vezes acompanhar minhas atividades e compartilhar muitos dos meus sonhos.

Em especial ao meu co-orientador Dr. Velci Queiróz de Souza pelo direcionamento e inspiração ética, moral e acadêmica, sendo grato por todos os ensinamentos e lições de vida. Hoje meus sentimentos não são apenas de um orientado, mas de um amigo fiel.

Ao meu orientador Luciano Carlos da Maia e co-orientador Antonio Costa de Oliveira, pela dedicação em compartilhar seus ensinamentos com nós eternos aprendizes.

Aos meus amigos Gustavo H. Demari, Vinícius J. Szareski, Alan J. Pelegrin, Maurício Ferrari, Maicon Nardino, Maurício H. Barbosa, Tiago C. da Rosa, Tamires S. Martins, Nathan L. Santos, Giordano Conte, Diego Baretta e Adriel S. Uliana, pela amizade firmada nos momentos mais difíceis e que nosso companheirismo aumente ano após ano.

Aos colegas do Centro de Genômica e Fitomelhoramento por todos os anos de trabalho e dedicação à pesquisa.

A todos meus amigos, espalhados por muitas regiões desse imenso Brasil, que colaboraram de certo modo para a realização deste trabalho.

Ao Departamento de Ciência e Tecnologia de Alimentos da UFPel, em especial ao professor Dr. Fábio Clasen Chaves e a colega Jéssica Fernanda Hoffmann.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da UFPel.

Ao Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

A Universidade Federal de Pelotas e ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento, pela estrutura disponível e ao ensino de qualidade.

A todos que contribuíram com meu crescimento pessoal e acadêmico, deixo meus sinceros agradecimentos, estando de coração aberto e braços estendidos àqueles que necessitarem ajuda durante sua caminhada.

**“No sistema em que fui criado, o fio de bigode
não é para enfeitar o beijo. E o trabalho é a
base para o sucesso do amanhã”**

IRC

RESUMO

CARVALHO, IVAN RICARDO. **Melhoramento genético e biometria aplicada a produtividade e biofortificação de grãos do milho.** 2018. 160f. Tese de Doutorado - Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Fitomelhoramento. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas/RS.

O melhoramento genético do milho é dinâmico e requer do melhorista uma compreensão multidisciplinar, capacidade de planejamento e execução de atividades voltadas ao âmbito agrônomo, cruzamentos, seleções, aplicabilidade de modelos biométricos, obtenção de genótipos produtivos e grãos biofortificados. Os objetivos do presente trabalho foram: 1) Estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML), as correlações lineares fenotípicas, genéticas, de ambiente e canônicas para os caracteres de interesse agrônomo em milho; 2) Identificar as associações lineares, de causa e efeito entre os caracteres e a estabilidade pelo método de *Annicchiarico* da proteína bruta dos grãos do milho cultivado em quatro diferentes ambientes; 3) Determinar as associações lineares, as estimativas dos parâmetros genéticos e a heterose de compostos bioativos e micronutrientes em híbridos intervarietais de milho; 4) Estimar a heterose, os componentes de variância e parâmetros genéticos mais relevantes, utilizar uma abordagem multivariada para definir perfis de herdabilidade com sentido restrito para os componentes do rendimento e nutricionais em progênies de meios-irmãos de milho; 5) Estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML/BLUP) de um dialelo intervarietal, selecionar e predizer os melhores genótipos para os componentes de rendimento do milho. As principais conclusões obtidas foram: 1) evidenciou-se a maior contribuição da variação genética na interação genótipos x ambientes e herdabilidade com sentido amplo para o diâmetro da espiga, número de fileiras de grãos da espiga e diâmetro do sabugo; 2) o aumento da altura de planta, massa de mil grãos e do rendimento de grãos reduz o teor de proteína bruta no grão do milho; 3) a espessura e a coloração das sementes, fenóis totais, radical antioxidante ABTS e zinco são incrementados através dos efeitos da heterose intervarietal; 4) a herdabilidade com sentido restrito entre e dentro das progênies são superiores para o teor de manganês, glicina, prolina e triptofano nos grãos do milho; 5) os genitores paternos e a fração genética aditiva são determinantes ao índice relativo para o volume do grão, entretanto, a massa de

cem grãos e o rendimento de grãos são determinados pela capacidade específica de combinação intervarietal.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; produtividade e qualidade de grãos; linhagens endogâmicas; parâmetros genéticos; interação genótipos x ambientes; cruzamentos dialélicos e intervarietais.

ABSTRACT

CARVALHO, IVAN RICARDO. **Genetic breeding and biometry applied to yield and biofortification of maize grains**. 2018.160f. Doctoral Thesis – Post-Graduate Program in Agronomy. Federal University of Pelotas, Pelotas/RS.

The genetic breeding of maize is dynamic and requires a multidisciplinary comprehension from the breeder, ability to plan and execute agronomic activities, crosses, selections, applicability of biometric models, obtaining of productive genotypes and biofortified grains. The objectives of the present work were: 1) To estimate the variance components and genetic parameters (REML), the linear phenotypic, genetic, environmental and canonical correlations for the traits of agronomic interest in maize; 2) To identify the linear, cause and effect associations between traits, and the stability by Annicchiarico's method of the crude protein of maize grains cultivated in four different environments; 3) To determine the linear associations, to estimate genetic parameters and heterosis of bioactive compounds and micronutrients in maize intervarietal hybrids; 4) To estimate heterosis, components of variance and the most relevant genetic parameters, to use a multivariate approach to define narrow sense heritability profiles for yield and nutritional components in maize half-sibling progenies; 5) To estimate the variance components and genetic parameters (REML/BLUP) of an intervarietal diallel, to select and predict the best genotypes for maize yield components. The main conclusions were: 1) the greatest contribution of genetic variation in the genotypes x environments interaction and broad sense heritability was verified for spike diameter, number of rows in the ear, and cob diameter; 2) the increase of plant height, mass of a thousand grains and grain yield reduces crude protein content in maize grain; 3) the thickness and color of the seeds, total phenols, antioxidant radical by ABTS and zinc content are increased through the effects of intervarietal heterosis; 4) the narrow sense heritability among and within the progenies are superior for manganese, glycine, proline and tryptophan content in maize grains; 5) male genitors and the additive genetic fraction are determinant to the grain volume relative index, however, the mass of one hundred grains and grain yield are determined by the intervarietal specific combining ability.

Keywords: *Zea mays* L.; productivity and grain quality; inbred lines, genetic parameters; genotypes x environments interaction; diallel and intervariate crosses

.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO III. Estimativa de parâmetros genéticos em compostos bioativos e micronutrientes de híbridos intervarietais de milho.....88

Figura 1. Distribuições de frequências das classes fenotípicas para os caracteres: gráfico (A) comprimento da semente (CS); gráfico (B) largura da semente (LS); gráfico (C) espessura da semente (ES); gráfico (D) massa de cem sementes (MC); gráfico (E) coloração das sementes (CR); gráfico (F) acidez das sementes (AC); gráfico (G) pH (pH); gráfico (H) sólidos solúveis (SS); gráfico (I) fenóis totais (FN), aferidos em híbridos intervarietais de milho.....106

Figura 2. Distribuições de frequências das classes fenotípicas para os caracteres: gráfico (A) flavonoides (FL); gráfico (B) carotenoides (CT); gráfico (C) potencial antioxidante pelo radical DPPH (DP); gráfico (D) potencial antioxidante pelo radical ABTS (AB); gráfico (E) cobre (Cu); gráfico (F) zinco (Zn); gráfico (G) sódio (Na); gráfico (H) manganês (Mn); gráfico (I) ferro (Fe), aferidos em híbridos intervarietais de milho.....107

CAPÍTULO IV. Heterose e parâmetros genéticos para os componentes do rendimento e nutricionais em progênies de meios-irmãos de milho111

Figura 3. Dendrograma com a dissimilaridade genética obtida através da herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos ($\hat{h}^2A$), herdabilidade com sentido restrito entre as progênies ($\hat{h}^2EP$), herdabilidade com sentido restrito dentro das progênies ($\hat{h}^2DP$), e herdabilidade com sentido restrito da média entre as progênies ($\hat{h}^2M$) de 42 caracteres mensurados em progênies de meios-irmãos de milho, utilizando a distância Euclidiana média, e método de agrupamento UPGMA. ⁺⁺AP: Altura da planta; AE: altura de inserção da espiga; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento

da espiga; NF: número de fileiras de grãos da espiga; GF: número de grãos por fileira da espiga; ME: massa da espiga; MG: massa de grãos da espiga; DS: diâmetro do sabugo; MS: massa do sabugo; MC: massa de cem grãos; CG: comprimento do grão; LG: largura do grão; EG: espessura do grão; RG: rendimento de grãos; Fe: teor de ferro; Cu: teor de cobre; Zn: teor de zinco; Na: teor de sódio; Mn: teor de manganês nasementes. FO: fenóis; FL: flavonoides; CA: carotenoides; DP: radical antioxidante DPPH; AB: radical antioxidante ABTS; SS: sólidos solúveis; AC: acidez; pH: potencial hidrogeniônico; HU: ângulo Hue; AL: alanina; AR: arginina; AS: asparagina; Cl: cisteína; GL: glutamina; Gl: glicina; PR: prolina; SE: serina; HI: histidina; TE: treonina; TR: triptofano; MT: metionina; PE: fenilalanina.....134

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I. Componentes de variância, associações lineares e canônicas em milho.....49

Tabela 1.Caracterização dos ambientes de cultivo, coordenadas geográficas, altitude (m) e classificação do solo.....66

Tabela 2.Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) para os 79 híbridos simples de milho cultivados em quatro ambientes do Rio Grande do Sul.....67

Tabela 3.Estimativas das correlações fenotípicas (r_F), genéticas (r_G) e de ambiente (r_A) para os 79 híbridos simples de milho cultivados em quatro ambientes do Rio Grande do Sul.....68

Tabela 4.Cargas canônicas para os caracteres primários do rendimento (grupo I) e caracteres secundários (grupo II) nas correlações canônicas (r) entre grupos, para os 79 híbridos simples de milho cultivados em quatro ambientes do Rio Grande do Sul.....69

CAPÍTULO II. Análise de trilha e método *Annicchiarico* aplicados em função da proteína em grãos de milho.....70

Tabela 5.Resumo da análise de variância para os 15 genótipos de milho híbrido em quatro ambientes de cultivo.....84

Tabela 6.Estimativas da correlação linear de *Pearson* para 11 caracteres de interesse agrônomo mensurado em 15 híbridos simples de milho e quatro ambientes de cultivo.....85

Tabela 7.Estimativas dos efeitos diretos e indiretos fenotípicos em seis caracteres de interesse agrônomo sobre o percentual de proteína bruta (PTN), oriundos de 15 genótipos de milho híbrido e quatro ambientes de cultivo.....86

Tabela 8. Estimativas dos índices de confiança (<i>li</i>) pelo método de <i>Annicchiarico</i> com decomposição em (<i>li</i>) Geral, (<i>li</i>) Favorável, (<i>li</i>) Desfavorável e índice ambiental, para o caráter percentual de proteína bruta (PTN) referentes a 15 genótipos de milho equatru ambientes de cultivo.....	87
---	----

CAPÍTULO III. Estimativa de parâmetros genéticos em compostos bioativos e micronutrientes de híbridos intervarietais de milho.....88

Tabela 9. Estimativas da correlação linear de <i>Pearson</i> para os caracteres vinculados às dimensões das sementes, compostos bioativos e micronutrientes em variedades de polinização aberta (<i>VPAs</i>) e híbridos intervarietais de milho.....	108
--	-----

Tabela 10. Estimativa dos parâmetros genéticos, relação progênes com o pai-médio (<i>r</i>), variância fenotípica (σ^2F), variância aditiva (σ^2A), herdabilidade com sentido amplo ($\hat{H}^2$), herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2$) para os caracteres vinculados as dimensões das sementes, compostos bioativos e micronutrientes em variedades em polinização aberta (<i>VPAs</i>) e híbridos intervarietais de milho.....	109
---	-----

Tabela 11. Estimativa do percentual de heterose (<i>H</i>) para os caracteres vinculados as dimensões das sementes, compostos bioativos e micronutrientes em cruzamentos intervarietais de milho.....	110
--	-----

CAPÍTULO IV. Heterose e parâmetros genéticos para os componentes do rendimento e nutricionais em progênes de meios-irmãos de milho.....111

Tabela 12. Organização do sistema de cruzamento Top Cross e os genótipos de milho utilizados.....	129
--	-----

Tabela 13. Especificações do método <i>LC-ESI-qToF-MS</i> de espectrometria de massas utilizado para quantificar as intensidades dos aminoácidos contidos nas sementes de milho.....	130
---	-----

Tabela 14. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) para progênies de meios-irmãos de milho.....	131
---	-----

Tabela 15. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) para progênies de meios-irmãos de milho.....	132
---	-----

Tabela 16. Estimativa da heterose (%) obtida em cruzamentos Top Cross entre linhagens endogâmicas S ₅ (L ₁ :256, L ₂ :258, L ₃ :389, L ₄ :262, L ₅ :225) e um testador (HD: CD 308) com base genética ampla.....	133
---	-----

CAPÍTULO V. Dialelo e predição (REML/BLUP) para os componentes do rendimento em híbridos intervarietais de milho.....	135
--	------------

Tabela 17. Descrição dos genitores (VPAs) utilizados no esquema de dialelo de milho e as combinações híbridas intervarietais obtidas.....	151
--	-----

Tabela 18. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) para os 60 híbridos intervarietais de milho cultivados na safra agrícola 2015/2016.....	152
---	-----

Tabela 19. Estimativa das médias para a capacidade geral de combinação intervarietal (CGC), e a seleção dos genitores intervarietais (BLUP) para o índice relativo do volume do grão (IRVG), massa de cem grãos (MCG) e rendimento de grãos (RG).....	153
--	-----

Tabela 20. Estimativas dos componentes das médias da capacidade específica de combinação por BLUP para o índice relativo de volume do grão (IRVG) mensurado em 60 híbridos intervarietais de milho.....	154
--	-----

Tabela 21. Estimativas dos componentes das médias da capacidade específica de combinação por BLUP para a massa de cem grãos (MCG) mensurada em 60 híbridos intervarietais de milho.....155

Tabela 22. Estimativas dos componentes das médias da capacidade específica de combinação por BLUP para o rendimento de grãos (RG) mensurada em 60 híbridos intervarietais de milho.....156

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	21
1.1 A cultura do milho	22
1.1.1 Origem e variabilidade genética	22
1.1.2 Descrição botânica	23
1.1.4 O melhoramento genético.....	25
1.1.5 Obtenção de linhagens endogâmicas.....	26
1.1.6 Obtenção de híbridos	27
1.1.7 Componentes de variância e parâmetros genéticos	29
1.1.8 Heterose	31
1.1.9 Análise dialélica.....	32
1.1.10 Interação genótipos x ambientes	33
1.1.11 Associações entre caracteres	35
1.1.12 Máxima verossimilhança restrita e o melhor preditor linear não viesado (RELM/BLUP)	39
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	41
2 CAPÍTULO I	
Componentes de variância, associações lineares e canônicas em milho.....	49
2.1 Introdução.....	52
2.2 Material e Métodos	53
2.3 Resultados e Discussão	55
2.4 Conclusões	61
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	62
3 CAPÍTULO II	
Análise de trilha e método <i>Annicchiarico</i> aplicados em função da proteína em grãos de milho	69
3.1 Introdução.....	71
3.2 Material e Métodos	72
3.3 Resultados e Discussão	74
3.4 Conclusões	79
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	80
4 CAPÍTULO III	

Estimativa de parâmetros genéticos em compostos bioativos e micronutrientes de híbridos intervarietais de milho.....	87
4.1 Introdução.....	89
4.2 Material e Métodos	90
4.3 Resultados e Discussão	92
4.4 Conclusões	101
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	101
5 CAPÍTULO IV	
Heterose e parâmetros genéticos para os componentes do rendimento e nutricionais em progênies de meios-irmãos de milho	110
5.1 Introdução.....	112
5.2 Material e Métodos	114
5.3 Resultados e Discussão	116
5.4 Conclusões	124
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	125
6 CAPÍTULO V	
Dialelo e predição (REML/BLUP) para os componentes do rendimento em híbridos intervarietais de milho	134
6.1 Introdução.....	136
6.2 Material e Métodos	138
6.3 Resultados e Discussão	140
6.4 Conclusões	147
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	147
7 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	156

1 INTRODUÇÃO GERAL

O milho é considerado uma das culturas mais importantes no cenário agrícola mundial, isto é decorrente da ampla aptidão de utilizações que esta gramínea apresenta, sendo imprescindível para a alimentação animal principalmente para a produção de silagem (SENGER et al., 2005; VON PINHO et al., 2007; CARVALHO et al., 2016a), elaboração de rações e concentrados (ROSTAGNO, 2011), onde 70% da produção de grãos a nível mundial é destinada a alimentação animal (PAES, 2006). Em contrapartida, este cereal revela fundamental importância para a alimentação humana *in natura*, sendo matéria prima para a obtenção de amidos, farinhas, canjicas, pães, bebidas e mingaus (PAES, 2006; CARDOSO et al., 2010; RIOS et al., 2009; CARVALHO et al., 2016b). Esta aptidão é justificada principalmente devido aos grãos do milho possuir em torno de 62,4% de amido, 8,2% de proteína bruta, 3,6% de lipídios e 1,2% de material mineral (ROSTAGNO, 2011).

No contexto mundial, as estimativas para a safra agrícola 2015/2016 revelaram que os maiores produtores de milho foram os Estados Unidos, China e o Brasil (USDA, 2016). A Companhia Nacional de Abastecimento afirma que a produção brasileira obteve incremento de 25,2% entre às safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017, sendo responsável por uma produção de 88,9 milhões de toneladas de grãos considerando as duas safras da cultura, em que a primeira safra foi encarregada por 33% e a segunda com 67% do total de grãos produzidos em 2016/2017. A região Centro-Oeste expressa superioridade na produção de milho, no entanto 28,7% do milho produzido no Brasil é oriundo dos estados da Região Sul (CONAB, 2017).

Ao considerar a importância agrícola, econômica e social do milho muitos são os esforços direcionados pelos programas de melhoramento genético para incrementar a produtividade de grãos (LIMA; BELLAYER, 1999), e obter genótipos que respondam eficientemente à melhoria das técnicas de manejo disponíveis (RIBEIRO et al., 2016). No entanto, alguns nichos do mercado consumidor preconizam e ou necessitam de um maior valor nutricional agregado aos grãos produzidos. Diante disto, é pertinente a necessidade de obter genótipos nutricionalmente superiores, pois o consumo do milho com elevada qualidade poderá minimizar a carência alimentar, nutricional e ainda prevenir algumas doenças (COSTA; BORÉM, 2013), melhorar a conformação da dieta de populações

subnutridas que utilizam o milho como base da alimentação diária, conforme alguns pesquisadores ressaltam estes casos em populações do nordeste brasileiro (OLIVEIRA JUNIOR et al., 2011), México e África (PAES, 2006).

Neste contexto, os objetivos deste trabalho foram; 1) Estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML), as correlações lineares fenotípicas, genéticas, de ambiente e canônicas para os caracteres de interesse agrônomo em milho; 2) Identificar as associações lineares, de causa e efeito entre os caracteres e a estabilidade pelo método de *Annicchiarico* da proteína bruta dos grãos do milho cultivado em quatro diferentes ambientes; 3) Determinar as associações lineares, as estimativas dos parâmetros genéticos e a heterose de compostos bioativos e micronutrientes em híbridos intervarietais de milho; 4) Estimar a heterose, os componentes de variância e parâmetros genéticos mais relevantes, utilizar uma abordagem multivariada para definir perfis de herdabilidade com sentido restrito para os componentes do rendimento e nutricionais em progênies de meios-irmãos de milho; 5) Estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML/BLUP) de um dialelo intervarietal, selecionar e predizer os melhores genótipos para os componentes de rendimento do milho.

1.1 A cultura do milho

1.1.1 Origem e variabilidade genética

O milho (*Zea mays* L.) é originário da América Central especificamente do México, estudos arqueológicos no vale do Tehucan relatam que os primeiros cultivos deste cereal ocorreram por volta de 7000 a.C (BERTOLINI et al., 2005). Algumas teorias foram desenvolvidas com intuito de elucidar o surgimento desta espécie, sendo estas baseadas em estudos moleculares e distâncias genéticas, onde revelaram que o milho é descendente da espécie *Zea mays* spp. *parviglumis* (DOEBLEY; STEC, 1993), conhecido popularmente como Teosinto e oriundo do Sul da Guatemala, apresenta similaridades citogenéticas com algumas diferenciações alélicas. O milho é caracterizado como uma espécie diplóide com genoma base composto por dez ($2n=2x=20$) cromossomos (DOEBLEY, 1990; PARTERNIANI; CAMPOS, 1999). A espécie foi beneficiada por um longo período de domesticação realizado por povos pré-colombianos, conjuntamente a grande capacidade

adaptativa possibilitou a espécie espalhar-se rapidamente pelo continente americano, propiciando ampliar sua variabilidade genética (TEIXEIRA, 2008).

O grande período de domesticação proporcionou a espécie incrementar sua variabilidade genética e possibilitar o surgimento de novas constituições alélicas, os vários ciclos de cultivo, às seleções involuntárias e ou direcionadas, resultaram no aumento da frequência de alelos favoráveis para as características agronômicas (GARBUGLIO et al., 2009). A expressão fenotípica destes caracteres é determinada pela constituição genética e os efeitos do ambiente em que este genótipo está inserido (ALLARD, 1971), desta maneira, as diferenciações nas populações de milho podem ser embasadas nos períodos de maturação, características morfológicas da planta, da espiga e dos grãos, atributos fisiológicos, genéticos, citológicos e pela finalidade de utilização (HARLAN, 1992).

A variabilidade genética apresenta-se imprescindível para o melhoramento do milho, sendo fonte de alelos e genes determinantes para maximizar os caracteres de interesse agrônomo, da mesma forma, minimizar os efeitos de estresses abióticos e bióticos que possam acometer o crescimento e o desenvolvimento do milho (LIMA et al., 2000). Como fontes de germoplasma para o melhoramento podem ser utilizadas populações *landraces* (crioulas), populações adaptadas, populações exóticas e híbridos comerciais, estando estes prontamente disponíveis para extrair linhagens e obter híbridos futuramente, bem como, variedades de polinização aberta (VPAs) melhoradas (BARETTA et al., 2016a).

Progressos genéticos em um programa de melhoramento de milho podem ser alcançados através da busca por populações com maior frequência de locos em heterozigose para os caracteres de interesse, vindo a incrementar a probabilidade de obter linhagens promissoras (LIMA et al., 2000). Pesquisas demonstram potencialidade em utilizar *landraces* e variedades de polinização aberta como germoplasma para o melhoramento do milho visando a duração do ciclo (NARDINO et al., 2016a), componentes do rendimento de grãos (BARETTA et al., 2016a), compostos bioativos e micronutrientes nas sementes do milho (CARVALHO et al., 2016b).

1.1.2 Descrição botânica

O milho atualmente cultivado é caracterizado como uma gramínea pertencente ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Liliopsida, ordem Poales,

família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L. (PATERNIANI, 1978; PATERNIANI; CAMPOS, 1999; CASTRO et al., 1999). Estudos reconhecem a existência de cinco espécies pertencentes ao gênero *Zea*, tais como, *Zea diploperennis*, *Zea perennis*, *Zea luxurians*, *Zea nicaraguensis* e *Zea mays* L., no entanto, a espécie *Zea mays* L. apresenta as subespécies *Zea mays* L. ssp. *huehuetenangensis*, *Zea mays* L. ssp. *mexicana*, *Zea mays* L. ssp. *parviglumise* e o milho cultivado *Zea mays* L. ssp. *mays* (BUCKLER; STEVENS, 2006).

1.1.3 Características morfológicas e fisiológicas

O milho apresenta ciclo anual com plantas de hábito de crescimento ereto, a estatura varia de 1,0 a 4,0 metros de altura. Seu sistema radicular pode explorar até 3,0 metros de profundidade, as raízes são seminais (primárias) e laterais (adventícias). Seu caule é cilíndrico formado por nós rígidos e entrenós, denominado de colmo com interior denso. As folhas são dispostas no colmo alternadamente, apresentam nervuras paralelinérveas com uma nervura rígida no centro, o limbo foliar pode ser longo, largo e plano com presença de pêlos e lígula (PATERNIANI, 1978).

Esta espécie tem caráter monóico e polinização cruzada, as inflorescências são separadas espacial e temporalmente, a inflorescência masculina localiza-se no ápice da planta e denomina-se de panícula (pendão) com ou sem ramificações, nesta estrutura estão presentes vários pares de espiguetas, cada espiguetas apresenta duas flores e três estames, onde se aderem às anteras responsáveis pela formação, retenção e liberação do pólen. A inflorescência feminina é formada por uma ráquis rígida (sabugo) que acomoda muitos pares de espiguetas, estas são compostas por um pistilo e ovário basal. O milho apresenta comportamento protândrico e o pólen é liberado de 2 a 3 dias antes da viabilidade dos estigmas na inflorescência feminina, em condições ideais o pólen têm viabilidade de até 24 horas após ser liberado pelas anteras, sua dispersão ocorre através do vento (anemófila) e pode durar de 2 a 14 dias (PATERNIANI, 1978).

O fruto é denominado de cariopse e constituído pelo endosperma (85%), embrião (10%) e pericarpo (5%) (PATERNIANI, 1978). Os grãos do milho possuem em torno de 62,4% de amido, 8,2% de proteína bruta, 3,6% de lipídios e 1,2% de material mineral (ROSTAGNO, 2011). Pesquisas definem que na proteína do milho é

possível identificar 7,8% de alanina, 3,6% de arginina, 2,9% de glicina, 10,0% de prolina, 4,2% de serina, 3,1% de treonina, 0,31% de triptofano e 1,9% de metionina (BORÉM; RIOS, 2011).

Fisiologicamente o milho apresenta metabolismo C_4 como estratégia de fixação do carbono (CO_2) nos processos fotossintéticos, isso culmina na necessidade das plantas em evidenciar elevada área foliar e serem altamente eficientes na interceptação da radiação fotossinteticamente ativa (MAGALHÃES et al., 2002). O milho responde ao acúmulo de graus dias para determinar as transições dos estádios fenológicos vegetativos e reprodutivos, além de, influenciar diretamente na duração do ciclo (NARDINO et al., 2016a). Apresenta-se altamente dependente de água para seus processos fisiológicos e o resfriamento de seus tecidos, onde sua necessidade hídrica é de aproximadamente 650 mm durante todo o ciclo (BERGAMACHI et al., 2001; CARVALHO et al., 2013).

1.1.4 O melhoramento genético

As pesquisas envolvendo o melhoramento genético do milho foram imprescindíveis para o progresso da cultura, tanto no âmbito agrícola como econômico. Os primeiros estudos com milho híbrido foram realizados por Beal (1880) com intuito de incrementar o rendimento de grãos através da hibridação entre variedades de polinização aberta, desta forma, verificou que híbridos intervarietais apresentavam superioridade aos seus genitores. Posteriormente Shull (1909) desenvolveu pesquisas visando os caracteres quantitativos com interesse particular ao número de espigas, este pesquisador postulava que o melhoramento não deveria obter a melhor linhagem, mas buscar a combinação híbrida superior entre as linhagens disponíveis. Este pesquisador desenvolveu um esquema para a obtenção de milho híbrido utilizado até os dias de hoje, onde se obtém linhagens puras através de inúmeras autofecundações sucessivas até a homozigose, então, se realizam todos os cruzamentos possíveis, os F_1 s obtidos eram avaliados proporcionando a seleção das melhores combinações de linhagens. Os estudos preliminares de East (1908) visavam identificar os efeitos da depressão endogâmica em função das autofecundações e da hibridação em milho, este pesquisador julgava que o método de obtenção de linhagens puras era correto, contudo, não era viável comercialmente (PATERNIANI, 1978).

Wallace em 1919 foi o primeiro melhorista de uma instituição privada a obter linhagens endogâmicas de milho, mas foi Jones (1918) que sugeriu obter híbridos duplos oriundos do cruzamento de dois híbridos simples envolvendo quatro linhagens endogâmicas em sua base genética, sua percepção melhorou a viabilidade econômica da produção de sementes em escala comercial. Estes trabalhos de forma conjunta possibilitaram introduzir o milho híbrido na região do *Corn Belt* nos Estados Unidos da América, onde os primeiros híbridos comerciais surgiram em 1930, minimizando gradualmente a utilização de variedades de polinização aberta. Em 1939, nesta região 75% da área já era semeada com híbridos, no entanto, em 1960 menos de 5% da área agrícola era semeada com variedades de polinização aberta. No Brasil o milho híbrido foi introduzido em 1943 através de pesquisas do Instituto Agrônomo de Campinas (PATERNIANI, 1978).

1.1.5 Obtenção de linhagens endogâmicas

Muitos são os tipos de híbridos possíveis de serem obtidos em programas de melhoramento genético de milho, no entanto, uma fração importante é atribuída àqueles híbridos derivados da combinação de linhagens endogâmicas. Portanto, a obtenção destas linhagens torna-se uma prática imprescindível e deve ser baseada nos interesses específicos do melhorista responsável. Primeiramente buscam-se identificar e selecionar fontes de variabilidade genética com potencial para extrair linhagens promissoras, os programas de melhoramento se iniciam pela escolha de populações com alelos favoráveis aos caracteres de interesse, este germoplasma pode ser oriundo de populações crioulas (*landraces*) ou populações obtidas da autofecundação de híbridos comerciais, onde reúnam genes favoráveis já fixados que possibilitam uma maior eficiência ao programa de melhoramento (AMORIM; SOUZA, 2005).

Após a escolha de quais serão as populações utilizadas para extrair linhagens, o melhorista deve revelar qual ideótipo agrônomo será priorizado para proceder à seleção de plantas (indivíduos) em cada população, sendo possível proceder a autofecundação (HALLAUER et al., 1988). As características priorizadas são direcionadas ao ciclo, arquitetura foliar, colmo, dimensões do pendão e espiga, tolerância a incidência de insetos-praga e doenças (PATERNIANI, 1978). Hallauer et al. (1988), define que os melhores ganhos genéticos no melhoramento do milho são obtidos quando se utilizam populações com maior variabilidade genética, assim

incrementa-se a probabilidade de reunir alelos favoráveis na linhagem selecionada. Desta forma, procede-se a autofecundação da planta selecionada (S_0) através da proteção da espiga principal antes da exteriorização dos estigmas, para isto utiliza-se um saco de papel impermeável ou plástico (PATERNIANI, 1978; HALLAUER et al., 1988).

Depois da exteriorização da inflorescência masculina (pendão) e o início da liberação do pólen, realiza-se a proteção desta estrutura com um saco de papel impermeável com intuito de coletar o máximo de pólen possível. Ao identificar que os estigmas foram exteriorizados o pólen coletado deve ser direcionado sobre os estigmas receptíveis, permanecendo a espiga protegida até o momento da colheita (PATERNIANI, 1978). Assim, têm-se o primeiro ciclo de autofecundação (S_1), estes procedimentos são realizados até que a linhagem se torne totalmente endogâmica e homozigota. O melhorista nas condições de campo acompanha a expressão fenotípica dos caracteres de interesse, ao identificar a homogeneidade das plantas da linhagem observada considera-se uma linhagem pura. Hallauer et al. (1988), define as proporções teóricas da homozigose obtida devido as gerações de autofecundação e requeridas para obter linhagens endogâmicas de milho, sendo a geração S_0 : 0,0% de homozigose, S_1 : 50,0% de homozigose, S_2 : 75,0% de homozigose, S_3 : 87,5% de homozigose, S_4 : 93,8% de homozigose, S_5 : 96,9% de homozigose, S_6 : 98,4% de homozigose e S_7 : 99,9% de homozigose.

1.1.6 Obtenção de híbridos

Desde os trabalhos pioneiros de Beal (1880), Shull (1908-1910), East (1908) e Jones (1918), considera-se que os desempenhos das combinações híbridas obtidas podem ser superiores aos seus respectivos genitores, sejam eles, variedades de polinização aberta ou linhagens endogâmicas. Diante disto, a escolha eficiente da população de melhoramento, a seleção de linhagens promissoras, os benefícios da endogamia na obtenção de linhagens puras e os efeitos heteróticos obtidos devido à hibridação de genitores alelicamente distintos, viabilizam o ganho genético no melhoramento do milho. Desta maneira, ao empregar diferentes estratégias de hibridação é possível sintetizar diversos tipos de híbridos, que se diferenciam quanto à base genética, potencial produtivo, uniformidade genética e fenotípica, adaptabilidade e exigência do ambiente (PATERNIANI, 1978; HALLAUER et al., 1988).

As técnicas de melhoramento genético de milho apresentadas a seguir possibilitam sintetizar os seguintes tipos de híbridos (VIÉGAS; MIRANDA FILHO, 1978; NARDINO et al., 2016a).

Híbrido Top Cross - são baseados no cruzamento entre as linhagens endogâmicas e um genitor comum de base genética ampla. Este tipo de híbrido não revela apreço comercial, mas é amplamente utilizado em programas de melhoramento para a avaliação de linhagens.

Híbrido Simples - elaborado através do cruzamento de duas linhagens endogâmicas, geralmente apresenta-se mais produtivo e uniforme quando comparados aos demais tipos de híbridos.

Híbrido Simples Modificado - onde um genitor feminino (híbrido) é oriundo de duas progênes da mesma linhagem endogâmica ($A \times A'$), sendo cruzado com outra linhagem endogâmica (B). A principal vantagem deste tipo de híbrido é possibilitar o maior vigor do genitor feminino por meio do incremento da produtividade de sementes.

Híbrido Triplo - obtido por meio do cruzamento de um híbrido simples com uma terceira linhagem endogâmica.

Híbrido Duplo - elaborado pelo cruzamento de dois híbridos simples envolvendo quatro linhagens endogâmicas.

Híbrido Múltiplo ou Composto - reúnem de seis, oito ou até mais linhagens endogâmicas, revela pouca abrangência comercial, em contrapartida, mantém uma maior variabilidade genética com melhor escape em condições adversas do ambiente de cultivo.

Híbrido Intervarietal - são baseados no cruzamento de variedades de polinização aberta (VPAs), sendo possível explorar os efeitos da heterose intervarietal, revelam ampla base genética e maior valor adaptativo ao ambiente, podem ser obtidos facilmente e utilizados em escala comercial.

Um programa de melhoramento de milho inicia-se com a definição de seus objetivos, escolha das populações, obtenção das linhagens endogâmicas, cruzamentos norteados por delineamentos genéticos que possibilitem revelar quais são as melhores combinações híbridas, posteriormente realizam-se ensaios de VCU (Valor de Cultivo e Uso) para comparar os melhores híbridos em diferentes ambientes e safras agrícolas (VIÉGAS; MIRANDA FILHO, 1978). Diante da dinâmica envolvida no melhoramento do milho muitas são as técnicas e estratégias utilizadas

para obter inferências confiáveis, que auxiliam na seleção das melhores linhagens endogâmicas, híbridos e caracteres de importância. Portanto, utilizam-se modelos biométricos que possibilitem inferir e prever parâmetros imprescindíveis à seleção, condução e obtenção de genótipos superiores através do melhoramento genético.

1.1.7 Componentes de variância e parâmetros genéticos

O melhoramento genético baseia suas estratégias de condução e seleção em mensurações fenotípicas dos caracteres de importância, no entanto, o valor fenotípico é decorrente de efeitos genéticos aditivos, não aditivos e da ação do ambiente. A maioria dos caracteres de interesse agrônomo são quantitativos e apresentam distribuição contínua, determinados por um maior número de genes, com baixa herdabilidade e altamente influenciados pelo ambiente (FALCONER, 1981). Os caracteres que revelam distribuição contínua e maior número de classes fenotípicas são influenciados diretamente pelas características do genótipo, ambiente e pela interação destes fatores, contudo, as magnitudes fenotípicas expressas são oriundas de efeitos herdáveis e não herdáveis (MATHER; JINKS, 1984).

A natureza herdável de um caráter é determinada pela variância genética aditiva presente naquela geração. Este componente de variância é baseado no grau de semelhança entre os genitores e a progênie, corresponde ao efeito médio destes alelos que influenciam a frequência gênica e possibilitam respostas eficazes através da seleção (FALCONER, 1981). Define-se que os componentes de variância são variâncias associadas aos efeitos aleatórios, ou seja, fatores de tratamento de um modelo matemático (BARBIN, 1993). Pesquisas revelam que ganhos genéticos no melhoramento de populações de milho foram obtidos baseando as seleções na variância genética aditiva (PACHECO et al., 1998). Estudos em genética quantitativa utilizaram a variância genética aditiva para obter genótipos intervarietais superiores, através da seleção recorrente recíproca (JUNIOR et al., 1993). O componente genético aditivo foi imprescindível para identificar a natureza herdável das dimensões, compostos bioativos e micronutrientes das sementes do milho (CARVALHO et al., 2016b).

Os efeitos não herdáveis expressos para um caráter estão relacionados aos desvios dos genes em dominância (interação alélica) e a epistasia (interação gênica), sendo influenciados por poucos locos ou através da interação destes locos

(aditivos ou em dominância), e pelos efeitos do ambiente (FALCONER, 1981). A dominância e a epistasia podem resultar na baixa relação da linhagem endogâmica com o híbrido obtido, estes fenômenos biológicos podem causar erros no processo de seleção dos genótipos superiores, onde as maiores evidências são atribuídas a epistasia por ser mais complexa, contribuir para a herança dos caracteres e na dinâmica de populações (HALLAUER et al., 1988). Estudos identificaram diferentes contribuições dos efeitos aditivos, de dominância e epistáticos na expressão da resistência a mancha foliar de feosféria em milho (PEGORARO et al., 2002).

A estimativa dos parâmetros genéticos é imprescindível para o melhoramento do milho, onde a herdabilidade representa a proporção genética herdável atribuída ao efeito médio dos genes em função da variação total do caráter, revela a semelhança entre as progênes e a capacidade preditiva para a próxima geração, em condições práticas mensura-se o fenótipo, mas o interesse do melhorista é direcionado ao valor genético (FALCONER, 1981; MATHER; JINKS, 1984). Estudos definem que a herdabilidade caracteriza-se como o grau de correspondência entre o genótipo da progênie e o valor de melhoramento de um caráter, para os caracteres quantitativos sua magnitude é baixa devido às ações de dominância, epistasia e os efeitos do ambiente (HALLAUER et al., 1988).

O sentido da herdabilidade é determinado através da variância genética utilizada nas estimativas (HALLAUER et al., 1988). Desta maneira, a herdabilidade com sentido amplo ($\hat{H}^2$) é oriunda da razão entre a variância genética total (efeitos aditivos, de dominância e epistáticos) e a variância fenotípica do caráter (MATHER; JINKS, 1984). A herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2$) é definida pela razão entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica do caráter (FALCONER, 1981). Para o melhoramento genético do milho Hallauer et al. (1988), classificaram a herdabilidade como sendo alta ($\hat{h}^2 > 70$), média ou intermediária ($30 < \hat{h}^2 < 70$) e baixa ($\hat{h}^2 < 30$).

- A herdabilidade com sentido amplo ($\hat{H}^2$) pode ser obtida pela seguinte equação (RAMALHO et al., 2012).

$$\hat{H}^2 = \frac{\sigma^2 G}{\sigma^2 F}$$

Sendo: $\sigma^2 G$ = variância genética e $\sigma^2 F$ = variância fenotípica.

- A herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2$) pode ser obtida pela seguinte equação (RAMALHO et al., 2012).

$$\hat{h}^2 = \frac{\sigma^2 A}{\sigma^2 F}$$

Sendo: $\sigma^2 A$ = variância genética aditiva e $\sigma^2 F$ = variância fenotípica.

Pesquisas realizadas por Nardino et al. (2016b), revelaram herdabilidade com sentido amplo para o comprimento da espiga ($\hat{H}^2$:0,70), massa da espiga ($\hat{H}^2$:0,65), massa de grãos da espiga ($\hat{H}^2$:0,62), massa do sabugo ($\hat{H}^2$: 0,70) e rendimento de grãos ($\hat{H}^2$:0,23), da mesma forma, Soares et al. (2011) e Baretta et al. (2016b), estimaram este parâmetro para a massa de cem grãos ($\hat{H}^2$:0,60 e 0,87), respectivamente. Carvalho et al. (2016b), obteve a herdabilidade com sentido restrito para a massa de cem grãos ($\hat{h}^2$:0,06), comprimento da semente ($\hat{h}^2$: 0,11), largura da semente ($\hat{h}^2$: 0,19), teor de sódio nas sementes ($\hat{h}^2$: 0,34), sólidos solúveis ($\hat{h}^2$: 0,25), flavonoides totais ($\hat{h}^2$: 0,08), carotenoides totais ($\hat{h}^2$: 0,48), potencial antioxidante pelo radical DPPH ($\hat{h}^2$: 0,26) e ABTS ($\hat{h}^2$: 0,07), Palomino et al. (2000), obteve $\hat{h}^2$: 0,25 para o rendimento de grãos.

1.1.8 Heterose

Caracteriza-se por ser um fenômeno biológico muito explorado pelo melhoramento genético do milho. Estudos de East (1936) e Shull (1912), definiram como sendo o aumento do vigor híbrido da progênie em relação aos seus respectivos genitores. A heterose pode ser obtida através do cruzamento de genitores geneticamente mais distantes ou basear-se em padrões heteróticos, que compreendem genitores com características pré-estabelecidas que ao serem cruzados incrementam o caráter (HALLAUER et al., 1988). O vigor híbrido ou heterose pode ser decorrente do cruzamento de linhagens endogâmicas, onde as progênies obtidas aumentam o caráter que foi reduzido pelos efeitos da endogamia (FALCONER, 1981).

- A heterose ($H\%$) pode ser obtida pela seguinte equação (RAMALHO et al., 2012).

$$H(\%) = \frac{\left(F1 - \left(\frac{G1+G2}{2} \right) \right)}{\left(\frac{G1+G2}{2} \right)} \times 100$$

Sendo que: $H\%$ = percentual de heterose, $F1$ = magnitude do caráter na progênie, $G1$ = magnitude do caráter no genitor materno e $G2$ = magnitude do caráter no genitor paterno.

A base genética da heterose é sustentada por teorias que consideram o nível de dominância, o acúmulo de alelos favoráveis em dominância parcial e a resposta múltipla de alelos em um loco (EAST, 1936; SHULL, 1912). Estudos apontam a contribuição das interações alélicas e a sobredominância (HULL, 1945), influência do número de genes, da frequência gênica e do nível de dominância (BRUCE, 1910), pode ser baseada pelo acúmulo de genes favoráveis em dominância localizados em diferentes locos (JONES, 1945).

Desta maneira, a importância dos efeitos da heterose foram enfatizados em pesquisas que utilizaram linhagens endogâmicas para a obtenção de híbridos com ênfase nos principais componentes do rendimento de grãos do milho (PATERNIANI et al., 2008; NARDINO et al., 2016b), para a obtenção de combinações híbridas com resistência a *Puccinia polysora* (DA SILVA et al., 2001), da mesma forma, utilizou-se a heterose intervarietal para incrementar as dimensões, os compostos bioativos e os micronutrientes em sementes de milho (CARVALHO et al., 2016b), bem como, a qualidade fisiológica das sementes produzidas (REIS et al., 2011).

1.1.9 Análise dialélica

As inferências biométricas obtidas através da análise dialélica são decorrentes do uso de delineamentos genéticos que possibilitam extrair informações cruciais ao melhorista. Os cruzamentos dialélicos visam recombinar a variabilidade genética disponível no programa de melhoramento e obter progênies com constituição gênica de ambos os genitores, que podem ser superiores ou inferiores aos seus respectivos genitores (HALLAUER et al., 1988). Os genitores com potencial de integrar um esquema de cruzamentos em dialelo devem diferir quanto aos seus alelos em determinado loco, desta maneira, modificações genotípicas e fenotípicas poderão ser obtidas na progênie (MATHER; JINKS, 1984).

A abordagem dialélica é amplamente utilizada em programas de melhoramento de milho, pois proporcionam inferir sobre os cruzamentos recíprocos, revelam quais foram os genitores maternos ou paternos mais indicados, pormenorizam se há presença de herança ou efeito materno para o caráter de interesse, possibilitam compreender a ação gênica envolvida, revelam qual a melhor

linhagem ou variedade a ser utilizada como genitor, além de explorar os efeitos da heterose e da capacidade de combinação (HALLAUER et al., 1988; FALCONER, 1981; NARDINO et al., 2016b).

A capacidade combinatória é atribuída à variação causada pelo efeito do cruzamento e pode ser explicada através da capacidade geral de combinação (CGC), que consiste no desempenho médio dos genitores e seu desvio em relação à média geral, sendo definida pela variância genética aditiva. No entanto, a capacidade específica de combinação (CEC) caracteriza-se por ser o desvio do cruzamento em relação ao esperado pelos seus genitores (CGC), sendo baseada nos efeitos genéticos não aditivos de dominância, sobredominância e epistasia (VENCOVSKY, 1978; FALCONER, 1981; HALLAUER et al., 1988). Desta maneira, deseja-se que pelo menos um dos genitores envolvidos na CEC apresente uma alta CGC (BORDALLO et al., 2005). A capacidade combinatória em milho é influenciada pelas características do genitor, ambiente de cultivo, interações gênicas e alélicas (NARDINO et al., 2016b). A CEC para um caráter quantitativo é dependente dos desvios de dominância, dos efeitos epistáticos, da heterozigose e da presença de alelos favoráveis (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995).

1.1.10 Interação genótipos x ambientes

A variação fenotípica é composta por efeitos genéticos aditivos e não aditivos (G), ações do ambiente de cultivo (A) e pela interação de genótipos x ambientes ($G \times A$), desta maneira, para identificar e quantificar os efeitos da interação $G \times A$ é imprescindível a presença de no mínimo dois genótipos cultivados em dois ambientes (MATHER; JINKS, 1984; CRUZ et al., 2014). O melhoramento genético do milho geralmente prioriza os caracteres controlados por um maior número de genes, sendo caracterizados como quantitativos de distribuição contínua (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Desta forma, maiores são as influências da interação $G \times A$ no âmbito econômico e agrícola, onde estes caracteres expressam respostas aleatórias e oriundas da sensibilidade do genótipo às variações abióticas e bióticas do ambiente de cultivo (LYNCH; WALSH, 1998).

A interação $G \times A$ influencia diretamente o melhoramento genético através das estratégias de condução e seleção das progênies (NUNES et al., 2002), dificulta a mensuração e a precisão nas inferências obtidas (ALLIPRANDINI et al., 1994), pode aumentar os custos financeiros e a demanda de tempo para obter ganhos

genéticos para os caracteres almejados na seleção (PEREIRA et al., 2016), pesquisas evidenciam que a base genética está intimamente relacionada com a resposta do genótipo à interação G x A, sendo os híbridos simples os mais responsivos a estas modificações (COSTA et al., 2011), com isso, os maiores efeitos são revelados em ensaios de competição e avaliação de híbridos de milho (RIBEIRO; ALMEIDA, 2011).

Ao identificar a presença da interação G x A para um determinado caráter torna-se necessário compreender a natureza deste fenômeno, onde as manifestações fenotípicas obtidas podem ser oriundas da interação simples, caracterizada quando os genótipos não alteram suas tendências dentro de um conjunto de ambientes, as diferenciações obtidas são apenas na magnitude do caráter, em contrapartida, a interação complexa é decorrente da baixa contribuição da fração genética na expressão fenotípica do genótipo entre os ambientes testados, sendo as variações do ambiente mais pronunciadas onde modificam a tendência e a magnitude do caráter. Pesquisas definem que a interação simples revela elevada correlação genotípica entre os ambientes testados (PUPIN et al., 2015), no entanto, quando há menores contribuições da fração genética ao fenótipo cultivado em diferentes ambientes, resulta na interação complexa com menor estabilidade fenotípica para o caráter (ROSADO et al., 2012).

O melhoramento de plantas visa reunir em um genótipo os alelos necessários para a expressão fenotípica ideal, desta maneira, as estratégias de melhoramento são baseadas em um ideótipo agrônomo e nas necessidades peculiares do âmbito agrícola (PATERNIANI, 1978). Segundo Eberhart e Russel (1966), um genótipo ideal deve evidenciar elevada média do caráter de interesse, estabilidade fenotípica, tolerância à ambientes desfavoráveis, e responder a melhoria do ambiente de cultivo (CRUZ et al., 2012). Pesquisas de Lynch e Walsh (1998), definiram a plasticidade fenotípica como sendo as modificações do fenótipo devido aos efeitos do ambiente em que a planta está inserida, em contrapartida, a estabilidade fenotípica refere-se à tendência quantitativa evidenciada constantemente na expressão fenotípica nos diferentes ambientes. Cruz et al. (2012), determinaram que a estabilidade fenotípica se baseia na capacidade do genótipo demonstrar comportamento previsível devido ao estímulo do ambiente, no entanto, a adaptabilidade aborda a capacidade dos genótipos em aproveitar vantajosamente o estímulo do ambiente onde são cultivados.

Neste contexto, a interação G x A pode ser um entrave ao melhoramento genético, sendo necessário compreender conceitos e utilizar metodologias biométricas para recomendar quais ambientes são considerados favoráveis ou desfavoráveis, da mesma forma, indicar quais são os melhores genótipos. Com base nestas necessidades o emprego do método de Annicchiarico (1992), proporciona revelar a estabilidade dos genótipos em relação à média do caráter para cada ambiente testado, onde os resultados são fundamentados na estimativa de um índice de confiança para cada genótipo, que permite inferir quais destes genótipos foram superiores e quais ambientes apresentam-se favoráveis ou desfavoráveis ao caráter de interesse (CRUZ et al., 2014). Pesquisas ressaltam a importância do método de Annicchiarico para definir quais ambientes foram considerados favoráveis ou desfavoráveis para a produtividade de grãos do milho (CARGNELUTTI FILHO et al., 2007; CARGNELUTTI FILHO et al., 2009), em contrapartida, pesquisas de Carvalho et al. (2016a), utilizaram esta técnica para definir quais foram os melhores híbridos simples e ambientes de cultivo para o percentual de proteína bruta nos grãos do milho.

1.1.11 Associações entre caracteres

Muitos dos caracteres de interesse ao melhoramento genético apresentam-se associados, com intuito de revelar estas inter-relações aplicam-se metodologias biométricas para estimar coeficientes de correlação fenotípicos (r_F), genéticos (r_G) e de ambiente (r_A) (LYNCH; WALSH, 1998). A correlação linear evidencia a tendência de associação entre dois caracteres, e a interpretação de sua magnitude e sentido deve ser cautelosa, no entanto, compreender estas associações possibilita ao melhorista revelar quais correlações são decorrentes dos efeitos genéticos (pleiotropia e ligações gênicas), da mesma forma quais destas podem modificar a dinâmica de seleção em programas de melhoramento, bem como, compreender se o ambiente pode agir sobre o valor adaptativo do caráter (FALCONER, 1981).

As causas genéticas estão atreladas a pleiotropia onde um determinando gene afeta simultaneamente dois ou mais caracteres (FALCONER, 1981), contudo, as ligações gênicas são decorrentes de genes fisicamente próximos que podem segregar conjuntamente, sendo um fenômeno transitório e instável (CHURATA et al., 1996). No entanto, a correlação de ambiente tem por finalidade indicar o sentido dos efeitos do ambiente na associação linear para ambos os caracteres

(FALCONER, 1987). Quando os sentidos dos coeficientes genéticos e de ambiente são opostos, torna-se um indicativo que as variações genéticas e de ambiente influenciam distintamente o caráter (FALCONER, 1987). Pesquisas evidenciam que o coeficiente de correlação fenotípico (r_F) quando inferior ao genético (r_G) indica que a manifestação fenotípica é controlada de forma superior por efeitos genotípicos, e sua interpretação pode ser usada nas estratégias de seleção por apresentar maior confiabilidade e eficiência (DE GONZÁLES et al., 1994).

- A correlação fenotípica (r_F) pode ser obtida pela seguinte equação (CRUZ et al., 2012; RAMALHO et al., 2012).

$$r_F = \frac{COV_{xy}}{\sqrt{\sigma^2_{F(x)} \cdot \sigma^2_{F(y)}}}$$

Sendo que: r_F = coeficiente de correlação fenotípico, COV_{xy} = covariância fenotípica entre os caracteres x e y , $\sigma^2 F(x)$ = variância fenotípica do caráter x , $\sigma^2 F(y)$ = variância fenotípica do caráter y .

- A correlação genética (r_G) pode ser obtida pela seguinte equação (CRUZ et al., 2012; RAMALHO et al., 2012).

$$r_G = \frac{COVG(xy)}{\sqrt{\sigma^2_{G(x)} \cdot \sigma^2_{G(y)}}}$$

Sendo que: r_G = coeficiente de correlação genotípico, $COVG(xy)$ = covariância genotípica entre os caracteres x e y , $\sigma^2 G(x)$ = variância genotípica do caráter x , $\sigma^2 G(y)$ = variância genotípica do caráter y .

- A correlação de ambiente (r_A) pode ser obtida pela seguinte equação (CRUZ et al., 2012; RAMALHO et al., 2012).

$$r_A = \frac{COVA(xy)}{\sqrt{\sigma^2_{A(x)} \cdot \sigma^2_{A(y)}}}$$

Sendo que: r_A = coeficiente de correlação de ambiente, $COV A(xy)$ = covariância de ambiente entre os caracteres x e y , $\sigma^2 A(x)$ = variância de ambiente para o caráter x , $\sigma^2 A(y)$ = variância de ambiente para o caráter y .

As correlações lineares apresentam-se imprescindíveis ao melhoramento, pois possibilitam compreender a magnitude e o sentido das associações fenotípicas e genotípicas dos caracteres morfológicos, dimensões do pendão e componentes do rendimento do milho (NARDINO et al., 2016b). Inter-relações fenotípicas foram realizadas para as dimensões da espiga e dos grãos em híbridos simples, duplos e triplos de milho (LOPES et al., 2007). Pesquisas realizadas em cinco ambientes de

cultivo na Região Sul do Brasil utilizaram 27 híbridos de milho, onde caracterizaram a importância dos coeficientes de correlação fenotípicos, genotípicos e de ambiente para obter respostas eficientes na seleção indireta para incrementar o número de grãos por espiga (NARDINO et al., 2016c). Estudos com famílias de meios-irmãos derivados de um híbrido composto de milho comprovaram a eficiência das associações entre caracteres, ao reunir as inferências da correlação linear fenotípica, genotípica e de ambiente juntamente a análise de trilha (CHURATA; AYALA-OSUMA, 1996).

A análise de trilha ou *Path analysis* foi descrita por Wright (1921) e utilizada em (1923), onde proporcionou uma melhor compreensão das associações entre os caracteres por desdobrar as correlações simples (LI, 1975). Esta metodologia permitiu quantificar a magnitude e a direção das associações entre caracteres complexos, revelando a importância dos efeitos diretos e indiretos sobre o caráter dependente (CRUZ et al., 2012). Esta análise permite determinar as inter-relações de causa e efeito para os caracteres estudados, em melhoramento genético é comumente utilizada para determinar a importância de caracteres primários e secundários da cultura, onde norteia a seleção indireta de genótipos promissores através de caracteres de interesse agrônomo (CRUZ et al., 2012). Para Nogueira et al. (2012), a compreensão das associações entre os caracteres torna-se imprescindível ao melhoramento genético pois auxilia no direcionamento de qual estratégia de seleção deve ser abordada.

Este método apresenta particularidades e seu coeficiente revela sentido positivo ou negativo, sendo este um coeficiente padronizado que permite relacionar caracteres aferidos em diferentes unidades físicas e não expressa notações em seus resultados (CRUZ et al., 2012). Em programas de melhoramento genético é necessário identificar quais caracteres revelam alta correlação com o caráter principal e o efeito direto deve ter sentido favorável a seleção, em contrapartida, sentidos opostos entre a correlação total e os efeitos diretos indicam ausência de associação de causa e efeito (CRUZ et al., 2004). Estudos revelam que a seleção indireta se apresenta viável e pode ser praticada para os caracteres de difícil mensuração, baixa herdabilidade e altamente influenciados pelo ambiente de cultivo (CRUZ et al., 2004; NARDINO et al., 2016c).

As associações permitem ao melhorista compreender a importância de cada caráter na expressão fenotípica dos demais caracteres, pois quando a seleção

indireta não é embasada nos efeitos dos demais caracteres pode acarretar em modificações nas características não desejáveis (SANTOS et al., 2000). Ramalho et al. (1993), determinou que a correlação e as inter-relações entre os caracteres foram importantes ao melhoramento de plantas, por determinarem o efeito da seleção procedida em determinado caráter e os efeitos desta sobre os demais caracteres da cultura.

Outra abordagem biométrica imprescindível ao melhoramento é o uso das correlações canônicas, que se baseiam na estimativa da máxima correlação entre os grupos de caracteres (CRUZ et al., 2012). Esta análise minimiza os problemas referentes à presença de apenas um caráter dependente, pois não distingue quais caracteres são dependentes ou independentes, proporciona revelar a máxima correlação entre os grupos (MORRISON, 1978). Cruz et al. (2012), revela que este método permite analisar as inter-relações de grupos com número variado de caracteres, onde as associações são explicáveis de maneira simples através de poucas correlações (CRUZ et al., 2004).

As associações entre grupos são possíveis através da presença de no mínimo dois caracteres de importância (CRUZ et al., 2012). Onde o número de correlações canônicas é igual ao número de caracteres que formam o menor grupo, e a magnitude destas correlações são inversamente proporcionais a ordem que foram estimadas (CRUZ et al., 2004). Cruz et al. (2012), revelam que o problema estatístico está vinculado a máxima estimativa da correlação linear entre os grupos, que determinam um coeficiente de ponderação em cada correlação linear dos caracteres. A estimativa destes coeficientes para os caracteres de interesse ao melhoramento genético facilita a identificação de genótipos promissores, sendo possível utilizar seus resultados para a seleção indireta (CARVALHO et al., 2015). Segundo Carvalho et al. (2004), a compreensão das relações entre os caracteres permite incrementar a eficiência da seleção, o que reflete diretamente no sucesso do programa de melhoramento genético. Santos e Vencovsky (1986), revelaram que as correlações identificam as associações entre os caracteres, onde a seleção de um determinado caráter pode influenciar os demais caracteres. A correlação canônica apresenta-se benéfica ao melhoramento genético e proporciona compreender as associações entre os grupos de caracteres de interesse agrônomo (COIMBRA et al., 2000).

1.1.12 Máxima verossimilhança restrita e o melhor preditor linear não viesado (RELM/BLUP)

O princípio da verossimilhança foi desenvolvido por Fischer em 1922, onde assume que o modelo é verdadeiro e somente os valores dos parâmetros necessitam ser determinados. Desta forma, a função da verossimilhança fornece uma medida exata da incerteza e resume toda a informação que os dados fornecem para um parâmetro desconhecido, suas estimativas são relativas e não absolutas, para grandes amostras os métodos convencionais aproximam-se dos resultados obtidos pela verossimilhança, sendo um método exato que independe do tamanho amostral ou da distribuição que os dados assumem (RESENDE et al., 2014). A verossimilhança é um modelo que considera conjuntamente os efeitos fixos e aleatórios sendo denominados de modelo misto, desta maneira, as inferências realizadas para os efeitos fixos são definidas como estimativas, em contrapartida, para os efeitos aleatórios o termo correto é predição (LYNCH; WALSH, 1998). Efeitos aleatórios são atribuídos aos fatores de variação referentes à amostra representativa da população, em contrapartida, efeitos fixos são atribuídos a aqueles fatores de variação delimitados e restritos à aos níveis pré-estabelecidos (BARBIN, 1993).

A máxima verossimilhança (ML) é baseada na obtenção do ponto da máxima função, sendo definida como a função de densidade de probabilidade conjunta para todas as observações experimentais, no entanto, como desvantagem este modelo não considera a perda dos graus de liberdade devido à estimativa dos efeitos fixos, o que culmina em estimadores viesados (RESENDE et al., 2014). Buscam-se obter estimadores consistentes, eficientes, que atendam a distribuição normal, seguindo os pressupostos de não tendenciosidade, imparcialidade, não ser viesado e que o estimador esteja centrado no próprio parâmetro. Este estimador deve apresentar consistência com propriedade assintótica, e seu valor não deve se alterar devido ao aumento do tamanho amostral, deve ser eficiente e revelar precisão com variância mínima (CECON et al., 2012).

Diante da necessidade de minimizar algumas imperfeições atribuídas ao método da máxima verossimilhança (ML), estudos de Patterson e Thompson (1971), desenvolveram a máxima verossimilhança restrita (REML) que permitiu eliminar o viés intrínseco da máxima verossimilhança, em contrapartida, manteve as demais propriedades dos estimadores não viesados e componentes positivos. A

abordagem REML permite decompor a variância total obtida em um determinado ensaio experimental em componentes de variância, sendo estes não influenciados pelos efeitos fixos do modelo e ponderados pelos graus de liberdade, isso proporcionou obter estimadores não viciados e fidedignos (RESENDE et al., 2014). O REML revela uma maior dificuldade matemática, mas possibilita obter os componentes de variância em situações onde não há normalidade e dados balanceados, permitindo que estas estimativas não sejam negativas (LYNCH; WALSH, 1998).

A compreensão do valor genético de um determinado genótipo é crucial ao melhoramento, onde a predição destes valores tornou-se possível a partir de 1963 através dos estudos de Henderson, que compilou em um só modelo o método dos mínimos quadrados de Yates (1931), os índices de seleção de Lush e Wright (1931) e as inferências obtidas pelo melhor preditor linear, denominando-se o novo modelo de melhor preditor linear não viesado (*Best Linear Unbiased Prediction - BLUP*). Estas técnicas computacionais iterativas estão comumente associadas às metodologias dos modelos mistos (REML) para obtenção dos componentes de variância e parâmetros genéticos (CRUZ et al., 2014; RESENDE et al., 2014). Utiliza-se a máxima verossimilhança restrita (REML) conjugada ao melhor preditor linear não viesado (BLUP), onde se assume que os componentes de variância são conhecidos e os efeitos genéticos são considerados aleatórios (CRUZ et al., 2014). A metodologia REML/BLUP maximiza a relação entre a predição do valor genético com o verdadeiro valor genético, onde se busca minimizar o erro de predição (RESENDE et al., 2014).

Pesquisas utilizando as metodologias dos modelos mistos (RELM/BLUP) foram empregadas na seleção de progênies de irmãos-completos em milho pipoca (FREITAS et al., 2014), na predição do uso eficiente do fósforo em híbridos de milho obtidos em um esquema de dialelo parcial (DO VALE et al., 2013), utilizado na estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos de caracteres voltados ao rendimento de grãos do milho (DE SOUZA et al., 2015), na predição do valor genético de híbridos simples, duplos e variedades de polinização aberta (BARETTA et al., 2016b), aplicados na seleção dos melhores híbridos de milho cultivados em diferentes ambientes da Região Sul do Brasil (NARDINO et al., 2016d).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. 1. ed. São Paulo, 1971. 485p.

ALLIPRANDINI, L.F.; DE TOLEDO, J.F.F.; FONSECA, JR. N.; DE ALMEIDA, L.A.; DE SOUZA. Efeitos da interação genótipo x ambiente sobre a produtividade da soja no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.29, n.9, p.433-1444, 1994.

AMORIM, E. P.; SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intra populacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, v. 64, n.3, p.561-567, 2005.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v.1,n.46, p.269-278, 1992.

BARDIN, D. **Componentes de variância: Teoria e aplicações**. 1. ed. Piracicaba: FEALQ, 1993. 120p.

BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; DANIELOWSKI, R.; DE SOUZA, H.; LUCHE, V. F. D. O.; DE SOUZA, V. Q.; DE OLIVEIRA, A. C.; DA MAIA, L. C. Characterization of dissimilarity among varieties in Brazilian maize germplasm. **Australian Journal Crop Science**,v.12, n.1, p.1601-1607, 2016a.

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

BERGAMASCHI, H.; RADIN, B.; ROSA, L.M.G.; BERGONCI, J.I.; ARAGONÉS, R.; SANTOS, A.O.; FRANÇA, S.; LANGENSIEPEN, M. Estimating maize water requirements using agrometeorological data. **Revista Argentina de Agrometeorologia**, v.1, n.1, p.23-27, 2001.

BERTOLINI, M.; FRANCHI, R.; FRISANCO, F.**Um astoriaan chetrentina**.1.ed. San Michele all'Adige:lsntituto Agrariodi, 2005. 250p.

BORDALLO, P. N.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GABRIEL, A. P. C. Análise dialética de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**,v.23, n.1, p.123-127, 2005.

BORÉM, A.; RIOS, S. A. **Milho Biofortificado**. 1. ed., Viçosa: Editora UFV, 2011. 211p.

BRUCE, A. B. The mendelian theory of heredity and the aumentation of vigor. **Science**, v.32, n.1, p.627-628, 1910.

BUCKLER, E. S.; STEVENS, N. M. **Maize origins, domestication, and selection**. 1. ed. New York: Columbia, 2006. 90p.

CARDOSO, W. S.; PAES, M. C. D.; GALVÃO, J. C. C.; RIOS, S.A.; GUIMARÃES, P.E.; SCHAFFERT, R.E.; BORÉM, A. Variabilidade de genótipos de milho quanto à composição de carotenoides nos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n.2, p.164-173, 2010.

CARGNELUTTI FILHO, A.; PERECIN, D.; MALHEIROS, E.B.; GUADAGNIN, J. P. Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados à produtividade de grãos de cultivares de milho. **Bragantia**, v.66, n.4, p.571-578, 2007.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; RIBOLDI, J.; GUADAGNIN, J.P.; Associação entre métodos de adaptabilidade e estabilidade em milho. **Ciência Rural**, v.39, n.2, p.340-347, 2009.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. 1.ed. Pelotas: UFPel, 2004. 142p.

CARVALHO, I. R.; KORCELSKI, C.; PELISSARI, G.; HANUS, A.; ROSA, G. Demanda hídrica das culturas de interesse agrônomo. **Enciclopédia Biosfera**, v.1, n.2, p.1-10, 2013.

CARVALHO, I. R.; NARDINO, M.; PELEGRIN, A. J.; FERRARI, M.; DEMARI, G. H.; SZARESKEI, V. J.; BARBOSA, M. H.; SOUZA, V. Q. Path analysis and Annicchiarico method applied in relation to protein in corn grains. **Australian Journal of Basic and Applied Sciences**, v.10, n.1, p.300-306, 2016a.

CARVALHO, I. R.; NARDINO, M.; DE PELEGRIN, A. J.; HOFFMANN, J. F.; POLETO, S. M.; FERRARI, M.; SZARESKEI, V. J.; MEIRA, D.; CHAVES, F. C.; DE SOUZA, V. Q.; DE OLIVEIRA, A. C.; DA MAIA, L. C. Estimate of genetic parameters in bioactive and micronutrient compounds of maize. **African Journal of Agricultural Research**, v.11, n.33, p.3123-3133, 2016b.

CARVALHO, I. R.; SOUZA, V. Q.; NARDINO, M.; FOLLMANN, D. N.; SCHMIDT, D.; BARETTA, D. Canonical correlations between morphological traits and yield components in dual-purpose wheat. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.12, n.8, p.690-697, 2015.

CASTRO, P. R. C.; KLUGE, R.A. **Ecofisiologia de cultivos anuais**. 1.ed. São Paulo: Nobel, 1999. 126p.

CECON, P. R.; SILVA, A. R.; NASCIMENTO, M.; FERREIRA, A. **Métodos Estatísticos**. 1.ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 229p.

CHURATA B.G; AYLA-OSUNA J.T. Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente e análise de trilha em caracteres avaliados no composto de milho (*Zea mays*) arquitetura. **Ceres**, v.43, n.249, p.10-20, 1996.

COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; CARVALHO, F. I. F.; AZEVEDO, R. Correlações canônicas: II – Análise do rendimento de grãos de feijão e seus componentes. **Ciência Rural**, v.30, n.1, p.31-35, 2000.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento – Acompanhamento da safra brasileira de grãos.** v. 5, n.1, disponível em <http://www.conab.gov.br/conteudos>, acesso em 17 de dezembro de 2017.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento – Acompanhamento da safra brasileira de grãos.** v. 4, n.1, disponível em <http://www.conab.gov.br/conteudos>, acesso em 07 de dezembro de 2016.

COSTA, E. F. N.; DE SOUZA, J.C.; LIMA, J.L.; CARDOSO, G.A.; Interação entre genótipos e ambientes em diferentes tipos de híbridos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.12, p.1433-1440, 2011.

COSTA, N. M. B.; BORÉM, A. **Biotecnologia em Saúde e Nutrição: Como o DNA pode enriquecer os alimentos.** 2. ed. Rio de Janeiro: Editora Rubio, 2013. 250p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético.** 4.ed.Viçosa: Editora UFV, 2012, 514p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.**3.ed. Viçosa: UFV, 2004, 480p.

CRUZ, C. D; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**, 5.ed. Viçosa: Editora UFV, 2014, 480p.

DA SILVA, H. P.; BARBOSA, M. P. M.; NASS, L. L.; CAMARGO, L. E. A. Capacidade de combinação e heterose para resistência a *Puccinia polysora Underw.* em milho. **Scientia Agricola**, v.58, n.4, p.777-783, 2001.

DE GONZÁLEZ, P.A.; LEMOS, M.A.; NETO, C.E.R.; DOS REIS, O.V.; TABOSA, J.N.; TAVARES, J.J. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois ciclos de seleção no milho dentado composto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.29, n.3, p.419-425, 1994.

DE SOUZA, V. Q.; BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I.R.; FOLLMANN, D. N.; KONFLANZ, V. A.; SCHMIDT, D. Variance components and association between corn hybrids morpho-agronomic characters. **Científica**, v.43, n.3, p.246-253, 2015.

DO VALE, J.C.; FRITSCHÉ-NETO, R. Genetic control of traits associated with phosphorus use efficiency in maize by REML/BLUP. **Revista Ciência Agronômica**, v.44 n.3, p.554-563, 2013.

DOEBLEY, J. Molecular evidence for gene flow among *Zea* species. **BioScience**, v.40, n.6, p.443-448, 1990.

DOEBLEY, J.; STEC, A. Inheritance of the morphological differences between maize and teosinte: comparison of results for two F2 populations. **Genetics**, v. 134, n.2, p.559-570, 1993.

EAST, E. M. Heterosis. **Genetics**, v.21, n.4, p.375-380, 1936.

EAST, E. M. Inbreeding in corn. **Rep Conn AgricExpStn**, v.1907, n.1, p.419-428, 1908.

EBERHART, R.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, n.1, p.36-40, 1966.

FALCONER, D. S. **Introdução a Genética Quantitativa**. 1.ed. Londres: Longman Group, 1981. 438p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1987. 450p.

FREITAS, I. L.; DO AMARAL JUNIOR, A. T.; VIANA, A.P.; PENA, G. F.; DA SILVA CABRAL, P.; VITTORAZZI, C.; DA CONCEIÇÃO SILVA, T.R. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/BLUP em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.11, pp.1464-1471, 2014.

GARBUGLIO, D. D.; JOSÉ BRANCO, M. F.; CELLA, M. Variabilidade genética em famílias S1 de diferentes populações de milho. **Acta Scientiarum**, v.31, n.2, p.209-213, 2009.

HALLAUER, A. R., J. B. MIRANDA F. **Quantitative Genectic in Maize Breeding**, 2.ed. Iowa State: University Press Ames, 1988. 650p.

HARLAN, J. R. **Crops and man**. 1.ed. Madison: American Society of Agronomy, 1992, 284p.

HULL, F H. Recurrent selection for specific combining ability. **Journal American Society Agronomy**, v. 37, n.1, p.134-145, 1945.

JONES, D. F. Heterosis resulting from degenerative changes. **Genetics**, v.30, n.6, p.527-537, 1945.

JONES, D. F. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v.4, n.8, p.246-250, 1918.

JUNIOR, C. L. S.; DOS SANTOS, M. X.; MAGNAVACA, R.; GOMES, E. E. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28, n.4, p.473-479, 1993.

LI, C. C. **Path analysis – a primer**. Box wood: Pacific Grove, 1975. 346p.

LIMA, G. J. M. M.; BELLAYER, C. **Grãos de valor agregado na produção rações para aves**, Brasília:Embrapa - CNPSA, 1999. 46p.

LIMA, M. W. P.; SOUZA, E. A.; RAMALHO, M. A. P. Procedimento para escolha de populações de milho promissoras para extração de linhagens. **Bragantia**, v.59, n.2, p.153-158, 2000.

LOPES, S. J.; LUCIO, A.D.; STORCK, L.; DAMO, H. P.; BRUM, B.; DOS SANTOS, V. J. Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**, v.37, n.6, p.1536-1542, 2007.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. 1.ed. Sunderland: Sinauer, 1998. 520p.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; CARNEIRO, N. P.; PAIVA, N. Fisiologia do milho. **Circular Técnica**, v.1, n.1, p.1-23. 2002.

MATHER, K; JINKS, J. L. **Introdução à genética biométrica**. 2.ed. Wantage: Grã-Bretanha, 1984. 240p.

MORRISON, D. F. **Multivariate statistical methods**. 2.ed. Tokyo: McGraw Hill. 1978. 415p.

NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; BARETTA, D.; FOLLMANN, D. N.; LESCHEWITZ, R.; OLIVOTO, T.; CARON, B. O.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L.; SOUZA, V. Q. Cycle segregation in crossings of landrace corn populations. **International Journal of Current Research**, v.8, n.1, p.37896-37900, 2016a.

NARDINO, M.; DE SOUZA, V.Q.; BARETTA, D.; KONFLANZ, V.A.; FOLLMANN, D.N.; CARVALHO, I.R.; FERRARI, M.; CARON, B.O.; SCHMIDT, D. Partial diallel analysis among maize lines for characteristics related to the tassel and the productivity. **African Journal of Agricultural Research**, v.11, n.11, p.974-982, 2016b.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I.R.; FOLLMANN, D. N.; KONFLANZ, V. A.; SOUZA, V. Q.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C. Correlações Fenotípica, Genética e de Ambiente entre caracteres de milho híbrido. **Revista Brasileira de Biometria**, v.34, n.1, p.379-394, 2016c.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I. R.; OLIVOTO, T.; FOLLMANN, D. N.; SZARESKEI, V. J.; FERRARI, M.; DE PELEGRIN, A. J.; KONFLANZ, V. A.; DE SOUZA, V. Q. Restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction (REML/BLUP) for analyzing the agronomic performance of corn. **African Journal of Agricultural Research**. V.11, n.48, p.4864-4872, 2016d.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v.28, n.6, p.877-888, 2012.

NUNES, G. D. S.; REZENDE, G. D. S. P.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. D. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, v.8, n.1, p.49-58, 2002.

OLIVEIRA JUNIOR, G. I.; MORAES, V. B.; COSTA, N. M. B.; PAES, M. C. D. **Importância nutricional do milho - Milho biofortificado**. 1.ed.Viçosa: Suprema Gráfica e Editora, 2011. 124p.

PACHECO, C. A. P.; GOMES, E. E.; DE OLIVEIRA GUIMARÃES, P. E.; DOS SANTOS, M. X.; DA SILVA FERREIRA, A. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.33, n.12, p.1995-2001, 1998.

PAES, M. C. D. **Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho**. 1.ed. Brasília: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 27p.

PALOMINO, E. C.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Tamanho da amostra para avaliação de famílias de meios-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.7, p.1433-1439, 2000.

PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. 1.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1978. 650p.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. **Melhoramento do milho - Melhoramento de espécies cultivadas**. 1. ed. Viçosa: UFV, 1999. 486p.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; GUIMARÃES, P.; LÜDERS, R. R.; GALLO, P. B.; SOUZA, A. D.; LABORDA, P.R.; OLIVEIRA, K.M. Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. **Bragantia**, v.67, n.3, p.639-648, 2008.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, n.1, p.545-554, 1971.

PEGORARO, D. G.; BARBOSANETO, J.F.; DAL SOGLIO, F. K.; VACARO, E. N.; CONCEIÇÃO, L. D. Herança da resistência à mancha-foliar de feosféria em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**.v.37 n.3. p.329-336. 2002.

PEREIRA, T.C.V.; SCHMIT, R.; HAVEROTH, E.J.; MELO, R.C.D.; COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; BACKES, R.L. Reflex of genotype x environment interaction the genetic improvement of bean. **Ciência Rural**, v.46, n.3, p.411-417. 2016.

PUPIN, S.; DOS SANTOS, A.V.D. A.; ZARUMA, D.U.G.; MIRANDA, A.C.; DA SILVA, P.H. M.; MARINO, C.L; SEBBENN, M.L; DE MORAES, M.L.T. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla* ST Blake. **Scientia Forestalis**, v.43, n.105, p.127-134, 2015.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. P.; ZIMMERMANN, M. J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: Aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. 1.ed. Goiânia:UFG, 1993. 271p.

RAMALHO, M.; SANTOS, J. B.; PINTO, C.B.; SOUZA, E.A.; GONÇALVES, F.M.A.; SOUZA, J.C. **Genética na Agropecuária**. 5. ed. Lavras:UFLA, 2012.565p.

REIS, L. S.; PEREIRA, R. F.; SILVA, R. C. MEIRELES. Efeito da heterose na qualidade de sementes de milho doce. **Revista Brasileira de Sementes**. v.33, n.2, p.310-315, 2011.

RESENDE, M.D.V.; SILVA, F. F. E.; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional: Modelos Mistos, Multivariados, Categóricos e Generalizados (REML/BLUP), Inferência Bayesiana, Regressão Aleatória, Seleção Genômica, QTL-GWAS, Estatística Espacial e Temporal, Competição, Sobrevivência**. 1. ed. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2014. 881p.

RIBEIRO, J. Z.; DE ALMEIDA, M. I. M. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.46, n.8, p.875-883, 2011.

RIBEIRO, L. P.; TEODORO, P. E.; CORRÊA, C. C. G.; OLIVEIRA, E. P.; SILVA, F. A.; TORRES, F. E. Correlações e parâmetros genéticos em híbridos de milho. **Bioscience Journal**. v.32, n.1, p.1-10, 2016.

RIOS, S.; ALVES, K.R., COSTA, N. M. B.; MARTINO, H. S. D. Biofortificação: culturas enriquecidas com micronutrientes pelo melhoramento genético. **Revista Ceres**, v.56, n.6, p.713-718, 2009.

ROSADO A.M; ROSADO T.B; ALVES A.A; LAVIOLA B.G; BHERING L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.7, p.964-971, 2012.

ROSTAGNO, H. S. **Tabelas brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos e exigências nutricionais**. 3.ed. Viçosa:UFV,2011. 252p.

SANTOS, J.; VENCOSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agrônômicos do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Prática**, v.10, n.3. p.265-272, 1986.

SANTOS, R. C.; CARVALHO, L. P.; SANTOS, V. F. Análise de coeficiente de trilha para os componentes de produção em amendoim. **Ciência e Agrotecnologia**, v.24, n.1, p.13-16, 2000.

SENGER C. C.; MÜHLBACH, P. R.; SÁNCHEZ, L. M.; NETTO, D. P.; DE LIMA, L. D. Composição química e digestibilidade 'in vitro' de silagens de milho com distintos teores de umidade e níveis de compactação. **Ciência Rural**. v.19, n.6, p.1393-1399, 2005.

SHULL, A. FRANKLIN. The influence of inbreeding on vigor in Hydatinasenta. **The Biological Bulletin**, v.24, n.1, p.1-13, 1912.

SHULL, G.H. A pure-line method of corn breeding. **Am. Breeders Assoc. Rep.** v.5, .n.1, p.51-59, 1909.

SOARES, M. O.; MIRANDA, G. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; MARRIEL, I. E.; GUIMARÃES, C. T. Parâmetros genéticos de uma população de milho em níveis contrastantes de nitrogênio. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, n.1, p. 168-174, 2011.

TEIXEIRA, F. F. **Milho cultivado no Brasil e banco de germoplasma: uma forma de classificação da variabilidade genética**. 1.ed. Brasília: Embrapa Milho e Sorgo, 2008. 27p.

USDA – **United States Department Of Agriculture - Agriculture statistics**. v. 4, n.1, disponível em <http://www.usda.gov/wps/portal/usda/usdahome>. Acesso em 07 de dezembro de 2016.

VENCOVSKY, R. **Herança quantitativa - Melhoramento e produção de milho no Brasil**. 1.ed. Piracicaba: Edição da Fundação Cargil, 1978. 309p.

VIEGAS, G. P.; MIRANDA FILHO, J. B. **Milho híbrido - Melhoramento e Produção do Milho no Brasil**. 1.ed. Piracicaba: Edição da Fundação Cargil, 1978. 309p.

VON PINHO R. G.; VASCONCELOS, R. D.; BORGES, I. D.; RESENDE, A. D. Produtividade e qualidade da silagem de milho e sorgo em função da época de semeadura. **Bragantia**, v.66, n.2, p.235-245, 2007.

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, v. 20, n.1, p.557-585, 1921.

WRIGHT, S. The theory of path coefficients: a replay to Niles' criticism. **Genetics**, v.8, n.3, p.239-255, 1923.

2 CAPÍTULO I

Componentes de variância, associações lineares e canônicas em milho

Componentes de variância, associações lineares e canônicas em milho

Resumo

O incremento constantemente dos níveis produtivos do milho se tornaria possível através do aumento da área semeada, uso das melhores tecnologias de manejo e genótipos mais produtivos, assim o objetivo deste trabalho foi estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML), as correlações lineares fenotípicas, genéticas, de ambiente e canônicas para os caracteres de interesse agrônomo em milho. Os experimentos foram conduzidos na safra agrícola 2013/2014 em quatro regiões agrícolas do Rio Grande do Sul. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados organizado em esquema fatorial, sendo 79 híbridos simples de milho x quatro ambientes de cultivo, dispostos em três repetições. Empregaram-se as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) através do método MHPRVG, obtendo-se a variância genotípica (σ^2G), variância da interação genótipos x ambientes (σ^2INT), variância residual (σ^2E), variância fenotípica individual (σ^2F), herdabilidade com sentido amplo para os efeitos genotípicos totais ($\hat{H}^2g$), herdabilidade da média do genótipo ($\hat{H}^2mg$), acurácia para a seleção de genótipos ($\check{r}g\check{g}$), coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes (C^2INT), correlação genotípica entre o desempenho dos ambientes ($\check{r}gloc$), coeficiente de variação genotípico (CVg), coeficiente de variação residual (CVe) e a média geral. Efetuou-se a correlação linear fenotípica, genética, de ambiente e a correlação canônica. Os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) obtêm maior contribuição da variação genética na interação genótipos x ambientes, e herdabilidade com sentido amplo para o diâmetro da espiga, número de fileiras de grãos da espiga e diâmetro do sabugo. Tendência linear fenotípica, genética e de ambiente positiva foi apresentada entre a prolificidade com o diâmetro da espiga, e a massa de grãos por espiga com o rendimento de grãos. Três pares canônicos foram significativos com dependência intergrupos, sendo o rendimento de grãos favorecido pela altura da planta, altura da inserção da espiga, prolificidade, diâmetro e número de grãos por fileira da espiga.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; biometria, melhoramento genético de plantas, inter-relações.

Components of variance, linear and canonical association in maize

Abstract

The constant increase of maize production levels would be possible by increasing the area sown, using the best management techniques and more productive genotypes. Therefore, the objective of this work was to estimate the components of variance and genetic parameters (REML), linear phenotypic, genetic, environmental and canonical correlation of agronomic traits in maize. The experiments were conducted in the 2013/2014 agricultural year, in four growing regions of Rio Grande do Sul. The randomized block design was arranged in a factorial scheme, being 79 single cross hybrids x four growing environments, arranged in three replicates. Estimates of variance components and genetic parameters (REML) were accessed through the MHPRVG method, obtaining the genotypic variance (σ^2G), variance of the genotypes x environments interaction (σ^2INT), residual variance (σ^2E), individual phenotypic variance (σ^2F), broad sense heritability for total genotypic effects ($\hat{H}^2mg$), heritability of genotypes means ($\hat{H}^2mg$), accuracy for genotype selection ($\check{r}g\check{g}$), coefficient of determination of the effects of genotypes x environments interaction (C^2INT), genotypic correlation between environment performance ($\check{r}gloc$), coefficient of genotypic variation (CVg), coefficient of residual variation (CVe) and overall mean. The linear phenotypic, genetic, environment and canonical correlation were performed. The components of variance and genetic parameters (REML) present greater contribution of the genetic variation for genotypes x environments interaction, and broad sense heritability for spike diameter, number of row of grains, and cob diameter. Positive linear tendencies were presented for phenotypic, genetic and environment between prolificity and spike diameter, and mass of grains per spike and grain yield. Three canonical pairs were significant with intergroup dependence, with grain yield being favored by plant height, spike insertion height, prolificity, diameter and number of grains per row in the spike.

Keywords: *Zea mays* L; biometrics; genetic breeding of plants; interrelationships.

2.1 Introdução

O milho (*Zea mays*L.) apresenta-se como um dos principais cereais cultivados no Brasil, com montante de produção de 82,3 milhões de toneladas de grãos e produtividade média de 5,4 toneladas por hectare referentes à safra 2015/2016 (CONAB, 2016). A importância do milho é conferida por sua vasta utilização, sendo matéria prima para alguns alimentos da dieta humana, como também, para suprir as necessidades alimentares de diversas cadeias produtivas (GARCIA et al., 2006). Neste contexto, é necessário incrementar constantemente os níveis produtivos do milho, o que se tornaria possível através do aumento da área semeada, uso das melhores tecnologias de manejo e genótipos mais produtivos (CARVALHO et al., 2014).

O rendimento de grãos é influenciado conjuntamente por fatores abióticos e bióticos, características intrínsecas do genótipo, ambiente de cultivo e pela interação genótipos x ambientes_(GxA) (COSTA et al., 2010). O melhoramento do milho enfrenta algumas interferências da interação G x A, tais como, a dificuldade de indicar os melhores genótipos, estabilidade e adaptabilidade fenotípica, a natureza da interação sendo simples ou complexa, e à resposta diferencial dos caracteres que determinam o potencial produtivo da cultura (RIBEIRO; ALMEIDA, 2011). Diante disso, algumas pesquisas apontam que a massa de grãos, as dimensões da espiga, o número de grãos por planta (LOPES et al., 2007), a estatura da planta (DE SOUZA et al., 2014), a prolificidade (DE CARVALHO et al., 2001), o número de grãos por fileira da espiga (BALBINOT JR et al., 2005) foram determinantes para incrementar o rendimento de grãos do milho.

Torna-se crucial compreender e quantificar a variação genética envolvida na manifestação fenotípica, e a fração dos efeitos da interação G x A provenientes dos efeitos genéticos, desta maneira, a obtenção dos componentes de variância e os parâmetros genéticos para os caracteres de importância agrônômica permitem revelar informações importantes ao melhorista, que futuramente servirão como amparo na decisão de qual estratégia de seleção pode ser procedida. Diante da busca por resultados mais fidedignos é viável aplicar metodologias baseadas em modelos mistos, levando em consideração a Máxima Verossimilhança Restrita (REML) que possibilita estimar de forma mais acurada os componentes de variância e parâmetros genéticos (RESENDE et al., 1996).

A correlação linear evidencia a tendência de associação entre dois caracteres, e a interpretação de sua magnitude e sentido deve ser cautelosa, o coeficiente fenotípico é decorrente de efeitos genéticos e de ambiente, onde às causas genéticas estão atreladas a pleiotropia que consiste em um determinado gene que afeta simultaneamente dois ou mais caracteres (FALCONER, 1987), e as ligações gênicas assumem natureza instável (CHURATA et al., 1996). A correlação de ambiente tem por finalidade indicar o sentido dos efeitos do ambiente na associação linear para ambos os caracteres (FALCONER, 1987). No entanto, devido ao grande número de caracteres mensurados, e a dificuldade na interpretação correta de suas inter-relações, busca-se empregar análises que demonstrem quais grupos de caracteres são determinantes aos principais componentes do rendimento, neste contexto, às correlações canônicas apresentam-se importantes ao melhoramento genético (CRUZ et al., 2012).

Devido às poucas informações reunindo a estimativa de componentes de variância e parâmetros genéticos por modelos mistos, correlações lineares e canônicas em híbridos simples de milho cultivados em distintos ambientes no Rio Grande do Sul, este trabalho teve o objetivo de estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML), as correlações lineares fenotípicas, genéticas, de ambiente e canônicas para os caracteres de interesse agrônomo em milho.

2.2 Material e Métodos

Os experimentos foram conduzidos na safra agrícola 2013/2014 em quatro regiões agrícolas do Rio Grande do Sul. O clima para todos os ambientes é caracterizado por Köppen como *Cfa* subtropical (MORENO, 1961). As informações referentes aos ambientes de cultivo estão contidas na Tabela 1.

O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados organizado em esquema fatorial, sendo 79 híbridos simples de milho x quatro ambientes de cultivo, dispostos em três repetições.

Os experimentos foram embasados no sistema de semeadura direta, realizada na segunda quinzena de setembro de 2013, a adubação de base utilizada foi de 400 kg ha⁻¹ de NPK na formulação (10-20-20), por cobertura aplicou-se 135 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma amídica nos estádios V₄ e V₆ (FANCELLI; DOURADO NETO, 2000). A densidade populacional empregada foi de 80000 plantas por

hectare. A unidade experimental foi composta por quatro linhas espaçadas por 0,5 metros e cinco metros de comprimento. O controle de plantas daninhas e insetos-praga foram realizados de maneira preventiva com intuito de minimizar os efeitos bióticos nos resultados dos experimentos.

Os caracteres de interesse foram mensurados na área útil de cada unidade experimental a qual foi composta por duas linhas centrais, onde se descartou 0,5 metros de cada extremidade. Os caracteres aferidos seguiram a metodologia proposta por Carvalho et al. (2014) e De Souza et al. (2015a), sendo estes: altura da planta (AP), resultados em centímetros (cm); altura de inserção da espiga (AE), resultados em cm; prolificidade (PRO), resultados em unidades; diâmetro da espiga (DE), resultados em milímetros (mm); comprimento da espiga (CE), resultados em cm; número de fileiras de grãos da espiga (NF), resultados em unidades; número de grãos por fileira da espiga (NGF), resultados em unidades; diâmetro do sabugo (DS), resultados em mm; massa do sabugo (MS), resultados em gramas (g); massa da espiga (ME), resultados em g; massa de grãos da espiga (MGE), resultados em g; massa de mil grãos (MMG), resultados em g; rendimento de grãos (RG), resultados em kg ha^{-1} .

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância a 5% de probabilidade, com intuito de verificar as pressuposições, realizou-se o teste de normalidade por Shapiro Wilk (1965) e homogeneidade das variâncias (STEEL et al., 1997). Posteriormente, efetuaram-se as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) através do método MHPRVG, utilizando o modelo 54 (RESENDE, 2007), seguiu-se o modelo estatístico: $y = Xr + Zg + Wi + e$ onde: y : é o vetor de dados, r : são os efeitos das repetições (fixos), g : são os efeitos genotípicos (aleatórios), i : são os efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios), e : são os resíduos (aleatórios). Estimou-se, a variância genotípica (σ^2G), variância da interação genótipos x ambientes (σ^2INT), variância residual (σ^2E), variância fenotípica individual (σ^2F), herdabilidade com sentido amplo para os efeitos genotípicos totais ($\hat{H}^2g$), herdabilidade da média do genótipo ($\hat{H}^2mg$), acurácia para a seleção dos genótipos ($\check{r}g\check{g}$), coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes (C^2INT), correlação genotípica entre o desempenho dos ambientes ($\check{r}gloc$), coeficiente de variação genotípico (CVg), coeficiente de variação residual (CVe) e a média geral.

Realizou-se a análise conjunta dos dados onde todos os caracteres foram

submetidos à correlação linear fenotípica, e a significância foi obtida pelo teste t a 1 e 5% de probabilidade (STEEL et al., 1997), da mesma forma, determinou-se as correlações genéticas e de ambiente com a significância embasada no método de *bootstrap* através de 10 mil simulações, totalizando (N) 948 observações. Posteriormente, a matriz fenotípica foi submetida ao diagnóstico de multicolinearidade através do número de condições (NC) da matriz (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Subdividiu-se em caracteres primários do rendimento (grupo I) sendo estes: ME, MGE, MMG e RG, e caracteres secundários (grupo II) que compreenderam: AP, AE, PRO, DE, CE, NF, NGF, DS e a MS. Procedeu-se a análise de correlação canônica, onde a significância entre os grupos de caracteres foi obtida pelo teste do qui-quadrado (CRUZ; REGAZZI, 1997). As análises estatísticas foram realizadas através do software GENES (CRUZ, 2013).

2.3 Resultados e Discussão

Os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) foram estimados para os 79 híbridos simples de milho cultivados em quatro ambientes do Rio Grande do Sul (Tabela 2). A magnitude fenotípica do caráter está intimamente relacionada aos efeitos atribuídos ao ambiente, e uma fração é decorrente da variação genética presente. Desta forma, ao estabelecer uma relação entre a variância fenotípica individual (σ^2_F) e a variância genotípica (σ^2_G), é possível evidenciar que o diâmetro da espiga (DE), número de fileiras de grãos da espiga (NF), diâmetro do sabugo (DS), massa do sabugo (MS) e massa de mil grãos (MMG) foram determinados por 31,2%, 32,2%, 45,0%, 27,9% e 20,9% devido aos efeitos genéticos, respectivamente. Em contrapartida, a prolificidade (PRO) e a massa da espiga (ME) apresentam maiores influências do ambiente em suas proporções fenotípicas. Estudos envolvendo 25 híbridos de milho cultivados em seis ambientes revelaram que a massa de grãos da espiga (4,2%) e o número de ramificações do pendão (30,9%) foram os caracteres mais influenciados pelos efeitos genéticos (DE SOUZA et al., 2015b).

As maiores contribuições relativas da variação genotípica (σ^2_G) à variância da interação genótipos x ambientes (σ^2_{INT}) foram verificadas para o DE (78,6%), NF (92,9%), e DS (91,0%), no entanto, a variância fenotípica individual (σ^2_F) contribuiu de forma superior aos caracteres AE (78,1%), ME (77,4%), MGE (92,6%) e ao RG

(66,0%). A herdabilidade revela a fração da variância genética existente na variância fenotípica, e pode indicar confiabilidade e precisão experimental para o fenótipo (RAMALHO et al., 2012). Diante disso, a herdabilidade com sentido amplo para os efeitos genotípicos totais sem a interferência da interação genótipos x ambientes ($\hat{H}^2_g$) evidenciou maiores magnitudes aos caracteres DE (0,31), NF (0,32), DS (0,45), MS (0,27) e MMG (0,24), da mesma forma, a herdabilidade com sentido amplo da média do genótipo ($\hat{H}^2_{mg}$) foi considerada alta para os caracteres DE (0,81), NF (0,84) e DS (0,89).

Maiores acurácias proporcionam elevada precisão experimental, eficácia nas estratégias de seleção e ganhos genéticos aos caracteres (DA COSTA et al., 2000). Altas acurácias ($0,70 < \hat{r}_{gg}$) foram obtidas para os caracteres AP, DE, CE, NF, NGF, DS, MS e MMG, moderadas ($0,50 < \hat{r}_{gg} < 0,65$) para AE, ME e RG, e baixas ($0,10 < \hat{r}_{gg} < 0,40$) para PRO e MGE segundo Resende e Duarte (2007). O coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes (C^2_{INT}) indica a participação dos efeitos da interação na variação total do caráter, onde a AP e AE apresentaram as maiores intensidades com 0,30 e 0,36, respectivamente.

A correlação genotípica entre o desempenho dos ambientes ($\hat{r}_{gloc}$) apresenta-se elevada ($0,70 < \hat{r}_{gloc}$) para os caracteres DE (0,78), NF (0,92) e DS (0,90) e revelam a maior participação da interação caracterizada como simples (PUPIN et al., 2015). Coeficientes baixos ($\hat{r}_{gloc} < 0,50$) foram expressos para a AP (0,30), AE (0,21), PRO (0,18), ME (0,22), MGE (0,07) e RG (0,33), para estes caracteres a baixa correlação genotípica entre os ambientes indicam maiores efeitos da interação com natureza complexa, e resulta em menor estabilidade fenotípica dos genótipos (ROSADO et al., 2012).

O coeficiente de variação genotípico (CV_g) apresentou maiores magnitudes aos caracteres MS (14,54%) e MMG (8,11%) e indica maior variabilidade genética dos híbridos simples de milho para estes caracteres. Para a AP (4,16%), PRO (3,69%), DE (4,05%) e a MGE (3,49%) revelou-se as menores contribuições da variação genética ao desempenho fenotípico. O coeficiente de variação residual (CV_e) apresenta-se superior para o RG (29,25%), devido este caráter ser influenciado por 9,53% pela interação genótipos x ambientes (σ^2_{INT}) e 14,44% devido aos efeitos residuais (σ^2_E).

A média geral do rendimento de grãos (RG) para os híbridos simples de milho cultivados nas quatro regiões produtoras do Rio Grande do Sul foi de 8449,61 kg ha⁻¹

de grãos, os resultados médios obtidos apresentam-se 47,00% superiores à média brasileira (4478,00kg ha⁻¹), 15,42% acima da média (7146,00kg ha⁻¹) da Região Sul, e 34,38% superior às produtividades obtidas no Rio Grande do Sul (5544,00 kg ha⁻¹) para a safra 2013/2014 (CONAB, 2015).

Realizou-se as estimativas das correlações lineares para os caracteres AP, AE, PRO, DE, CE, NF, NGF, ME, MGE, MMG, RG, DS, e MS mensurados em 79 híbridos simples de milho cultivados em quatro ambientes (N=948) do Rio Grande do Sul (Tabela 3). Sendo 78 associações lineares realizadas, onde 56 correlações fenotípicas (r_F) foram significativas pelo teste t , 9 correlações genotípicas (r_G) e 70 correlações de ambiente (r_A) foram significativas pelo método de bootstrap a 5% de probabilidade, onde os coeficientes de correlação linear seguiram a classificação proposta por Carvalho et al. (2004). De maneira geral, as associações genotípicas significativas apresentam coeficientes superiores aos fenotípicos, estudos determinam que estas tendências sejam decorrentes da maior contribuição da fração genética à expressão fenotípica do caráter com menores efeitos do ambiente (CHURATA et al., 1996).

As associações lineares apresentaram-se significativas para PRO x DE ($r_F=0,35$; $r_G=0,59$; $r_A=0,10$) e MGE x RG ($r_F=0,70$; $r_G=0,75$; $r_A=0,32$), os resultados apontam que há tendência genética positiva dos híbridos de milho em incrementar o número de espigas por planta e conjuntamente o diâmetro da espiga, da mesma forma, espigas com maior massa de grãos estão associadas a genótipos mais produtivos. Para ambas às associações lineares a influência do ambiente foi similar, com efeitos positivos ao incremento dos caracteres. O coeficiente de correlação fenotípico (r_F) quando inferior ao genético (r_G) indica que a manifestação fenotípica é controlada de forma superior por efeitos genotípicos, e sua interpretação pode ser usada nas estratégias de seleção por apresentar maior confiabilidade e eficiência (DE GONZÁLES et al., 1994).

Tendências fenotípicas e genotípicas foram negativas para o DE x NGF ($r_F=-0,22$; $r_G=-0,40$; $r_A=0,41$) e NGF x DS ($r_F=-0,44$; $r_G=-0,58$; $r_A=0,15$), no entanto, os efeitos de ambiente apresentaram-se positivos. Espigas com menor diâmetro tendem a reduzir geneticamente o número de grãos contidos em cada fileira da espiga, e conseqüentemente obtém sabugos com menor diâmetro. Para ambas às associações, os efeitos de ambiente influenciaram com mesmo sentido estes caracteres, desta forma, quando os sentidos dos coeficientes genéticos e de

ambiente são opostos, torna-se indicativo que a variação genética e ambiental determinou distintamente o caráter (FALCONER, 1987).

Associações genéticas negativas foram observadas para o CE x DS ($r_G=-0,26$; $r_A=0,31$) e NGF x MS ($r_G=-0,40$; $r_A=0,48$), contudo, efeitos do ambiente foram evidenciados positivamente. Tendências apontam que as espigas com dimensões longitudinais superiores reduzem o diâmetro do sabugo, esta associação foi comprovada devido à relação inversa expressa através do número de grãos por fileira da espiga e a massa do sabugo. O rendimento de grãos apresenta-se dependente de um conjunto de caracteres agrônômicos, neste contexto, foi possível evidenciar que a PRO x RG ($r_G=0,65$; $r_A=-0,16$) revelou correlação genética alta e positiva, no entanto, os efeitos de ambiente apresentaram associações negativas, pois quando às características genéticas influenciam benéficamente esta associação, o ambiente de cultivo tende a penalizar seus efeitos.

O caráter altura da planta (AP) revelou tendências fenotípicas e de ambiente positivas com AE ($r_F=0,80$; $r_A=0,61$), DE ($r_F=0,42$; $r_A=0,23$), ME ($r_F=0,42$; $r_A=0,28$), MGE ($r_F=0,42$; $r_A=0,24$), MMG ($r_F=0,39$; $r_A=0,29$), RG ($r_F=0,37$; $r_A=0,17$), DS ($r_F=0,23$; $r_A=0,07$) e MS ($r_F=0,32$; $r_A=0,26$). As associações lineares demonstram que plantas com maior estatura incrementam a altura de inserção da espiga, e podem modificar a disposição das espigas e o ponto de equilíbrio da planta, conjuntamente modificam-se as dimensões e a massa da espiga tornando-se positivo ao rendimento de grãos, no entanto, pode resultar em acamamento e quebra de colmos nas condições de campo. Pesquisas definem que a altura da planta em milho apresenta-se dependente da área e arquitetura foliar, eficiência fotossintética, balanço hormonal (DE SOUZA et al., 2015), altamente influenciada pela interação genótipos x ambientes, nível tecnológico do genótipo utilizado, e disponibilidade hídrica (CARVALHO et al., 2014).

A prolificidade (PRO) demonstrou associação fenotípica baixa e positiva com a ME ($r_F=0,23$; $r_A=0,10$), DS ($r_F=0,25$; $r_A=0,07$) e MS ($r_F=0,25$; $r_A=0,08$), contudo, efeitos de ambiente apresentaram magnitudes baixas e positivas para todas as associações. Os resultados obtidos indicam que o incremento do número de espigas por planta beneficiou o aumento da massa da espiga, no entanto, isso pode ser decorrente das maiores dimensões e da massa do sabugo, sendo esta uma estrutura dispendiosa que se caracteriza como um dreno de assimilados para a planta.

O diâmetro da espiga (DE) apresentou correlação fenotípica e de ambiente positiva com o NF ($r_F=0,55$; $r_A=0,40$), ME ($r_F=0,71$; $r_A=0,68$), MGE ($r_F=0,64$; $r_A=0,64$), MMG ($r_F=0,61$; $r_A=0,52$), RG ($r_F=0,57$; $r_A=0,24$), DS ($r_F=0,76$; $r_A=0,55$) e MS ($r_F=0,59$; $r_A=0,59$). Conjuntamente, o comprimento da espiga (CE) esteve associado como NGF ($r_F=0,46$; $r_A=0,64$), ME ($r_F=0,46$; $r_A=0,66$), MGE ($r_F=0,49$; $r_A=0,64$), MMG ($r_F=0,33$; $r_A=0,41$) e o RG ($r_F=0,28$; $r_A=0,21$). O diâmetro e o comprimento da espiga apresentam tendências similares, que resultaram em espigas com dimensões e massa superior. No entanto, a magnitude e a massa de grãos também foram incrementadas, e conseqüentemente o rendimento de grãos. Os efeitos de ambiente foram positivos para todas estas associações, evidenciando que fenotipicamente estes caracteres são inerentes aos efeitos do ambiente. O comprimento e o diâmetro da espiga são determinantes para a massa de mil grãos e a massa de grãos da espiga, sendo estes caracteres indicados para proceder à seleção indireta e obter genótipos de milho mais produtivos (LOPES et al., 2007).

O número de fileiras de grãos da espiga (NF) associa-se negativamente ao NGF ($r_F=-0,27$). Em contrapartida, tendências positivas fenotípicas e de ambiente foram obtidos com a ME ($r_F=0,26$; $r_A=0,24$), MGE ($r_F=0,26$; $r_A=0,21$), DS ($r_F=0,46$; $r_A=0,37$) e MS ($r_F=0,24$; $r_A=0,22$). O número de grãos por fileira da espiga (NGF) revelou tendência fenotípica e de ambiente positiva com a MGE ($r_F=0,28$; $r_A=0,61$), em contrapartida, o coeficiente fenotípico foi baixo e negativo com a MMG ($r_F=-0,26$; $r_A=0,21$) juntamente aos efeitos de ambiente positivos para esta associação. As tendências indicam que genótipos com maior número de fileiras de grãos na espiga podem reduzir o número de grãos por fileira e a massa individual destes grãos, no entanto, incrementam a massa de grãos da espiga. O número de grãos da espiga, às dimensões e a massa do grão, juntamente com a prolificidade apresentaram-se imprescindíveis para elevar o potencial produtivo do milho, contudo, são caracteres muito influenciados pelos efeitos do ambiente (AGRAMA, 1996).

A massa da espiga (ME) revelou tendência fenotípica elevada e positiva com a MGE ($r_F=0,91$; $r_A=0,84$), MMG ($r_F=0,70$; $r_A=0,56$) e o RG ($r_F=0,63$; $r_A=0,31$), observa-se que para todas as associações houve uma fração considerável de efeitos de ambiente positivos que influenciaram as relações similarmente. Espigas de massa superior resultam no aumento da massa de grãos por espiga, sendo benéfico ao rendimento do milho. As associações obtidas nestas condições corroboram com as pesquisas desenvolvidas com linhagens de milho, onde se

verificou que a massa de mil grãos e a massa total da espiga apresentou efeito direto sobre a produtividade de grãos e podem ser utilizadas como estratégia de seleção eficiente em um programa de melhoramento (DE SOUZA et al., 2014).

O diagnóstico de multicolinearidade foi realizado e obteve-se um número de condição de 78,09 sendo este caracterizado como fraco, não havendo problemas com a matriz. As correlações canônicas foram realizadas entre os caracteres primários do rendimento (grupo I) correspondentes a ME, MGE, MMG e RG, e os caracteres secundários (grupo II) tais como a AP, AE, PRO, DE, CE, NF, NGF, DS e a MS. Diante dos resultados obtidos três pares canônicos foram significativos ($p < 0,01$) pelo teste do qui-quadrado (Tabela 4).

O primeiro par canônico revelou correlação de $r=0,83$ entre os grupos, desta forma, um coeficiente de correlação intergrupo quando elevado evidencia alta dependência entre os grupos de caracteres (CARVALHO et al., 2015). As inter-relações canônicas definem que o incremento da massa da espiga e a massa de grãos da espiga (grupo I), foram favorecidos pela altura da planta, altura de inserção da espiga, prolificidade, diâmetro e o comprimento da espiga, número de fileiras e grãos por fileira da espiga, diâmetro e massa do sabugo (grupo II).

Os genótipos de milho com plantas de maior estatura podem evidenciar habilidade competitiva superior, isso possibilita interceptar mais eficientemente a energia fotossinteticamente ativa, devido a estas plantas possuírem mais área foliar, desta forma, podem suprir a necessidade de assimilados para formar e manter mais espigas por planta, e ainda fazer com que estas tenham maiores dimensões. Estas associações foram comprovadas em pesquisas realizadas com híbridos de milho cultivados em seis ambientes, onde a massa de grãos da espiga e o rendimento de grãos foram incrementados por plantas de maior estatura e área foliar (DE SOUZA et al., 2015b).

O segundo par canônico revelou correlação de $r=0,75$ intergrupos, estando estes associados. Desta forma, a menor massa de mil grãos (grupo I) foi obtida em espigas com maior comprimento, número de fileiras e de grãos por fileira, no entanto, em plantas menos prolíficas e sabugos de menor diâmetro. As tendências canônicas são justificáveis quando às espigas revelam maiores dimensões e foram adequadamente fertilizadas, diante disso, o número de grãos por espiga aumenta, modifica a disposição dos grãos na espiga, e reduz o espaço disponível para a expansão de cada grão, portanto, a planta com menor número de espigas poderá

direcionar seus assimilados para menos drenos formando mais grãos por espiga, porém, grãos mais leves. O potencial produtivo do milho é dinamicamente dependente da arquitetura e área foliar, taxa fotossintética, polinização e fertilização eficiente dos óvulos, número de grãos formados por espiga, acúmulo e expansão de carboidratos no endosperma e tamanho dos grãos (MAGALHÃES; DURÃES, 2006).

O terceiro par canônico apresentou correlação de $r=0,58$ intergrupos, onde a ênfase é atribuída ao rendimento de grãos (grupo I), sendo este desfavorecido pelo aumento do diâmetro e da massa do sabugo, entretanto, é determinado pela altura da planta, altura de inserção da espiga, prolificidade, diâmetro da espiga e número de grãos por fileira da espiga (grupo II). Nas condições em que o estudo foi realizado, um potencial produtivo superior foi obtido em genótipos com maior estatura, prolíficos, e diâmetro da espiga inversamente proporcional às dimensões do sabugo, proporcionando o aumento da profundidade dos grãos. Pesquisas utilizando a análise de trilha com o rendimento de grãos como dependente evidenciam que este caráter foi determinado pela massa de grãos e dimensões da espiga (LOPES et al., 2007), prolificidade (DE CARVALHO et al., 2001), e altura de inserção da espiga (DE SOUZA et al., 2014).

Diante dos resultados obtidos foi possível identificar a contribuição dos componentes de variância (REML) para evidenciar a fração genética responsável pela manifestação do fenótipo, e ainda obter parâmetros genéticos ponderados pelos efeitos da interação genótipos x ambientes, conjuntamente elencar quais associações lineares fenotípicas, genéticas e de ambiente foram pronunciáveis entre os caracteres de interesse, e as inter-relações canônicas que foram estabelecidas para os caracteres primários do rendimento (grupo I) e secundários (grupo II), isto poderá auxiliar as futuras estratégias de seleção em um programa de melhoramento genético do milho, com intuito de obter genótipos superiores em produtividade de grãos.

2.4 Conclusões

Os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) obtêm maior contribuição da variação genética na interação genótipos x ambientes e herdabilidade com sentido amplo para o diâmetro da espiga, número de fileiras de grãos da espiga e diâmetro do sabugo.

Tendência linear fenotípica, genética e de ambiente positiva foi apresentada entre a prolificidade como diâmetro da espiga, e a massa de grãos por espiga com o rendimento de grãos.

Três pares canônicos foram significativos com dependência intergrupos, sendo o rendimento de grãos favorecido pela altura da planta, altura de inserção da espiga, prolificidade, diâmetro e número de grãos por fileira da espiga.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRAMA H.A. Sequential path analysis of grain yield and its components in maize. **Plantbreeding**. v.115, n.5, p.343-346, 1996.

BALBINOT J.R.A.; BACKES, R.; ALVES, A.; OGLIARI, J.; FONSECA, J. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. **Current Agricultural Science and Technology**. v.11, n.2, p.1-10, 2005.

CARVALHO, F.D.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal. 1.ed. **Pelotas: UFPel**, 2004. 124p.

CARVALHO, I.R.; DE SOUZA, V.Q.; FOLLMANN, D.N.; NARDINO, M.; SCHMIDT, D. Desempenho agrônomo de híbridos de milho em ambiente irrigado e sequeiro. **Enciclopédia Biosfera**. v.10, n.18, p.1144-1153, 2014.

CARVALHO, I.R.; DE SOUZA, V.Q.; NARDINO, M.; FOLLMANN, D.N.; SCHMIDT, D.; BARETTA, D. Correlações canônicas entre caracteres morfológicos e componentes de produção em trigo de duplo propósito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.50, n.8, p.690-697, 2015.

CHURATA, B.G.; AYLA-OSUNA, J.T. Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente e análise de trilha em caracteres avaliados no composto de milho (*Zeamays*). **Ceres**, v.43, n.249, p.01-20, 1996.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento – Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. v. 5, n.1, disponível em <http://www.conab.gov.br/conteudos>, acesso em 07 de dezembro de 2016.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento – Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. v. 2, n.9, disponível em <http://www.conab.gov.br/conteudos>, acesso em 15 de maio de 2015.

COSTA, N.F.E.; DE SOUZA, C. J.; LIMA, J.L.; CARDOSO, A.G. Interação entre genótipos e ambientes em diferentes tipos de híbridos de milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**. v.45, n.12, p.1433-1440, 2010.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4.ed. Viçosa: Editora UFV, 2012, 514p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2003, 480p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

CRUZ, C.D. GENES a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.1, p.271-276, 2013.

DA COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.; DE ARAÚJO, A.J. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa agropecuária brasileira**. v.35, n.2, p.381-388, 2000.

DE CARVALHO, C.G.; BORSATO, R.; CRUZ, C.D.; VIANA, J. M. Path analysis under multicollinearity in S0 x S0 maize hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.1, n.3, p.263-270, 2001.

DE GONZÁLEZ, P.A.; LEMOS, M.A.; NETO, C.E.R.; DOS REIS, O.V.; TABOSA, J.N.; TAVARES, J.J. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois ciclos de seleção no milho dentado composto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.29, n.3, p.419-425, 1994.

DE SOUZA, T.V.; RIBEIRO, C.M.; SCALON, J.D.; GUEDES, F.L. Relações entre componentes de rendimento e características morfológicas de milho. **Magistra**, v.26, n.4, p.495-506, 2014.

DE SOUZA, V.Q.; CARVALHO, I.R.; FOLLMANN, D.N.; NARDINO, M.; BELLÉ, R.; BARETTA, D.; SCHMIDT, D. Desfolhamento artificial e seus efeitos nos caracteres morfológicos e produtivos em híbridos de milho. **Revista brasileira de milho e sorgo**, v.14, n.1, p.61-74, 2015a.

DE SOUZA, V.Q.; BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I.R.; FOLLMANN, D.N.; KONFLANZ, V.A.; SCHMIDT, D. Variance components and association between corn hybrids morpho-agronomic characters. **Científica**, v.43, n.3, p.246-253, 2015b.

EMBRAPA, **Centro Nacional de Pesquisa de Solos - Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2.ed. Rio de Janeiro: Embrapa, 2006. 306p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1987. 450p.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de Milho**. 1.ed. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360p.

GARCIA J.C.; MATTOSO, M.J.; DUARTE, J.D.; CRUZ, J.C. Aspectos econômicos da produção e utilização do milho. **Circular Técnica**, v.25. n.1, p.01-25, 2006.

LOPES, S.J.; LÚCIO, A.D.C.; STORCK, L.; DAMO, H.P.; BRUM, B.; DOS SANTOS, V. J. Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**. v.37, n.6, p.1536-1542, 2007.

MAGALHÃES P.C; DURÃES F.O. Fisiologia da produção de milho. **Circular Técnica**, v.26. n.1, p.01-27, 2006.

MORENO, J. A. **Clima do Rio Grande do Sul**.1.ed. Porto Alegre: Secretaria da Agricultura, 1961, 124p.

PUPIN, S.; DOS SANTOS, A.V.D. A.; ZARUMA, D.U.G.; MIRANDA, A.C.; DA SILVA, P.H. M.; MARINO, C.L; SEBBENN, M.L; DE MORAES, M.L.T. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de polinização aberta de *Eucalyptusurophylla* ST Blake. **ScientiaForestalis**,v.43, n.105, p.127-134, 2015.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1.ed. Lavras: UFLA, 2012, 250p.

RESENDE M.D.; PRATES D.F; JESUS, A.; YAMADA, C. K. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**. v.32, n.33, p.18-45, 1996.

RESENDE, M.D.V. Software Selegem – REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. **Colombo: Embrapa Florestas**, 2007, 350p.

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.

RIBEIRO, J. Z.; ALMEIDA, M. I. M. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.46, n.1, p.875-883, 2011.

ROSADO, A.M.; ROSADO, T.B.; ALVES, A.A.; LAVIOLA, B.G.; BHERING L.L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.47, n.7, p.964-971, 2012.

SHAPIRO, S.S.; WILK, M.B.An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples).**Biometrika**. v.52, n.3, p.1-25, 1965.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H.; DICKEY, D.A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3.ed. New York: McGraw Hill Book, 1997, 666p.

Tabela 1. Caracterização dos ambientes de cultivo, coordenadas geográficas, altitude (m) e classificação do solo.

Ambientes de cultivo	Coordenadas geográficas	Altitude	Classificação do solo*
Campos Borges – RS	28°55'36"S/53°01'40"O	513 m	Latossolo vermelho escuro
Fortaleza dos Valos - RS	28°47'50"S/53°13'22"O	406 m	Latossolo vermelho escuro
Santa Rosa – RS	27°52'16"S/54°28'55"O	268 m	Latossolo vermelho distroférico
Tenente Portela – RS	27°23'31"S/53°46'50"O	420 m	Latossolo vermelho alumino férrico típico

*classificação do tipo de solo segundo Embrapa (2006).

Tabela 2. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) para os 79 híbridos simples de milho cultivados em quatro ambientes do Rio Grande do Sul.

Componentes de variância REML ¹	Caracteres ²						
	AP	AE	PRO	DE	CE	NF	NGF
σ^2_G	61,14	30,94	0,00	3,25	0,42	0,61	2,68
σ^2_{INT}	133,74	110,47	0,00	0,90	0,23	0,05	2,06
σ^2_E	245,47	160,94	0,06	6,24	2,58	1,21	15,32
σ^2_F	440,36	302,36	0,06	10,41	3,24	1,89	20,07
$\hat{H}^2_g$	0,13	0,10	0,01	0,31	0,12	0,32	0,13
$\hat{H}^2_{mg}$	0,53	0,42	0,17	0,81	0,60	0,84	0,60
$\hat{r}_{g\hat{g}}$	0,72	0,65	0,41	0,90	0,77	0,91	0,77
C^2_{INT}	0,30	0,36	0,08	0,08	0,07	0,02	0,10
$\hat{r}_{gloc}$	0,31	0,21	0,18	0,78	0,63	0,92	0,56
$CVg_{(%)}$	4,16	5,57	3,69	4,05	3,87	5,15	5,09
$CVe_{(%)}$	8,35	12,71	24,74	5,61	9,59	7,22	12,16
<i>Média geral</i>	187,57	99,75	1,00	44,48	16,75	15,28	32,18

Componentes de variância REML ¹	Caracteres ²					
	DS	MS	ME	MGE	MMG	RG
σ^2_G	2,80	8,79	63,96	172,81	466,08	350326,76
σ^2_{INT}	0,28	6,81	218,61	2149,20	423,97	680995,52
σ^2_E	3,13	15,90	782,95	5752,16	1051,22	6109989,32
σ^2_F	6,22	31,51	1065,52	8074,18	1941,28	7141311,61
$\hat{H}^2_g$	0,45	0,27	0,06	0,02	0,24	0,04
$\hat{H}^2_{mg}$	0,89	0,74	0,34	0,14	0,70	0,34
$\hat{r}_{g\hat{g}}$	0,94	0,86	0,58	0,38	0,84	0,58
C^2_{INT}	0,04	0,21	0,20	0,26	0,21	0,09
$\hat{r}_{gloc}$	0,90	0,56	0,22	0,07	0,52	0,33
$CVg_{(%)}$	6,53	14,54	5,51	3,49	8,11	7,00
$CVe_{(%)}$	6,90	19,56	19,30	20,13	12,18	29,25
<i>Média geral</i>	25,64	20,38	144,93	376,58	266,07	8449,61

¹ σ^2_G : variância genotípica; σ^2_{INT} : variância da interação genótipos x ambientes; σ^2_E : variância residual; σ^2_F : variância fenotípica individual; $\hat{H}^2_g$: herdabilidade com sentido amplo para os efeitos genotípicos totais; $\hat{H}^2_{mg}$: herdabilidade da média do genótipo; $\hat{r}_{g\hat{g}}$: acurácia para a seleção de genótipos; C^2_{INT} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes; $\hat{r}_{gloc}$: correlação genotípica entre o desempenho dos ambientes; $CVg_{(%)}$: coeficiente de variação genotípico; $CVe_{(%)}$: coeficiente de variação residual; *Média geral*: média geral do experimento.

²altura da planta (AP); altura de inserção da espiga (AE); prolificidade (PRO); diâmetro da espiga (DE); comprimento da espiga (CE); número de fileiras de grãos da espiga (NF); número de grãos por fileira da espiga (NGF); diâmetro do sabugo (DS); massa do sabugo (MS); massa da espiga (ME); massa de grãos da espiga (MGE); massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos (RG).

Tabela 3. Estimativas das correlações fenotípicas (r_F), genéticas (r_G) e de ambiente (r_A) para os 79 híbridos simples de milho cultivados em quatro ambientes do Rio Grande do Sul.

		AP	AE	PRO	DE	CE	NF	NGF	ME	MGE	MMG	RG	DS	MS
AP ¹	r _F	.	0,80**	0,16	0,42**	0,16	0,14	0,08	0,42**	0,42**	0,39**	0,37**	0,23*	0,32**
	r _G	.	0,87	0,29	0,47	0,17	0,18	0,06	0,50	0,55	0,42	0,50	0,27	0,34
	r _A	.	0,61**	0,03	0,23**	0,13**	0,01	0,12**	0,28**	0,24**	0,29**	0,17**	0,07*	0,26**
AE	r _F		.	0,18	0,44**	0,21	0,13	0,08	0,52**	0,52**	0,48**	0,43**	0,26*	0,38**
	r _G			0,27	0,49	0,21	0,16	0,03	0,63	0,68	0,52	0,58	0,29	0,40
	r _A			0,12**	0,27**	0,21**	0,04	0,20**	0,33**	0,30**	0,34**	0,20**	0,13**	0,33*
PRO	r _F			.	0,35**	-0,11	0,23*	-0,06	0,23*	0,19	0,21	0,17	0,25*	0,25*
	r _G			.	0,59*	-0,31	0,41	-0,19	0,42	0,35	0,35	0,65**	0,42	0,43
	r _A			.	0,10**	0,06	0,02	0,06*	0,10**	0,09**	0,07*	-0,16**	0,07**	0,08**
DE	r _F				.	-0,05	0,55**	-0,22*	0,71**	0,64**	0,61**	0,57**	0,76**	0,59**
	r _G				.	-0,20	0,58	-0,40*	0,77	0,72	0,63	0,76	0,79	0,59
	r _A				.	0,45**	0,40**	0,41**	0,68**	0,64**	0,52**	0,24**	0,55**	0,59**
CE	r _F					.	-0,20	0,46**	0,46**	0,49**	0,33**	0,28**	-0,15	0,20
	r _G					.	-0,30	0,38	0,34	0,40	0,31	0,34	-0,26*	0,08
	r _A					.	0,13**	0,64**	0,66**	0,64**	0,41**	0,21**	0,31**	0,64**
NF	r _F						.	-0,27*	0,26*	0,26*	-0,03	0,18	0,46**	0,24*
	r _G						.	-0,36	0,29	0,31	-0,04	0,24	0,47	0,24
	r _A						.	0,06	0,24**	0,21**	0,00	0,09**	0,37**	0,22**
NGF	r _F							.	0,18	0,28*	-0,26*	0,08	-0,44**	-0,20
	r _G							.	-0,07*	0,06	-0,41	-0,01	-0,58*	-0,40**
	r _A							.	0,65**	0,62**	0,21**	0,23**	0,15**	0,48**
ME	r _F								.	0,91**	0,70**	0,63**	0,51**	0,65**
	r _G								.	0,98	0,79	0,90	0,59	0,66
	r _A								.	0,84**	0,56**	0,31**	0,40**	0,77**
MGE	r _F									.	0,62**	0,70**	0,36**	0,46**
	r _G									.	0,73	0,75**	0,42	0,43
	r _A									.	0,53**	0,32**	0,38**	0,67**
MMG	r _F										.	0,57**	0,45**	0,58**
	r _G										.	0,75	0,47	0,58
	r _A										.	0,28**	0,33**	0,58**
RG	r _F											.	0,23*	0,23*
	r _G											.	0,30	0,24
	r _A											.	0,13**	0,24**
DS	r _F												.	0,75*
	r _G												.	0,79**
	r _A												.	0,48
MS	r _F													.
	r _G													.
	r _A													.

**significativo a 1% e *significativo a 5% de probabilidade pelo teste *t*.

**significativo a 1% e *significativo a 5% pelo método de *bootstrap* com 10000 simulações.

¹altura da planta (AP); altura de inserção da espiga (AE); prolificidade (PRO); diâmetro da espiga (DE); comprimento da espiga (CE); número de fileiras de grãos da espiga (NF); número de grãos por fileira da espiga (NGF); diâmetro do sabugo (DS); massa do sabugo (MS); massa da espiga (ME); massa de grãos da espiga (MGE); massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos (RG).

Tabela 4. Cargas canônicas para os caracteres primários do rendimento (grupo I) e caracteres secundários (grupo II) nas correlações canônicas (r) entre grupos, para os 79 híbridos simples de milho cultivados em quatro ambientes do Rio Grande do Sul.

Caracteres	Grupo I		
	Pares canônicos		
	1°	2°	3°
ME ¹	0,95	0,18	0,23
MGE	0,90	0,37	-0,12
MMG	0,74	-0,56	0,06
RG	0,70	-0,13	-0,67
Grupo II			
AP ²	0,53	-0,03	-0,15
AE	0,65	-0,02	-0,11
PRO	0,10	-0,38	-0,38
DE	0,79	0,03	-0,16
CE	0,55	0,30	0,02
NF	0,30	0,45	-0,06
NGF	0,13	0,79	-0,16
DS	0,60	-0,10	0,23
MS	0,78	-0,06	0,45
R	0,83	0,75	0,58
p	<0,01	<0,01	<0,01

p: probabilidade.

¹ (grupo I) massa da espiga (ME); massa de grãos da espiga (MGE); massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos (RG).

² (grupo II) altura da planta (AP); altura de inserção da espiga (AE); prolificidade (PRO); diâmetro da espiga (DE); comprimento da espiga (CE); número de fileiras de grãos da espiga (NF); número de grãos por fileira da espiga (NGF); diâmetro do sabugo (DS) e massa do sabugo (MS).

3 CAPÍTULO II

**Análise de trilha e método *Annicchiarico* aplicados em função da proteína em
grãos de milho**

Análise de trilha e método *Annicchiarico* aplicados em função da proteína em grãos de milho

Resumo

Alguns nichos do mercado consumidor preconizam incrementar o valor nutricional dos grãos produzidos, sendo necessário obter e identificar genótipos com maior fração proteica em seus grãos. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi identificar as associações lineares, de causa e efeito entre os caracteres e a estabilidade pelo método de *Annicchiarico* da proteína bruta dos grãos do milho cultivado em quatro diferentes ambientes. O experimento foi conduzido na safra agrícola de 2013/2014 em Campos Borges – RS, Fortaleza dos Valos – RS, Santa Rosa – RS e Tenente Portela – RS. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados organizado em esquema fatorial, sendo quatro ambientes de cultivo x 15 genótipos de milho híbrido simples, dispostos em três repetições. O aumento da altura da planta, massa de mil grãos e do rendimento de grãos reduz o teor de proteína bruta nos grãos do milho. Os ambientes de Santa Rosa - RS e Tenente Portela – RS são considerados ambientes favoráveis para a proteína bruta. O método de *Annicchiarico* aponta que de maneira geral o percentual de proteína bruta nos grãos não se apresenta estável e previsível nos quatro ambientes testados. Os genótipos G7 e G8 destacaram-se como estáveis para este caráter nos quatro ambientes.

Palavras-chave: *Zea mays* L; inter-relações; estabilidade fenotípica; qualidade nutricional; biometria.

Path analysis and *Annicchiarico* method applied in function of protein in maize grains

Abstract

Some consumer market niches preconize the increment in the nutritional value of the grains. Therefore, it is necessary to obtain and identify genotypes of higher protein fraction in their grains. Thus, the objective of this work was to identify the linear, cause and effect associations between traits, and stability by the *Annicchiarico's* method of crude protein in maize grains cultivated in four different environments. The experiment was conducted in the agricultural year of 2013/2014, in Campos Borges -

RS, Fortaleza dos Valos-RS, Santa Rosa-RS and Tenente Portela- RS. The experimental design was randomized blocks, with four growing environments x 15 single cross maize hybrids, arranged in three replicates. The increase in plant height, mass of a thousand grains and grain yield reduces the crude protein content of maize grains. The environments of Santa Rosa-RS and Tenente Portela-RS are considered favorable environments for crude protein. The *Annicchiarico's* method indicates that, in general, the percentage of crude protein in the grains is not stable and predictable for the four growing environments tested. The genotypes G7 and G8 stood out as stable for this trait in the four environments.

Keywords: *Zea mays* L; interrelationships, phenotype stability; nutritional quality; biometrics.

3.1 Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é utilizado para diferentes finalidades, entre elas a alimentação humana e animal, até mesmo produtos industrializados. Em torno de 70% da produção mundial é direcionada para a nutrição animal (PAES, 2006). Os grãos do milho possuem 62,48% de amido, porção proteica de 8,26%, lipídios e material mineral em torno de 3,61% e 1,27%, respectivamente (ROSTAGNO, 2011). Dentre os constituintes do grão, o conteúdo proteico exerce grande influência para a nutrição animal, pois as proteínas são constituídas de aminoácidos, sendo estes vitais ao crescimento e desenvolvimento das estruturas corporais, como os músculos, sistema nervoso e imunológico dos animais (TOLEDO et al., 2004).

A proteína bruta dos grãos assume controle genético complexo, sendo decorrente da expressão de vários genes, o que culmina em maior efeito do ambiente de cultivo (REYES MORENO; PAREDELOPES, 1993). Pesquisas determinam que o conteúdo proteico é altamente influenciado pelos efeitos do ambiente de cultivo, tais como, a disponibilidade hídrica, temperatura do ar, condições edafoclimáticas e disponibilidade de nutrientes principalmente do nitrogênio (BURATTO et al., 2009).

Na atualidade, o melhoramento genético do milho em muitos casos evidencia o incremento quantitativo da produtividade de grãos (LIMA; BELLAYER, 1999). No entanto, alguns nichos do mercado consumidor preconizam o maior valor nutricional

dos grãos produzidos, diante disso, torna-se necessário a obtenção de genótipos nutricionalmente superiores no âmbito proteico. Portanto, programas de melhoramento genético que visam obter genótipos com maior proporção de proteínas em seus grãos, evidenciam a necessidade de compreender quais são os caracteres determinantes para o incremento da proteína bruta, e preconizados na seleção indireta.

Com a finalidade de auxiliar na escolha de quais caracteres possibilitam a seleção indireta, a análise de correlação linearé utilizada para definir a tendência de associações lineares entre os pares de caracteres. No entanto, sua interpretação direta pode acarretar em erros nas interpretações, sendo crucial o desdobramento das relações lineares em associações de causa e efeito através da análise de trilha (WIGHT, 1921), a qual possibilita determinar os efeitos diretos e indiretos dos caracteres explicativos sobre o caráter dependente (CRUZ et al., 2014).

Diante da importância da proteína bruta e às necessidades em revelar os efeitos do ambiente de cultivo sobre este caráter, o emprego do método de *Annicchiarico* proporciona revelar a estabilidade dos genótipos em relação à média do caráter para cada ambiente testado. Desta maneira, os resultados são fundamentados na estimativa de um índice de confiança para cada genótipo, que permite inferir quais destes genótipos são superiores e quais ambientes apresentam-se favoráveis ou desfavoráveis ao caráter de interesse (CRUZ et al., 2014).

Devido a carência de pesquisas que abordem qualitativamente os grãos do milho e as inter-relações dos caracteres com a proteína bruta, juntamente com a estabilidade deste caráter pelo método de *Annicchiarico* frente às variações do ambiente de cultivo, este trabalho teve por objetivo identificar as associações lineares, de causa e efeito entre os caracteres e a estabilidade pelo método de *Annicchiarico* da proteína bruta dos grãos do milho cultivado em quatro diferentes ambientes.

3.2 Material e Métodos

O experimento foi conduzido na safra agrícola de 2013/2014 em quatro ambientes de cultivo no estado do Rio Grande do Sul, sendo estes: Campos Borges - RS localizado nas coordenadas 28°55'36"S e 53°01'40"O, com altitude de 513 metros em um Latossolo vermelho-escuro; Fortaleza dos Valos - RS localizado nas

coordenadas 28°47'50"S e 53°13'22"O, com altitude de 406 metros em um Latossolo vermelho-escuro; Santa Rosa - RS localizado nas coordenadas 27°52'16"S e 54°28'55"O, com altitude de 268 metros em um Latossolo vermelho distroférico; Tenente Portela - RS localizado nas coordenadas 27°23'31"S e 53°46'50"O, com altitude de 420 metros em um Latossolo vermelho alumino férrico típico (EMBRAPA, 2006). O clima para todos os ambientes é caracterizado por Köppen como *Cfa* subtropical (MORENO, 1961).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados organizado em esquema fatorial, sendo quatro ambientes de cultivo x 15 genótipos de milho híbrido simples, dispostos em três repetições. Os genótipos utilizados foram: G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14 e G15.

As unidades experimentais foram compostas por quatro linhas com cinco metros de comprimento, espaçadas por 0,5 metros, totalizando 10 m². Para todos os ambientes baseou-se no sistema de semeadura direta, com densidade populacional de 80 mil plantas por hectare. Utilizou-se adubação de base com 400 kg ha⁻¹ de NPK na formulação (10-20-20), em cobertura utilizou-se 135 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma amídica, aplicados nos estádios vegetativos V₄ e V₆ (FANCELLI; DOURADO NETO, 2000). O manejo de plantas daninhas, insetos-praga e doenças foram realizados de maneira preventiva, com intuito de reduzir as interferências nos resultados do experimento.

Os caracteres de interesse foram mensurados na área útil de cada unidade experimental, sendo esta composta por duas linhas centrais onde se desprezou 0,5 metros de cada extremidade, os caracteres mensurados foram: diâmetro da espiga (DESP), resultados em mm; comprimento da espiga (CESP), resultados em cm; massa da espiga (MESP), resultados em g; altura de inserção da espiga (AESP), resultados em m; número de fileiras de grãos da espiga (NFIL), resultados em unidades; altura da planta (APL), resultados em m; número de grãos por fileira da espiga (NGF), resultados em unidades; prolificidade (PRO), resultados em unidades; massa de mil grãos (MMG), resultados em g; rendimento de grãos (REND), resultados em kg ha⁻¹, seguindo a metodologia proposta por Carvalho et al. (2014); percentual de proteína bruta (PTN): mensurado através da metodologia proposta por Nogueira e Souza (2005).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância individual para cada ambiente de cultivo com intuito de verificar as pressuposições, realizou-se o

diagnóstico da normalidade (SHAPIRO WILK, 1965) e homogeneidade das variâncias (STEEL et al., 1997). Posteriormente realizou-se uma análise conjunta para identificar a presença de interação entre os ambientes de cultivo x genótipos de milho híbrido simples a 5% de probabilidade.

Após realizou-se a correlação linear de *Pearson* com intuito de evidenciar a tendência linear de associação entre os caracteres (CARVALHO et al., 2004). Com a matriz de correlação linear fenotípica procedeu-se o diagnóstico de multicolinearidade por meio do número de condições (*NC*) da matriz (CRUZ et al., 2012). O diagnóstico preliminar revelou colinearidade moderada a forte ($NC = 100 < a < 1000$). Realizou-se a análise de trilha fenotípica para o desmembramento das inter-relações de causa e efeito fixando o caráter percentual de proteína bruta como dependente e os demais caracteres como explicativos (CRUZ et al., 2014). O método de *Annicchiarico* (1992) foi aplicado para o caráter percentual de proteína bruta e seguiu a metodologia proposta por Cruz et al. (2014). As análises foram realizadas através do software estatístico GENES (CRUZ, 2013).

3.3 Resultados e Discussão

A análise de variância conjunta revelou significância a 5% de probabilidade para a interação ambientes de cultivo x genótipos de milho para os caracteres, percentual de proteína bruta (PTN), diâmetro da espiga (DESP), altura de inserção da espiga (AESP) e rendimento de grãos (REND). Ausência de interação foi evidenciada para os caracteres comprimento da espiga (CESP), massa da espiga (MESP), número de fileiras de grãos da espiga (NFIL), número de grãos por fileira da espiga (NGF), altura da planta (APL), prolificidade (PRO) e massa de mil grãos (MMG) (Tabela 5).

Em relação aos coeficientes de variação obtidos para os caracteres mensurados no experimento, observou-se amplitude de 0,82 a 24,64%. Conforme a classificação de Pimentel Gomes (2000), os coeficientes de variação (CV) podem ser considerados baixos ($CV < 10\%$) com alta precisão, médios (10 a 20%) sendo de boa precisão, altos (20 a 30%) que revelam baixa precisão e muito altos ($CV > 30\%$) que refletem uma baixa precisão. Desta maneira, os coeficientes de variação obtidos neste estudo evidenciam resultados fidedignos e adequada precisão experimental.

Com relação à análise de correlação linear 55 associações foram obtidas,

destas, 33 pares apresentaram-se significativas a 5% de probabilidade pelo teste *t* (Tabela 6), para as inferências sobre as magnitudes das correlações adotou-se a classificação de Carvalho et al. (2004). Para o caráter percentual de proteína bruta (PTN) houve tendência baixa e positiva ($r=0,18$) com a PRO, intermediária e negativa ($r=-0,36$) com a MMG. Isto indica que plantas mais prolíficas tendem a obter grãos de menor massa, em contrapartida, incrementam a proporção proteica dos grãos. Sendo justificado através do processo de síntese de carboidratos amiláceos e proteínas no endosperma, pois grãos com maiores dimensões tendem a acumular maior proporção amilácea que proteica, este acúmulo de carboidratos amiláceos nos grãos ocorre em função do conteúdo de açúcares armazenados até 46 dias após a antese, em contrapartida, o acúmulo proteico ocorre 40 dias após a antese (MAGALHÃES; SOUZA, 2011).

O diâmetro da espiga (DESP) evidencia tendências intermediárias a altas e positivas com CESP ($r=0,61$), MESP ($r=0,74$), AESP ($r=0,42$), NFIL ($r=0,37$), APL ($r=0,67$), NGF ($r=0,74$), REND ($r=0,55$), baixas e positivas ($r=0,26$) com a MMG. Desta maneira, genótipos de milho com plantas de maior estatura e espigas com maiores dimensões, tendem a incrementar o número de fileiras e grãos por espiga, influenciando a massa de grãos e o rendimento da cultura. Durante o período vegetativo o milho armazena seus assimilados no colmo (DOEBLEY, 2004), ao iniciar o período reprodutivo direciona estes assimilados as estruturas reprodutivas, desta maneira, a eficiência fotossintética, o acúmulo de assimilados, a capacidade de remobilização e o direcionamento destes até a espiga influenciam diretamente o enchimento e as dimensões dos grãos, essa dinâmica apresenta-se intrínseca a cada genótipo, e altamente influenciável pelo ambiente de cultivo (KARAM et al., 2010). O comprimento da espiga (CESP) revelou tendência alta e positiva com a MESP ($r=0,73$) e NGF ($r=0,72$), intermediária e positiva com AESP ($r=0,43$), APL ($r=0,52$), MMG ($r=0,43$) e REND ($r=0,37$). Desta forma, espigas com maior extensão longitudinal possuem maior número de grãos, espigas com maior massa, massa de grãos por espiga, que incrementam o rendimento de grãos.

A massa da espiga (MESP) revela alta associação positiva com o NGF ($r=0,78$), MMG ($r=0,64$) e REND ($r=0,64$), intermediária e positiva com APL ($r=0,45$), fraca e positiva com AESP ($r=0,29$). Onde evidencia-se que espigas com maior massa tendem a incrementar o número de grãos por fileira e a massa de mil grãos, estes caracteres associados conjuntamente propiciam aumentos do rendimento de

grãos. Bortolini et al. (2001), destacam o número de espigas por planta, número de grãos por espiga e a massa de grãos como sendo os caracteres responsáveis pelo rendimento do milho.

A altura de inserção da espiga (AESP) apresentou tendência alta e positiva com APL ($r=0,64$), intermediária e positiva com NGF ($r=0,34$) e baixa e positiva com a PRO ($r=0,21$). Plantas com maior altura de inserção da espiga tendem a possuir maior estatura, e espigas com maior número de grãos por fileiras e plantas prolíficas. Santos et al. (2002), ao avaliar o desempenho agrônômico de híbridos de milho evidenciou alta correlação positiva entre a estatura das plantas e a inserção da espiga.

O número de fileiras da espiga (NFIL) revela tendência baixa e positiva com a APL ($r=0,15$), baixa e negativa com a MMG ($r=-0,30$). Desta maneira, espigas com maior número de fileiras são decorrentes de plantas mais altas e grãos com menor massa. A altura da planta (APL) apresenta tendência alta e positiva com o NGF ($r=0,63$), intermediária e positiva com o REND ($r=0,44$), baixa e positiva com a PRO ($r=0,17$). Estas associações lineares indicam que plantas mais altas incrementam as dimensões das espigas e o rendimento de grãos. Pesquisas de Revolti et al. (2014), evidenciam alta correlação positiva entre a altura da planta e o rendimento de grãos do milho independente do manejo nitrogenado utilizado. Segundo Kleinpaul et al. (2014), híbridos de milho com ciclo precoce apresentam correlação positiva entre a altura da planta, índice de espigas e o rendimento de grãos. O número de grãos por fileira da espiga (NGF) apresenta tendência intermediária e positiva com o REND ($r=0,59$) e baixa e positiva com a MMG ($r=0,23$). Desta maneira, espigas menores tendem a incrementar a massa dos grãos e o rendimento de grãos.

A prolificidade (PRO) relevou tendência baixa e negativa ($r=-0,25$) com a MMG, o que indica que plantas mais prolíficas tendem a desenvolver grãos de menor massa, estes resultados são decorrentes das alterações na relação fonte-dreno. As plantas ao desenvolverem mais espigas por planta são amparadas por uma ordem de sua formação e desenvolvimento dos grãos, desta maneira, a espiga superior forma maior número de grãos e mais assimilados são necessários para compor suas estruturas. Entretanto, quando há restrições fotossintéticas e baixa produção de assimilados a espiga secundária tende a reduzir o número e a massa dos grãos (MAGALHÃES et al., 2002).

A massa de mil grãos (MMG) evidenciou tendência intermediária e positiva

com o REND. Desta forma, genótipos de milho com maior massa dos grãos incrementam o rendimento de grãos, os resultados obtidos corroboram com Ribeiro (2012). As relações entre os componentes do rendimento e as características morfológicas do milho evidenciam que a massa do grão é diretamente responsável por incrementar o rendimento de grãos (LOPES et al., 2007; SOUZA et al., 2014; DE SOUZA et al., 2015).

As associações fenotípicas de causa e efeito foram empregadas para os quatro ambientes de cultivo e os 15 híbridos simples de milho conjuntamente, onde fixou-se o percentual de proteína bruta (PTN) como caráter dependente e os caracteres NFIL, NGF, APL, PRO, MMG e REND foram considerados como explicativos (Tabela 7). Em programas de melhoramento genético de milho que visam o incremento da qualidade nutricional é fundamental o conhecimento do percentual de proteína bruta, no entanto, a determinação deste caráter torna-se dispendioso em tempo e recursos financeiros. Neste sentido, uma alternativa válida é o uso da seleção indireta para selecionar genótipos com maior percentual de proteína bruta nos grãos, para isto é necessário compreender quais caracteres devem ser considerados para nortear a estratégia de seleção, sendo estes de fácil mensuração, alta herdabilidade e grande efeito ao caráter de interesse (HARTWIG et al., 2007).

O caráter número de fileiras de grãos por espiga (NFIL) revelou efeito direto intermediário e positivo à PTN. A correlação total apresenta-se ($r=0,60$) alta e positiva e comprova os efeitos diretos do NFIL com PTN, havendo uma relação de causa e efeito. O número de grãos por fileira da espiga (NGF) revelou efeitos diretos de média magnitude com a PTN ($r=0,52$), o que indica que plantas com maior NGF apresentam maior conteúdo proteico, entretanto, as correlações lineares apontam sinal contrário, indicando que o NGF é influenciado por outros fatores fisiológicos e sua utilização deve ser cautelosa (FALCONER, 1987). A altura da planta (APL) expressou efeitos diretos intermediários e negativos ao percentual de proteína bruta (PTN). Indiretamente foram observados efeitos baixos e positivos com o NGF, baixos a intermediários, mas negativos com MMG e REND. Os resultados indicam que genótipos com menor estatura desenvolvem espigas com maior comprimento, menor massa e rendimento de grãos, entretanto, incrementam a fração proteica dos grãos. Os efeitos totais se apresentam ($r=-0,80$) fortes e negativos comprovando os efeitos diretos obtidos entre a APL e a PTN.

A prolificidade (PRO) revelou efeitos diretos negativos sobre a PTN, onde a correlação total ($r=0,39$) apresentou-se intermediária e negativa devido aos efeitos negativos indiretos obtidos. A massa de mil grãos (MMG) revelou efeito direto alto e negativo com o percentual de proteína bruta (PTN). Para Magalhães et al. (2002), no processo de desenvolvimento dos grãos o acúmulo de reservas ocorre principalmente no endosperma, no qual os carboidratos amiláceos são os principais constituintes, secundariamente ocorre o incremento do conteúdo proteico, mesmo que o acúmulo de carboidratos amiláceos e proteína estejam relacionados, o tempo de acúmulo dos carboidratos amiláceos é superior ao acúmulo proteico. A correlação total apresenta-se ($r=-0,94$) alta e negativa, onde comprova a relação de causa e efeito para os caracteres MMG e PTN.

O rendimento de grãos (REND) expressou efeito direto intermediário e negativo ao percentual de proteína bruta (PTN). Alves et al. (2015), indicou que o incremento de produtividade de grãos em milho acarreta em redução dos níveis proteicos e de aminoácidos nos grãos. A correlação total apresenta-se ($r=-0,38$) intermediária e negativa, e permite comprovar os efeitos diretos do REND com a PTN. O coeficiente de determinação (R^2) apresentou-se alto 0,98 e indica que os resultados obtidos foram adequadamente explicados pelo modelo proposto, os efeitos residuais apresentaram-se baixos (0,10) e refletem em confiabilidade das associações obtidas.

Com relação à análise de estabilidade fenotípica empregou-se o método de *Annicchiarico* com a finalidade de identificar entre os 15 genótipos de milho e os quatro ambientes de cultivo (Tabela 8), quais destes demonstraram efeitos diferenciais para o percentual de proteína bruta nos grãos, e a possibilidade de expressar quais ambientes de cultivo são favoráveis ou desfavoráveis para este caráter. O acúmulo de proteína bruta e lipídios nos grãos do milho caracterizam-se como caracteres quantitativos (SONG et al., 1999), e possivelmente são controlados por vários genes e fortemente influenciados pela ação do ambiente.

Os ambientes Santa Rosa - RS e Tenente Portela - RS apresentaram-se favoráveis ao caráter percentual de proteína bruta nos grãos (PTN), em contrapartida, Campos Borges - RS e Fortaleza dos Valos - RS caracterizaram-se como desfavoráveis. São considerados ambientes favoráveis para a proteína bruta nos grãos do milho aqueles que reúnem as melhores condições para a expressão deste caráter, condições nutricionais adequadas principalmente de nitrogênio

(FERREIRA et al., 2001). Segundo Duarte et al. (2005), o incremento de nitrogênio em 14,2% resulta em acréscimo de 19,1% de proteína bruta nos grãos do milho.

As condições climáticas exercem grande influência sobre os processos fisiológicos do milho, a altitude do ambiente modifica a temperatura do ar, intensidade da radiação solar, taxa fotossintética, crescimento e desenvolvimento das plantas, eficiência do aproveitamento da água, taxas respiratórias, absorção, assimilação e translocação de nutrientes pelas estruturas da planta (MAGALHÃES; SOUZA, 2011). Pesquisas evidenciam que a disponibilidade hídrica no período reprodutivo é determinante para a síntese de aminoácidos e proteína total nos grãos do milho (MAGALHÃES et al., 2002).

Os híbridos simples de milho quando cultivados em ambientes desfavoráveis para a proteína bruta nos grãos, revelaram que os genótipos G8 (7,97%), G7 (7,51%), G5 (7,54%), G2 (6,78%), G15 (6,09%), G10 (6,17%) e G1 (5,86%) incrementam este caráter. Em ambientes favoráveis os genótipos G15 (9,51%), G4 (8,69%), G4 (8,68%), G8 (8,13%), G5 (8,00%) e G11 (7,82%) incrementam a proteína bruta nos grãos.

Os genótipos G7 e G8 apresentaram estabilidade para o caráter proteína bruta nos grãos tanto em ambientes desfavoráveis como favoráveis, e obtiveram magnitudes de 8,10 e 8,05%, respectivamente. Estes genótipos apresentaram-se previsíveis para a resposta deste caráter e podem ser indicados como genótipos estáveis e menos influenciáveis pelas variações impostas pelo ambiente de cultivo. A interpretação conjunta das associações lineares, causa e efeito, e método de *Annicchiarico* permitem revelar as inter-relações entre os caracteres e definir quais destes apresentam-se determinantes ao percentual de proteína bruta nos grãos do milho, quais ambientes são favoráveis ou desfavoráveis e quais genótipos são estáveis e previsíveis para este caráter.

3.4 Conclusões

O aumento da altura da planta, massa de mil grãos e do rendimento de grãos reduz o percentual de proteína bruta nos grãos do milho.

Os ambientes de Santa Rosa - RS e Tenente Portela - RS são considerados ambientes favoráveis para a proteína bruta.

O método de *Annicchiarico* aponta que de maneira geral o percentual de proteína bruta nos grãos não se apresenta estável e previsível nos quatro ambientes

testados.

Os genótipos G7 e G8 destacaram-se como estáveis para este caráter nos quatro ambientes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, B. M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; SILVA, L. P. DA; TOEBE, M.; BURIN, C.; PRETTO, A. Genetic divergence of corn cultivars in relation to grain productivity, crude protein content and amino acid profile. **African Journal of Agricultural Research**. v.10, n.32,p.3134-3149, 2015.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**. n.1,v.46, p.269-278, 1992.

BORTOLINI, C. G.; FORSTHOFER, E. L.; MANJABOSCO, E. A.; BEHEGARAY NETO, V. Resposta de híbrido simples de milho à redução do espaçamento entre linhas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.36, n.1, p.71-78, 2001.

BURATTO, J. S.; CIRINO, V. M.; SCHOLZ, M. B. S.; LANGAME, D. E. M.; FONSECA JUNIOR, N. S.; PRÉTE, C. E. C. Variabilidade genética e efeito do ambiente para o teor de proteína em grãos de feijão. **Acta Scientiarum**, v.31, n.4, p.593-597, 2009.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. 1.ed. Pelotas:UFPel, 2004. 142p.

CARVALHO, I. R.; SOUZA, V. Q.; FOLLMANN, D. N.; NARDINO, M.; SCHMIDT, D. Desempenho agrônômico de híbridos de milho em ambiente irrigado e sequeiro. **Enciclopédia Biosfera**. v.10, n.18, p.1144-1153, 2014.

CRUZ, C. D. GENES a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.1, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4.ed.Viçosa: Editora UFV, 2012, 514p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**, 5.ed. Viçosa: Editora UFV, 2014, 480p.

DE SOUZA, V. Q.; BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; KONFLANZ, V. A.; SCHMIDT, D. Variance components and association between corn hybrids morpho-agronomic characters. **Científica**. v.43, n.3, p.246-253, 2015.

DOEBLEY, J. The genetics of maize evolution. **Annual Review of Genetics**. v.38, n.1, p.37-59, 2004.

DUARTE, A. P.; MASON, S. C.; JACKSON, D. S.; KIEHL, J. C. Grain quality maize genotypes as influenced by nitrogen level. **Crop Science**. v.45, n.5, p.1958-1964,

2005.

EMBRAPA, **Centro Nacional de Pesquisa de Solos - Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2.ed. Rio de Janeiro: Embrapa, 2006. 306p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1987. 450p.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de Milho**. 1.ed. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360p.

FERREIRA, A. C. B.; ARAUJO, G. A.; PEREIRA, P. G.; CARDOSO, A. Características agronômicas e nutricionais do milho adubado com nitrogênio, molibdênio e zinco. **Scientia agrícola**. v.58, n.1, p.131-138, 2001.

HARTWIG, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; SILVA, J. A. G.; BERTAN, I.; RIBEIRO, G.; FINATTO, T.; REIS, C. E. S.; BUSATO, C. C. Estimativa de coeficientes de correlação e trilha em gerações segregantes de trigo hexaplóide, **Bragantia**. v.66, n.1, p.203-218, 2007.

KARAM, D.; PEREIRA FILHO, I. A.; MAGALHÃES, P. C.; PAES, M. C. D.; SILVA, J. A. A.; GAMA, J. de C. M. Resposta de plantas de milho à simulação de danos mecânicos, **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. v.9, n.1, p.201-211, 2010.

KLEINPAUL, J. A.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C.; ALVES, B. M.; TOEBE, M.; FACCO, G.; SANTOS, G. O. Correlação genotípica e análise de trilha em cultivares de milho de ciclo precoce, **Revista de Estatística UFOL**. v. 3, n.1, p.304-308, 2014.

LIMA, G. J. M. M.; BELLAYER, C. Grãos de valor agregado na produção rações para aves, **Embrapa - CNPSA**, v.1, n.1, p.36-46, 1999.

LOPES, S. J.; LÚCIO, A.D.; STORCK, L.; DAMO, H.P.; BRUM, B.; SANTOS, V. J. Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**, v.37, n.6, p.1536-1542, 2007.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; CARNEIRO, N. P.; PAIVA, E. Fisiologia do Milho, **Embrapa Milho e Sorgo**. n.1, v.22, p.01-23, 2002.

MAGALHÃES, P. C.; SOUZA, T. C. Cultivo do Milho, Ecofisiologia, Sistemas de produção, **Embrapa Milho e Sorgo**. n.1, v.6, p.01-25, 2011.

MORENO, J. A. **Clima do Rio Grande do Sul**. 1.ed. Porto Alegre: Secretaria da Agricultura, 1961, 124p.

NOGUEIRA, A. R. A.; SOUZA, G. B. **Manual de Laboratórios: Solo, Água, Nutrição Vegetal, Nutrição Animal e Alimentos**. 1.ed. São Carlos: Embrapa Pecuária Sudeste, 2005, 313p.

PAES, M. C. D. Aspectos Físicos, Químicos e Tecnológicos do Grão de Milho.

Embrapa Milho e Sorgo, v.75, n.1, p.01-06, 2006.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 14.ed. Piracicaba: Degaspari, 2000, 477p.

REVOLTI, L. T. M.; BUZINARO, R.; CHARNAL, K.; MÔRO, G. V. Correlação entre caracteres de milho em diferentes doses de nitrogênio. **Ciência & Tecnologia**. v.6, n.1, p.80-85, 2014.

REYES MORENO, C.; PAREDE LÓPEZ, O. Hard-to Cook Phenomenon in common bean: a review, **Critical Reviews Food Science Nutrition**. v.33, n.3, p.227-286, 1993.

RIBEIRO, C. B. **Caracteres que explicam a heterose na produtividade de grãos de milho**. 2012. 64 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras.

ROSTAGNO, H. S. **Tabelas brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos e exigências nutricionais**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2011. 252p.

SANTOS, P. G.; JULIATTI, F. C.; BUIATTI, A. L.; HAMAWAKI, O. T. Avaliação do desempenho agrônomo de híbridos de milho em Uberlândia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**.v.37, n.5, p.597-602, 2002.

SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. Analysis of variance test for normality, **Biometrika**. v.1, n.1, p.591-611, 1965.

SONG, T. M.; KONG, F.; LI, C. J.; SONG, G. H. Eleven cycles of single kernel phenotypic recurrent selection for percent oil in zhong zong, **Journal of Genetics and Breeding**, v.53, n.2, p.31-35, 1999.

SOUZA, T. V.; RIBEIRO, C. M.; SCALON, J. D.; GUEDES, F. L. Relações entre componentes de rendimento e características morfológicas de milho, **Magistra**, v.26, n.4, p.495-506, 2014.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3. ed. New York: Columbia, 1997. 666p.

TOLEDO, G. S.; LÓPEZ, J.; COSTA, P. T.; SOUZA, H. Aplicação dos conceitos de proteína bruta e proteína ideal sobre o desempenho de frangos de corte machos e fêmeas criados no inverno. **Ciência Rural**, v.34, n.6, p.1927-1931, 2004.

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**. v.20, n.1, p.557-585, 1921.

Tabela 5. Resumo da análise de variância para os 15 genótipos de milho híbrido em quatro ambientes de cultivo.

	GL	PTN ¹	DESP	CESP	MESP	NFIL	NGF	AESP	APL	PRO	MMG	REND
Ambientes (A)	3	69,59*	605,30*	100,48*	87072,26*	9,57*	1600,08*	5466,48*	52916,37*	0,60*	87174,52*	269672458,8*
Genótipos (G)	14	12,79*	20,61*	6,37*	1416,83	10,10*	25,99*	595,89*	783,32*	0,11	5133,39*	21161069,3*
A x G	42	10,53*	9,20*	2,80	1146,99	1,92	14,25	294,60*	306,03	0,06	1133,20	12216451,8*
Blocos	2	0,70	22,85*	1,69	1207,45	0,40	11,13	917,26*	810,06	0,06	4050,20*	820,7
Resíduo	-	0,41	5,79	2,58	835,54	1,56	13,78	152,24	276,22	0,07	972,14	209688
CV (%)	-	0,82	5,23	9,78	19,43	7,89	12,06	12,15	8,80	24,64	11,29	5,40

¹ PTN: Percentual de proteína bruta; DESP: diâmetro da espiga; CESP: comprimento da espiga; MESP: massa da espiga; NFIL: número de fileiras de grãos da espiga; NGF: número de grãos por fileira da espiga; AESP: altura de inserção da espiga; APL: altura da planta; PRO: prolificidade; MMG: massa de mil grãos e REND: rendimento de grãos.

* Significativo a 5% de probabilidade.

Tabela 6. Estimativas da correlação linear de *Pearson* para 11 caracteres de interesse agrônômico mensurados em 15 híbridos simples de milho e quatro ambientes de cultivo.

	PTN	DESP	CESP	MESP	AESP	NFIL	APL	NGF	PRO	MMG	REND
PTN ¹	-	0,09	0,01	-0,13	0,07	0,13	0,14	0,08	0,18*	-0,36*	-0,04
DESP		-	0,61*	0,74*	0,42*	0,37*	0,67*	0,74*	0,12	0,26*	0,55*
CESP			-	0,73*	0,43*	0,01	0,52*	0,72*	0,02	0,43*	0,37*
MESP				-	0,29*	0,12	0,45*	0,78*	-0,07	0,64*	0,64*
AESP					-	0,06	0,64*	0,34*	0,21*	0,06	0,12
NFIL						-	0,15*	0,11	0,15	-0,30*	-0,01
APL							-	0,63*	0,17*	-0,01	0,44*
NGF								-	0,02	0,23*	0,59*
PRO									-	-0,25*	-0,14
MMG										-	0,43*
REND											-

*coeficientes de correlação linear de *Pearson* (n=180) significativo a 5% de probabilidade pelo teste *t*.

¹PTN: percentual de proteína bruta; DESP: diâmetro da espiga, em mm; CESP: comprimento de espiga, em cm; MESP: massa da espiga, em g; AESP: altura de inserção da espiga, em cm; NFIL: número de fileiras por espiga; NGF: número de grãos por fileira; APL: altura de planta, em cm; PRO: prolificidade; MMG: massa de mil grãos, em g; REND: rendimento de grãos, em kg ha⁻¹.

Tabela 7. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos fenotípicos em seis caracteres de interesse agrônômico sobre o percentual de proteína bruta (PTN), oriundos de 15 genótipos de milho híbrido e quatro ambientes de cultivo.

Efeitos	Caracteres explicativos					
	NFIL	NGF	APL	PRO	MMG	REND
Direto ⁽¹⁾	0,47	0,52	-0,41	-0,58	-0,61	-0,35
Ind. via NFIL	-	-0,17	0,02	0,37	-0,53	-0,08
Ind. via NGF	-0,19	-	0,13	0,21	-0,04	0,49
Ind. via APL	-0,01	-0,11	-	-0,02	-0,08	-0,40
Ind. via PRO	-0,48	-0,24	-0,03	-	0,44	0,08
Ind. via MMG	0,69	0,05	-0,11	0,46	-	-0,07
Ind. via REND	0,06	-0,33	-0,34	0,04	-0,04	-
Total (r)	0,60	-0,20	-0,81	0,39	-0,94	-0,38
Coeficiente de determinação				0,99		
Valor de K usado na análise				0,15		
Efeito da variável residual				0,11		
Determinante da matriz				0,06		

¹PTN: percentual de proteína bruta; DESP: diâmetro da espiga, em mm; CESP: comprimento de espiga, em cm; MESP: massa da espiga, em g; AESP: altura de inserção da espiga, em cm; NFIL: número de fileiras por espiga; NGF: número de grãos por fileira; APL: altura da planta, em cm; PRO: prolificidade; MMG: massa de mil grãos, em g; REND: rendimento de grãos, em kg ha⁻¹.

Tabela 8. Estimativas dos índices de confiança (li) pelo método de *Annicchiarico* com decomposição em (li) Geral, (li) Favorável, (li) Desfavorável e índice ambiental, para o caráter percentual de proteína bruta (PTN) referentes a 15 genótipos de milho equatros ambientes de cultivo.

Ambientes de Cultivo	Média da PTN		Índice Ambiental		Classificação*	
Campos Borges-RS	6,33		-0,17		D	
Fortaleza dos Valos-RS	4,80		-1,70		D	
Santa Rosa-RS	7,47		0,97		F	
Tenente Portela-RS	7,39		0,89		F	
Genótipos	Geral		Desfavorável		Favorável	
	Média	(li)	Média	(li)	Média	(li)
G1	5,52	86,87	5,86	104,27	5,17	69,46
G2	6,40	101,81	6,78	122,69	6,01	80,93
G3	6,26	98,25	5,31	99,66	7,20	96,85
G4	5,92	85,24	3,16	53,68	8,68	116,81
G5	7,77	122,72	7,54	137,70	8,00	107,75
G6	6,23	91,72	4,65	78,14	7,82	105,29
G7	8,10	128,61	7,51	140,31	8,69	116,91
G8	8,05	127,01	7,97	144,65	8,13	109,36
G9	5,94	87,81	4,76	79,69	7,13	95,92
G10	6,97	109,17	6,17	113,78	7,77	104,56
G11	5,28	75,96	2,68	45,80	7,89	106,12
G12	6,33	96,98	5,24	94,09	7,42	99,87
G13	6,18	91,27	5,15	85,51	7,21	97,03
G14	4,74	74,65	4,63	84,07	4,86	65,23
G15	7,80	121,93	6,09	115,94	9,51	127,91

*Alfa: 0,95; D: Desfavorável; F: Favorável.

4 CAPÍTULO III

**Estimativa de parâmetros genéticos em compostos bioativos e micronutrientes
de híbridos intervarietais de milho**

Estimativa de parâmetros genéticos em compostos bioativos e micronutrientes de híbridos intervarietais de milho

Resumo

O incremento dos compostos bioativos e micronutrientes nos grãos do milho pode ser baseado na variabilidade genética, e pela recombinação de genótipos superiores. Desta forma, este trabalho teve por objetivo determinar as associações lineares, as estimativas dos parâmetros genéticos e a heterose de compostos bioativos e micronutrientes em híbridos intervarietais de milho. O experimento foi realizado em 2015 no Centro de Genômica e Fitomelhoramento – UFPel, utilizando o delineamento experimental de blocos casualizados com 11 tratamentos dispostos em três repetições. Os tratamentos foram compostos por seis variedades de polinização aberta (VPAs) de milho: Dente de Ouro Roxo (P_1), BRS Missões (P_2), Caiano Rajado (P_3), AL 25 (P_4), Bico de Ouro (P_5), Argentino Branco (P_6), e cinco híbridos intervarietais oriundos dos cruzamentos, $P_2 \times P_1$, $P_3 \times P_1$, $P_4 \times P_1$, $P_5 \times P_1$ e $P_6 \times P_1$. Associações lineares altas e positivas são expressas entre a largura e a massa de cem sementes, entre os radicais antioxidantes DPPH e ABTS, e através do manganês e o zinco. Os parâmetros genéticos determinam que a relação progênie e o pai-médio são superiores para o comprimento, largura e acidez da semente, fenóis totais e o cobre. A herdabilidade com sentido amplo expressa maior magnitude para os caracteres acidez das sementes, radical antioxidante DPPH e para o cobre. A herdabilidade com sentido restrito é superior para os caracteres comprimento, largura e a acidez das sementes, carotenoides e o conteúdo de sódio. Os caracteres espessura e coloração das sementes, fenóis totais, radical antioxidante ABTS e zinco são incrementados através dos efeitos da heterose intervarietal.

Palavras-chave: *Zea mays* L; enriquecimento nutricional dos cereais; variabilidade genética; melhoramento de plantas.

Estimation of genetic parameters in bioactive and micronutrient compounds of intervarietal maize hybrids

Abstract

The increment of bioactive compounds and micronutrients in maize grains can be based on the genetic variability, and by the recombination of superior genotypes. In this sense, the objective of this work was to determine linear associations, estimates of genetic parameters and heterosis of bioactive compounds and micronutrients in maize intervarietal hybrids. The experiment was carried out in 2015 at the Center of Genomics and Plant Breeding - UFPel, using the experimental design of randomized blocks with 11 treatments arranged in three replicates. The treatments were composed by six maize open pollinated varieties (OPVs): Dente de Ouro Roxo (P_1), BRS Missões (P_2), Caiano Rajado (P_3), AL 25 (P_4), Bico de Ouro (P_5), Argentino Branco (P_6) and five intervarietal hybrids from the crosses, $P_2 \times P_1$, $P_3 \times P_1$, $P_4 \times P_1$, $P_5 \times P_1$ and $P_6 \times P_1$. High and positive linear associations are expressed between the width and the mass of one hundred seeds, between the antioxidant radicals DPPH and ABTS, and through manganese and zinc. The genetic parameters determine that the relation between progenies and average-genitor is superior for seed length, seed width and acidity, total phenols and copper content. Broad sense heritability expresses greater magnitude for the trait seed acid, antioxidant radical by DPPH, and copper content. The narrow sense heritability is superior for the traits seed length, width and acidity, carotenoids and sodium content. The traits seed thickness and seed color, total phenols, antioxidant radical by ABTS and zinc content are increased through the effects of intervarietal heterosis.

Keywords: *Zea mays* L; enriched cereal nutritionally; genentic variability; plant breeding

4.1 Introdução

O milho (*Zea mays* L.) caracteriza-se como uma gramínea da família poacea, com notória importância agrícola, social e econômica. No Brasil, seu cultivo abrange às mais variadas regiões produtoras, onde a ênfase é atribuída ao incremento da produtividade por unidade de área. Este cereal apresenta uma gama de aptidões, que compreendem desde a alimentação animal, humana, podendo ser consumido *innatura* ou como matéria-prima na elaboração de amidos, farinhas, canjicas, pães, bebidas e mingaus. Desta forma, em muitas regiões da África, México e do Brasil o milho é fonte energética e mineral acessível e de baixo custo à população (PAES,

2006). Atualmente, os programas de melhoramento genético do milho preconizam a obtenção de genótipos superiores, e que respondam eficientemente as técnicas de manejo disponíveis (RIBEIRO et al., 2016).

Neste contexto, para minimizar os efeitos da carência alimentar e nutricional, assim como prevenir as doenças cardiovasculares e crônico-degenerativas não-transmissíveis como o câncer, em populações de baixa renda (COSTA et al., 2013), uma alternativa eficiente e viável economicamente é direcionar os programas de melhoramento genético para a obtenção de genótipos de milho enriquecidos por compostos bioativos e minerais. Os compostos bioativos (fenóis, carotenoides e flavonoides) são derivados do metabolismo secundário das plantas (SILVA et al., 2010), conferem ao alimento a capacidade antioxidante que minimiza os efeitos negativos de espécies reativas de oxigênio e nitrogênio (COSTA et al., 2013), reduzindo os radicais livres danosos ao organismo humano (SIKORA et al., 2008).

Para a obtenção de genótipos superiores em compostos bioativos e micronutrientes, se faz necessário a busca por maior variabilidade genética para os caracteres de interesse (CARDOSO et al., 2009), desta maneira, a utilização de variedades de polinização aberta (VPAs) apresenta-se viável para sanar as necessidades do melhoramento da cultura. Em contrapartida, é possível que a obtenção de híbridos intervarietais possam contribuir de maneira substancial para o aumento destes compostos. Diante da carência de informações referentes aos parâmetros genéticos destes caracteres, este trabalho teve por objetivo determinar as associações lineares, as estimativas dos parâmetros genéticos e a heterose de compostos bioativos e micronutrientes em híbridos intervarietais de milho.

4.2 Material e Métodos

O experimento foi realizado em 2015 no Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Universidade Federal de Pelotas (UFPeI). As sementes foram obtidas na safra agrícola 2014/2015 no Centro Agropecuário da Palma em Capão do Leão – RS, na latitude de 31°47'58"S e longitude de 52°31'02"O, com altitude de 13,2 metros. Segundo Köppen o clima é classificado como *Cfa* subtropical, e o solo é caracterizado como Argissolo vermelho amarelo distrófico (EMBRAPA, 2006).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 11 tratamentos dispostos em três repetições. Os tratamentos foram compostos por seis

variedades de polinização aberta (VPAs) de milho: Dente de Ouro Roxo (P_1), BRS Missões (P_2), Caiano Rajado (P_3), AL 25 (P_4), Bico de Ouro (P_5), Argentino Branco (P_6), e cinco híbridos intervarietais oriundos dos cruzamentos, $P_2 \times P_1$, $P_3 \times P_1$, $P_4 \times P_1$, $P_5 \times P_1$ e $P_6 \times P_1$.

As sementes foram armazenadas em câmara fria $\pm 4^\circ\text{C}$ por 180 dias, que proporcionou a homogeneidade em 13% de umidade. Posteriormente, as amostras foram submetidas à limpeza para exclusão das partículas estranhas, obteve-se 500 gramas de sementes por genótipo, que novamente foram homogeneizadas e procederam-se as mensurações dos caracteres pré-moagem das sementes. Após, as sementes foram trituradas em moinho Marconi® MA 020 equipado com peneira de 0,053 mm. A amostra moída de cada genótipo foi subdividida em três amostras de 150 gramas, sendo direcionadas ao Laboratório de Metabolismo Secundário da UFPEL.

Os caracteres mensurados pré-moagem foram: comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES) ambos expressos em milímetros, e aferidos com auxílio de um paquímetro digital em 90 sementes por genótipo; massa de cem sementes (MC), em gramas. Os caracteres pós-moagem mensurados foram: a coloração das sementes (CR) em ângulo Hue; acidez das sementes (AC) em percentual de ácido cítrico; pH (pH) em potencial hidrogeniônico; sólidos solúveis (SS) em °Brix (AOAC, 2005); fenóis totais (FN) em $\mu\text{g g}^{-1}$ (SINGLETON; ROSSI, 1965); flavonoides totais (FL) em $\mu\text{g g}^{-1}$ (ZHISHEAN et al., 1999); carotenoides totais (CT) em $\mu\text{g g}^{-1}$ (AOAC, 2005); potencial antioxidante pelo radical DPPH (DP) em percentual de inibição (BRAND WILLIAMS et al., 1995); potencial antioxidante pelo radical ABTS (AB) em percentual de inibição (RUFINO et al., 2007). Os micronutrientes: cobre (Cu), zinco (Zn), sódio (Na), manganês (Mn) e ferro (Fe) foram expressos em mg kg^{-1} (TEDESCO, 1995).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância a 5% de probabilidade com intuito de verificar suas pressuposições, realizou-se o teste de normalidade por Shapiro Wilk (1965) e homogeneidade das variâncias (STELL et al., 1997). Posteriormente procedeu-se uma análise descritiva através das distribuições de frequências fenotípicas, e conjuntamente empregou-se a média dos pais (MP) para a distinção de classes superiores e inferiores. A correlação linear foi realizada com intuito de evidenciar a tendência das associações entre os caracteres e seus coeficientes foram embasados conforme a classificação de Carvalho et al. (2004).

Os dados foram padronizados através da notação dos escores Z , sendo:

$$Z = \frac{X_i - \mu}{\theta}$$

onde: X_i : é o valor observado, μ : corresponde à média, e θ : ao desvio padrão do caráter (CRUZ et al., 2014). Os parâmetros genéticos foram obtidos pelo método de regressão pai-médio e progênes (covariância de $\frac{1}{2}$ da variância aditiva), e o coeficiente angular β corresponde à variação genética total (FALCONER, 1987). Estimou-se a correlação pai-médio com as progênes (r), a variância fenotípica (σ^2F), variância aditiva (σ^2A), herdabilidade com sentido amplo ($\hat{H}^2$), herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2$), e o percentual de heterose segundo a metodologia proposta por Ramalho et al. (2012). As análises foram realizadas através dos softwares Excel e GENES (CRUZ, 2013).

4.3 Resultados e Discussão

A análise de variância revelou significância a 5% de probabilidade para os 18 caracteres mensurados nas variedades de polinização aberta (VPAs) e os híbridos intervarietais de milho. Os coeficientes de variação (CV%) obtidos no experimento apresentaram amplitude de 0,74 a 19,76% e revelaram precisão na condução do experimento, transmitindo confiabilidade dos dados obtidos. Desta forma, nove caracteres obtiveram CV inferior a 10% com alta precisão, os demais se evidenciam de 10 a 20% sendo classificados com boa precisão experimental (PIMENTEL GOMES, 2000).

Os híbridos intervarietais foram submetidos à análise descritiva por distribuições de frequências com a finalidade de revelar o número e a amplitude das classes fenotípicas formadas, além de evidenciar quais destas compreendem o maior número de genótipos. O comprimento da semente (CS) formou cinco classes com amplitude de 9,9 a 12,9mm (Figura 1 A). As classes de 10,5 e 12,3mm compreendem 66,7% dos híbridos intervarietais, em contrapartida, a média geral dos pais (MP : 12,10 mm) discriminou as classes 12,3 e 12,9mm com 46,7% das progênes superiores devido ao cruzamento intervarietal. A largura da semente (LS) formou quatro classes com amplitude de 9,2 a 10,8mm (Figura 1 B). As classes 9,2 e 9,6mm compreendem a 73,3% dos híbridos intervarietais, e a média geral dos pais

(*MP*: 9,78mm) aponta que as classes 10,0 e 10,8mm possuem 26,6% das progênies superiores.

A espessura da semente (*ES*) formou cinco classes com amplitude de 4,0 a 5,6mm (Figura 1 C). A classe 4,8mm corresponde a 40% dos híbridos intervarietais, e a média geral dos pais (*MP*: 4,37mm), revelou que as classes 4,4; 4,8; 5,2 e 5,6mm comportaram 93,3% das progênies superiores. Pesquisas concluíram que as dimensões das sementes em milho modificaram apenas o estabelecimento inicial das plantas, os caracteres morfológicos e a produtividade não são influenciados (VAZQUEZ et al., 2012). Em outro relato, efeitos da dimensão da semente em milho sobre os caracteres fisiológicos e de crescimento das plântulas não foram observados (SANGOI et al., 2010).

A massa de cem sementes (*MC*) formou cinco classes com amplitude de 28 a 44g (Figura 1 D). A classe com 32g comportou 33,3% dos híbridos intervarietais, e a média geral dos pais (*MP*: 37,9g) distinguiu as classes 40 e 44g com 26,7% das progênies superiores. Cruzamentos intervarietais em dialelo parcial com 18VPAs obtiveram 96 híbridos onde 46,1% destes incrementaram a massa de cem sementes devido aos efeitos da heterose (DE OLIVEIRA et al., 2007). Pesquisas determinaram que independentemente do tipo de cruzamento que obtenha híbridos simples, duplos ou triplos, associações diretas e positivas são consolidadas entre a massa de cem sementes, a massa de sementes da espiga e a produtividade (LOPES et al., 2007; NARDINO et al., 2016).

A coloração das sementes (*CR*) formou seis classes com amplitude de 89,2 a 96,7 de ângulo Hue (Figura 1 E). A classe 95,2 correspondeu a 33,3% dos híbridos intervarietais sendo estes classificados como amarelos (ângulo Hue $\pm$ 90), a média geral dos pais (*MP*: 84,37) é intermediária às colorações vermelha (ângulo Hue < 90) e amarela (ângulo Hue $\pm$ 90), onde todos os cruzamentos intervarietais proporcionaram incremento na coloração das sementes com progênies superiores em ângulo Hue aos genitores. A coloração das sementes do milho é decorrente da proporção de carotenoides existentes (KIMURA et al., 2007). Os carotenoides mais frequentes em milho são a luteína, zeaxantina e o β -caroteno (SILVA et al., 2010).

A acidez das sementes (*AC*) formou cinco classes fenotípicas com amplitude de 0,21 a 0,45% (Figura 1 F). A classe com 0,33% evidenciou 53,3% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 0,30%) distinguiu as classes 0,33; 0,39 e 0,45% de acidez com 66,7% das progênies superiores aos genitores. O pH das

sementes (pH) formou quatro classes com amplitude de 6,3 a 6,9 (Figura 1 G). A classe 6,3 é superior com 73,3% dos híbridos intervarietais, e a média geral dos pais (*MP*: 6,64) revelou que as classes 6,8 e 6,9 obtiveram 20% das progênes superiores. A acidez titulável é inversamente proporcional ao pH, sendo que a maior acidez do fruto condizente aos estádios de maior taxa respiratória da planta, na maturidade fisiológica a acidez tende a diminuir devido ao decréscimo da atividade metabólica (SOARES et al., 2008). Em milho, as maiores taxas metabólicas são obtidas no período reprodutivo após a fecundação dos óvulos, que coincide com a definição da magnitude de sementes por espiga (ARGENTA et al., 2003).

Os sólidos solúveis (SS) formaram cinco classes com amplitude de 2,4 a 7,2°Brix (Figura 1 H). A classe 3,6°Brix é superior com 46,7% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 4,66°Brix) distingui as classes 4,8; 6,0 e 7,2°Brix com 40% das progênes superiores. Os sólidos solúveis em milho são diretamente influenciados pelas características do genótipo, eficiência fotossintética da planta e a oferta hídrica, onde as maiores proporções são expressas em sementes leitosas no estágio R_3 , desta maneira, o incremento em sólidos solúveis proporciona maiores dimensões e massa das sementes (MAGALHÃES; DURÃES, 2006).

Os fenóis totais (FN) formaram cinco classes com amplitude de 660 a 960 $\mu\text{g g}^{-1}$ (Figura 1 I). A classe 720 $\mu\text{g g}^{-1}$ corresponde a 33,3% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 657,32 $\mu\text{g g}^{-1}$) apontou que todas as progênes obtidas foram superiores aos seus genitores devido à heterose dos cruzamentos intervarietais. Os fenóis são compostos do metabolismo secundário e contribuem positivamente ao potencial antioxidante (SILVA et al., 2010).

Os flavonoides totais (FL) formaram cinco classes com amplitude de 400 a 800 $\mu\text{g g}^{-1}$ (Figura 2 A). A classe de 400 $\mu\text{g g}^{-1}$ é superior com 33,3% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 495,45 $\mu\text{g g}^{-1}$) discriminou as classes 500; 600; 700; e 800 $\mu\text{g g}^{-1}$ com 66,7% de progênes superiores. Os flavonoides contribuem para o desenvolvimento dos vegetais e auxiliam na proteção dos tecidos a estresses luminosos, incidência de insetos-praga, minimizam os radicais livres agindo como antioxidantes, regulando o balanço hormonal e enzimático, desta maneira, pesquisas em milho definem que estes compostos indiretamente podem influenciar a produtividade (OLIVEIRA; FERNANDES, 2008).

Os carotenoides totais (CT) formaram quatro classes com amplitude de 15 a 165 $\mu\text{g g}^{-1}$ (Figura 2 B). A classe com 105 $\mu\text{g g}^{-1}$ é superior com 53,3% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 83,64 $\mu\text{g g}^{-1}$) proporcionou distinguir as classes 105; 135 e 165 $\mu\text{g g}^{-1}$ com 80% das progênies superiores. Pesquisas realizadas em 10 VPAs de milho revelaram que os carotenoides totais são formados por maiores frações de xantofila, zeaxantina, β -criptoxantina e β -caroteno (RIOS et al., 2012). O melhoramento genético do milho com intuito de incrementar os carotenoides nas sementes proporciona obter genótipos com maior atividade pró- vitamina A (CARDOSO et al., 2009).

O potencial antioxidante obtido frente ao radical DPPH (DP) formou quatro classes com amplitude de 27 a 39% de inibição do radical (Figura 2 C). A classe com 39% de inibição corresponde a 46,7% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 24,59%) define que todas as progênies são superiores aos genitores. O potencial antioxidante obtido frente ao radical ABTS (AB) formou cinco classes com amplitude de 35 a 55% de inibição do radical (Figura 2 D). As classes 40 e 50% foram superiores com 53,3% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 32,44%) determina que todas as progênies são superiores aos genitores. A atividade antioxidante minimiza os radicais livres e o estresse oxidativo em humanos, os principais compostos com atividade antioxidante são os carotenoides, fenóis e flavonoides (SILVA et al., 2010).

O conteúdo de cobre (Cu) formou cinco classes com amplitude de 3 a 6 mg kg^{-1} (Figura 2 E). As classes 3,6 e 5,4 mg kg^{-1} apresentaram-se superiores com 66,7% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 4,44 mg kg^{-1}) discriminou as classes 5,4 e 6,0 mg kg^{-1} com 46,7% de progênies superiores. O cobre é constituinte de enzimas e proteínas, onde atua em processos fotossintéticos, respiratórios, transporte de elétrons, sendo componente de metabólitos secundários principalmente dos fenóis (KIRKBY; ROMHELD, 2007).

O conteúdo de zinco (Zn) formou seis classes com amplitude de 21 a 51 mg kg^{-1} (Figura 2 F). A classe 27 mg kg^{-1} evidencia-se superior com 40% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 23,08 mg kg^{-1}) distingue as classes 27; 33; 39; 45 e 51 mg kg^{-1} com 80% de progênies superiores. O Zn participa ativamente das interações entre as enzimas e substratos, auxilia na síntese do triptofano e auxinas sendo estas responsáveis pelo crescimento dos tecidos vegetais, influencia positivamente os carboidratos, proteínas e membranas (KIRKBY; ROMHELD, 2007),

alongamento dos internódios do colmo, acúmulo de fitomassa e produtividade de sementes em milho (ANDREOTTI et al., 2001).

O conteúdo de sódio (Na) formou seis classes com amplitude de 196 a 236 mg kg⁻¹ (Figura 2 G). Os híbridos intervarietais apresentam distribuição uniforme entre as classes fenotípicas e a média geral dos pais (*MP*: 232,11mg kg⁻¹) distingue a classe 236mg kg⁻¹ com 20% das progênes superiores. O manganês (Mn) demonstra quatro classes formadas com amplitude de 7 a 15mg kg⁻¹ (Figura 2 H). A classe 9mg kg⁻¹ apresenta-se superior com 46,7% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 4,98mg kg⁻¹) define que todas as progênes foram superiores aos genitores. O Mn atua diretamente em processos fotossintéticos com a quebra da molécula de água e o transporte de elétrons, minimiza os efeitos de espécies reativas de oxigênio e é um co-fator enzimático que auxilia no metabolismo secundário de fenóis e flavonoides, em milho é determinante para a inflorescência masculina, viabilidade das anteras e do pólen, e intimamente ligado ao potencial fisiológico das sementes (KIRKBY; ROMHELD, 2007).

O conteúdo de ferro (Fe) formou quatro classes com amplitude de 25 a 45mg kg⁻¹ (Figura 2 I). A classe 25mg kg⁻¹ é superior com 53,3% dos híbridos intervarietais e a média geral dos pais (*MP*: 23,65mg kg⁻¹) define que todas as progênes foram superiores aos seus genitores. O Fe compreende as proteínas responsáveis pelo transporte de elétrons, é um ativador enzimático que regula a biossíntese da clorofila e a funcionalidade dos cloroplastos, em contrapartida, agrupa frações de fenóis para a lignificação dos tecidos, principalmente os radiculares (KIRKBY; ROMHELD, 2007). Poucos genes controlam a eficiência de acúmulo do ferro nas sementes, mas é dependente do transporte pelos vasos do floema e da quantidade de minerais contidos nos tecidos da planta (RIOS et al., 2009).

A correlação linear foi realizada com intuito de identificar a tendência das associações entre os 18 caracteres mensurados nas variedades de polinização aberta (*VPAs*) e híbridos intervarietais de milho (*N*=33). Realizou-se 153 associações lineares entre os caracteres sendo 42 significativas a 5% de probabilidade pelo teste *t* (Tabela 9). Os coeficientes de correlação linear seguiram a classificação proposta por Carvalho et al. (2004).

O comprimento da semente (*CS*) apresenta tendência intermediária e positiva com a *MC* (*r*=0,42), em contrapartida, tendências intermediárias e negativas com a *ES* (*r*=-0,52), *pH* (*r*=-0,53) e *SS* (*r*=-0,41). Sementes de milho com maiores

dimensões longitudinais tendem a incrementar sua massa e reduzir a espessura alterando as conformidades do endosperma, desta maneira, às modificações afetam o acúmulo de açúcares totais e causam o decréscimo do pH. Espigas menores direcionam os assimilados disponíveis a um menor número de sementes, o incremento da massa destas sementes é decorrente da transformação de açúcares solúveis em amido entre os estádios R_2 e R_6 , onde resulta no máximo acúmulo de matéria seca na semente do milho (MAGALHÃES; DURÃES, 2006).

A largura da semente (LS) evidencia tendência alta e positiva com a MC ($r=0,84$), intermediária e positiva com os FN ($r=0,38$), intermediárias e negativas com os SS ($r=-0,50$), Zn ($r=-0,37$) e o Na ($r=-0,39$). Os resultados indicam que as sementes mais largas apresentam a maior massa, e incrementam a constituição fenólica total com decréscimos da fração mineral através dos elementos Zn e Na. A espessura da semente (ES) apresenta tendências intermediárias e positivas com a CR ($r=0,37$), FN ($r=0,50$), DP ($r=0,54$) e Fe ($r=0,29$). Sementes de milho quando espessas tendem a expressar coloração mais acentuada com incremento dos pigmentos contidos em seu tegumento, sendo indicativo do maior acúmulo de fenóis e carotenoides totais, então genótipos com maior fração fenólica evidenciam superioridade ao potencial antioxidante e acúmulo de ferro na semente. O potencial antioxidante está intimamente relacionado à fração fenólica do vegetal e as maiores proporções de carotenoides em grãos de milho (luteína e zeaxantina) minimizam os efeitos negativos das espécies reativas de oxigênio (SILVA et al., 2010). Pesquisas indicam que *VPAs* apresentam maior concentração de ferro nas sementes quando comparadas aos híbridos, e maiores proporções deste mineral estão contidas no embrião das sementes com tegumento duro (CASTRO et al., 2009).

A massa de cem sementes (MC) revela tendência alta e negativa com o Zn ($r=-0,68$), intermediárias e negativas com SS ($r=-0,45$), Mn ($r=-0,48$) e Fe ($r=-0,39$). Associações inversas entre a massa da semente e o acúmulo de minerais apresenta-se justificável devido ao endosperma ser formado por maiores proporções de carboidratos amiláceos, e ao embrião se atribuías maiores frações minerais (CASTRO et al., 2009). O incremento da massa da semente não evidencia efeitos abruptos ao acúmulo de minerais, mas o aumento das proporções de Zn e Fe em sementes de milho pode ser obtido com o uso eficiente dos melhores genitores, com intuito de explorar a combinação híbrida através de efeitos aditivos e não aditivos,

conjuntamente combinar estratégias de seleção que priorizam obter genótipos com maiores proporções de minerais e produtividade (MENKIR, 2008).

A coloração das sementes (CR) expressa tendências intermediárias e positivas com o DP ($r=0,52$), Zn ($r=0,44$), Mn ($r=0,54$) e Fe ($r=0,41$). Sementes com tegumento mais pigmentado possuem maiores proporções de compostos bioativos, com incremento da atividade antioxidante e a capacidade de suprimir as espécies reativas de oxigênio (SILVA et al., 2010), estes efeitos são potencializados pela funcionalidade do Fe em transportar elétrons, onde o Mn auxilia ao metabolismo secundário, o Zn na síntese de hormônios principalmente das auxinas, sendo todos estes micronutrientes co-fatores enzimáticos (KIRKBY; ROMHELD, 2007).

A acidez (AC) apresentou tendências intermediárias e positivas com AB ($r=0,38$) e Na ($r=0,35$), intermediárias e negativas com o Cu ($r=-0,42$) e Zn ($r=-0,35$). O pH associa-se de forma intermediária e positiva com os SS ($r=0,50$). Neste contexto, o pH é proporcional a fração de açúcares solúveis e inversamente à acidez titulável, o acúmulo de sódio no tegumento das sementes resultou no incremento da acidez inibição do radical ABTS, em contrapartida, os micronutrientes Cu e Zn decrescem. Pesquisas realizadas em café esclarecem a dinâmica de associações dos compostos bioativos, onde menores proporções de açúcares solúveis e proteínas indicam o incremento da acidez titulável, dos compostos fenólicos e consequentemente da atividade antioxidante (ABRAHÃO et al., 2010).

Os sólidos solúveis (SS) evidenciam associação intermediária e positiva com os CT ($r=0,53$), os fenóis totais (FN) apresentam tendência intermediária e positiva com DP ($r=0,60$) e AB ($r=0,37$). O potencial antioxidante obtido pelo radical DPPH expressa associação alta e positiva com ABTS ($r=0,69$). Estas associações lineares apontam dependência entre os radicais, e preliminarmente podem ser explicados através de uma dinâmica similar, para as VPAs e híbridos intervarietais a atividade antioxidante é atribuída aos fenóis totais, onde a maior fração de sólidos solúveis incrementa os carotenoides totais (luteína, zeaxantina, β -criptoxantina e β -caroteno) (KIMURA et al., 2007). Portanto, sementes de milho mais pigmentadas devido aos carotenoides podem possuir ação antioxidante.

O Zn associa-se de forma intermediária e positiva com os FL ($r=0,40$), AB ($r=0,38$) e Cu ($r=0,43$). Enquanto, o Mn apresenta tendência alta e positiva com o Zn ($r=0,85$), e intermediária e positiva com FL ($r=0,45$), DP ($r=0,45$) e AB ($r=0,47$). O Fe relaciona-se de maneira intermediária e positiva com Zn ($r=0,40$) e Mn ($r=0,42$). Ao

identificar quais caracteres definem o potencial antioxidante do milho constata-se que simultaneamente o Fe e os flavonoides totais tendem a incrementar Zn e Mn, e ambos inibem o radical ABTS contribuindo para a atividade antioxidante.

A relação das progênes com o pai-médio (r) representa o quanto da característica pode estar associado à descendência por cruzamento (Tabela 10). As dimensões das sementes evidenciam que o CS ($r=0,21$) e a LS ($r=0,27$) indicam maior contribuição dos genitores à progênie, em relação a ES ($r=0,13$) e MC ($r=0,09$). A variação fenotípica dos caracteres CS, LS, ES e MC foram determinadas por 11,7; 19,8; 1,5 e 6,5% dos efeitos aditivos, respectivamente. A herdabilidade com sentido amplo ($\hat{H}^2$) evidencia que as maiores variações genéticas estão condicionadas aos caracteres LS, ES e MC, em contrapartida, indica que o CS é acometido por 83,1% de efeitos do ambiente. A herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2$) define a fração realmente herdável da variação genética da característica, desta forma, o CS e a LS evidenciam herdabilidade baixa (0,11 e 0,19) oriunda dos efeitos aditivos, os resultados obtidos para a ES e a MC são decorrentes dos desvios de dominância. A obtenção dos parâmetros genéticos em 28 híbridos intervarietais oriundos de 8 VPAs indicam que a massa das sementes é determinada pela heterose e os efeitos de dominância (BERNINI et al., 2012).

Dentre os parâmetros constitucionais das sementes, a AC apresenta relação progênes com o pai-médio de ($r=0,44$) superior a CR ($r=0,13$), pH ($r=0,27$) e SS ($r=0,25$). A variação fenotípica da CR, AC, pH e SS são oriundas de 3,4; 20,0; 17,2 e 25,2% de efeitos aditivos, respectivamente. A herdabilidade com sentido amplo indica maior variação genética para o caráter AC ($\hat{H}^2 = 0,50$). Por outro lado, os SS são influenciados por 88,7% dos efeitos do ambiente. A herdabilidade com sentido restrito evidencia efeitos aditivos superiores para o caráter AC ($\hat{h}^2 = 0,17$), desvios de dominância pronunciáveis são expressos para a CR ($\hat{h}^2 = 0,03$).

Para os constituintes fenólicos e os radicais antioxidantes, observa-se que os FN e o DP são superiores na relação progênes com pai-médio ($r=0,58$) e ($r=0,60$) respectivamente, quando associados a FL ($r=0,12$), CT ($r=0,46$) e AB ($r=0,17$). A variação fenotípica dos FN, FL, CT, DP e AB são decorrentes de 13,7; 8,6; 48,4; 26,4 e 7,7% de efeitos aditivos, respectivamente. A herdabilidade com sentido amplo indica maior variação genética para FN ($\hat{H}^2 = 0,62$), CT ($\hat{H}^2 = 0,51$) e DP ($\hat{H}^2 = 0,64$), entretanto, os FL e o AB são influenciados em 70,7 e 79,6% por efeitos do ambiente.

A herdabilidade com sentido restrito indica efeitos aditivos dos CT ($\hat{h}^2 = 0,48$), maiores desvios de dominância são atribuídos aos FL ($\hat{h}^2 = 0,08$) e ao AB ($\hat{h}^2 = 0,07$).

Dentre os micronutrientes, o Cu expressa relação progênie com o pai-médio superior ($r=0,67$) ao Zn ($r=0,27$), Na ($r=0,33$), Mn ($r=0,41$) e Fe ($r=0,49$). A variação fenotípica do Cu, Zn, Na, Mn e Fe é oriunda de 0,10; 0,37; 34,92; 0,13 e 1,03% de efeitos aditivos. A herdabilidade com sentido amplo evidencia maior variação genética para Cu ($\hat{H}^2 = 0,81$) e Na ($\hat{H}^2 = 0,90$), entretanto, o Zn e o Fe são acometidos por 73,9 e 98,5% por efeitos do ambiente. A herdabilidade com sentido restrito indica superioridade aos efeitos aditivos para o Na ($\hat{h}^2 = 0,34$), contudo, maiores desvios de dominância são estabelecidos para o Cu, Zn, Mn e o Fe.

A heterose expressa o incremento do caráter através da combinação híbrida realizada (RAMALHO et al., 2012). Desta forma, procederam-se os cruzamentos intervarietais fixando o genótipo Dente de ouro roxo (P_1) como genitor masculino, em contrapartida, os genótipos BRS Missões (P_2), Caiano rajado (P_3), AL 25 (P_4), Bico de ouro (P_5) e Argentino branco (P_6) compuseram os genitores femininos, onde os caracteres ES, CR, FN, AB e Zn apresentaram heterose positiva para todos os cruzamentos realizados (Tabela 11), ou seja, o aumento dos caracteres avaliados em relação à média dos pais. O cruzamento $P_2 \times P_1$ proporcionou incremento da CR e CT com 34,04 e 158,03%, respectivamente. Ao combinar os genitores $P_3 \times P_1$ os caracteres ES, FN e DP foram incrementados em 27,02; 39,17 e 53,35% devido aos efeitos da heterose. O cruzamento $P_4 \times P_1$ revelou que os caracteres Zn e Fe foram incrementados em 49,77 e 54,10%, em contrapartida, o cruzamento $P_5 \times P_1$ evidencia aumento do DP em 67,38%, no entanto, a combinação híbrida $P_6 \times P_1$ identifica efeitos pronunciáveis do Fe e Mn com heterose de 118,87 e 111,57% nas proporções destes elementos em sementes de híbridos intervarietais.

Os resultados obtidos para as seis variedades de polinização aberta (VPAs) e os cinco híbridos intervarietais permitiu avaliar os parâmetros genéticos e os mecanismos de ação gênica que influenciam a variação fenotípica observada. A espessura e coloração das sementes, fenóis totais, radical antioxidante ABTS e zinco são incrementados pela heterose intervarietal, e são importantes para o desenvolvimento de genótipos de milho na Região Sul do Brasil.

4.4 Conclusões

Associações lineares altas e positivas são expressas entre a largura e a massa de cem sementes, entre os radicais antioxidantes DPPH e ABTS, e através do manganês e o zinco.

Os parâmetros genéticos determinam que a relação progênies e o pai-médio são superiores para o comprimento, largura e acidez da semente, fenóis totais e o cobre.

A herdabilidade com sentido amplo, expressa maior magnitude para os caracteres acidez das sementes, radical antioxidante DPPH e para o cobre.

A herdabilidade com sentido restrito é superior para os caracteres, comprimento, largura e a acidez das sementes, carotenoides e o conteúdo de sódio.

Os caracteres espessura e coloração das sementes, fenóis totais, radical antioxidante ABTS e zinco são incrementados através dos efeitos da heterose intervartietal.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABRAHÃO, S. A. R. G. F. A.; PEREIRA, S. M. DA S.; DUARTE, A. R. L.; DALILA J. A.; FERREIRA, E. B. Compostos bioativos e atividade antioxidante do café (*Coffea arabica* L.). **Ciência e Agrotecnologia**. v.34, n.2, p.414-420, 2010.

ANDREOTTI, M.; SOUZA, E.; CRUSCIOL, C. A. C. Componentes morfológicos e produção de matéria seca de milho em função da aplicação de calcário e zinco. **Scientia Agrícola**. v.58, n.2, p.321-327, 2001.

AOAC, Association of Official Analytical Chemists - **Official methods of analysis of the AOAC**, 1.ed. Gaithersburg: USA. 2005, 300p.

ARGENTA, G. R.; SANGOI, L.; SILVA, P. R. F.; RAMPAZZO, C.; GRACIETTI, L. C.; STRIEDER, M. L.; FORSTHOFER, E. L.; SUHRE, E. Potencial de rendimento de grãos de milho em dois ambientes e cinco sistemas de produção. **Scientia Agrária**. v.4, n.1, p.27-34, 2003.

BERNINI, C. S.; PATERNIANI, M. E. Estimativas de parâmetros de heterose em híbridos de populações F2. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. v.42, n.1, p.56-62, 2012.

BRAND-WILLIAMS, W.; CUVELIER, M.; BERSET, C. Use of a Free Radical Method to Evaluate Antioxidant Activity. **Food Science and Technology**. v.28, n.1, p.25-30, 1995.

CARDOSO, W. S.; PAES, M. C. D.; GALVÃO, J. C. C.; RIOS, A. S.; GUIMARÃES, P. E. O.; SCHAFFERT, R. E.; BORÉM, A. Variabilidade de genótipos de milho quanto à composição de carotenoides nos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**.v.44, p.164-173, 2009.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCERTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e Implicações da Correlação**. 1.ed. Pelotas: UFPEL, 2004. 142p.

CASTRO, M. V. L.; NAVES, M. M. V.; OLIVEIRA, J. P.; FROES, L. O. Rendimento industrial e composição química de milho de alta qualidade proteica em relação a híbridos comerciais. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. v.39, n.3, p.233-242, 2009.

COSTA, N. M. B.; BORÉM, A. **Biotecnologia em Saúde e Nutrição: Como o DNA pode enriquecer os alimentos**. 2. ed. Rio de Janeiro: Editora Rubio, 2013. 250p.

CRUZ, C. D. GENES a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.1, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**, 5.ed. Viçosa: Editora UFV, 2014, 480p.

DE OLIVEIRA, J. P.; CHAVES, L. J.; DUARTE, J. B.; BRASIL, E. M.; RIBEIRO, K. O. Qualidade física do grão em populações de milho de alta qualidade proteica e seus cruzamentos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. v.37, n.4: p.233-241, 2007.

EMBRAPA, **Sistema brasileiro de classificação de solos**.2.ed. Rio de Janeiro: Embrapa-SPI, 2006. 306p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1987. 450p.

KIMURA, M.; KOBORI, C. N.; RODRIGUEZ-AMAYA, D. B.; NESTEL, P. Screening and HPLC methods for carotenoids in sweet potato, cassava and maize for plant breeding trials. **Food Chemistry**. v.100, n.1, p.1734-1746, 2007.

KIRKBY, E. A.; RÖMHELD, V. Micronutrientes na fisiologia de plantas: funções, absorção e mobilidade. **Informações agrônômicas**, v.118, n.2, p.1-24, 2007.

LOPES, S. J.; DAL COLLÚCIO, A.; STORCK, L.; DAMO, H. P.; BRUN, B.; SANTOS, V. J. Relações de causas e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos, **Ciência Rural**. v.37, n.6, p.1536-1542, 2007.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. **Fisiologia da produção de milho**, 1.ed. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 500p.

MENKIR, A. Genetic variation for grain mineral content in tropical-adapted maize inbred lines. **Food Chemistry**, v.110, n.2, p.454-464, 2008.

NARDINO, M.; SOUZA, V. Q.; BARETTA, D.; KONFLAZ, V. A.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; CARON, B. O. Association of secondary traits with yield in maize F1's. **Ciência Rural**. v.10, n.1 p.10-25, 2016.

OLIVEIRA, D. A.; FERNANDES, A. Adubação foliar e utilização de flavonoides na cultura do milho. **FAZU em Revista**. v.5, n.1, p.01-05, 2010.

PAES, M. C. D. Aspectos Físicos, Químicos e Tecnológicos do Grão de Milho. **Embrapa Milho e Sorgo**, v.75, n.1, p.01-06, 2006.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 14.ed. Piracicaba: Degaspari, 2000, 477p.

RAMALHO, M.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5.ed. Lavras: UFLA, 2012. 565p.

RIBEIRO, L. P.; TEODORO, P. E.; CORRÊA, C. C. G.; OLIVEIRA, E. P.; SILVA, F. A.; TORRES, F. E. Correlações e parâmetros genéticos em híbridos de milho. **Bioscience Journal**. v.32, n.1, p.1-10, 2016.

RIOS, S. A.; ALVES, K. R.; COSTA, N. M. B.; MARTINO, H. S. D. Biofortificação: culturas enriquecidas com micronutrientes pelo melhoramento genético. **Ceres**, v.56, n.6, p.01-15 2009.

RIOS, S. A.; BORÉM, A.; GUIMARÃES, P. E. O.; PAES, M. C. D. Análise de trilha para carotenoides em milho. **Ceres**, v.59, n.3, p.100-120, 2012.

RUFINO, M. S. M. Determinação da Atividade Antioxidante Total em Frutas pela Captura do Radical Livre ABTS. **Comunicado Técnico**, v.128, n.1, p.3-6, 2007.

SANGOI, L.; ALMEIDA, M. L.; HORN, D.; BIANCHET, P.; GRACIETTI, M. A.; SCHMITT, A.; SCHWEITZER, C. Tamanho de semente, profundidade de semeadura e crescimento inicial do milho em duas épocas de semeadura. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. v.3, n.3, p.100-110, 2010.

SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. Analysis of variance test for normality, **Biometrika**. v.1, n.1, p.591-611, 1965.

SIKORA, E.; CIESLIK, E.; LESZCZYNSKA, T.; FILIPIAK-FLORKIWUACZ, A.; PISULEWSKI, P. M. The antioxidant activity of selected cruciferous vegetables subjected to aquathermal processing. **Food Chemistry**. v.107, n.1, p.50-55, 2008.

SILVA, M. L. C.; COSTA, R. S.; SANTANA, A. S.; KOBLITZ, M. G. B. Compostos fenólicos, carotenoides e atividade antioxidante em produtos vegetais. **Ciências Agrárias**, v.31, n.3, p.669-682, 2010.

SINGLETON, V. L.; ROSSI, J. A. JR. Colorimetry of total phenolics with phosphomolybdicphosphotungstic acid reagents. **American Journal of Enology and Viticulture**. v.16, n.1, p.144-158, 1965.

SOARES, J. M.; CALIARI, M.; VERA, R.; GUAZZELLI, A. Conservação pós-colheita de mangaba sob refrigeração e modificação da atmosfera de armazenamento. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. v.38, n.2, p.78-86, 2008.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKY, D. A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3. ed. New York: Columbia, 1997. 666p.

TEDESCO, M. J. **Análise de solo, plantas e outros materiais**. 2.ed. Porto Alegre: UFRGS, 1995. 147p.

VAZQUEZ, G. H.; ARF, O.; SARGI, B. A.; PESSOA, A. C. O. Influência do tamanho e da forma da semente de milho sobre o desenvolvimento da planta e a produtividade de grãos. **Bioscience Journal**, v.28, n.1, p.100-125, 2012.

ZHISHEN, J.; MENGCHENG, T.; JIANMING, W. The determination of flavonoid contents in mulberry and their scavenging effectes on superoxide radicals. **Food Chemistry**. v. 64, n.1, p.555-559, 1999.

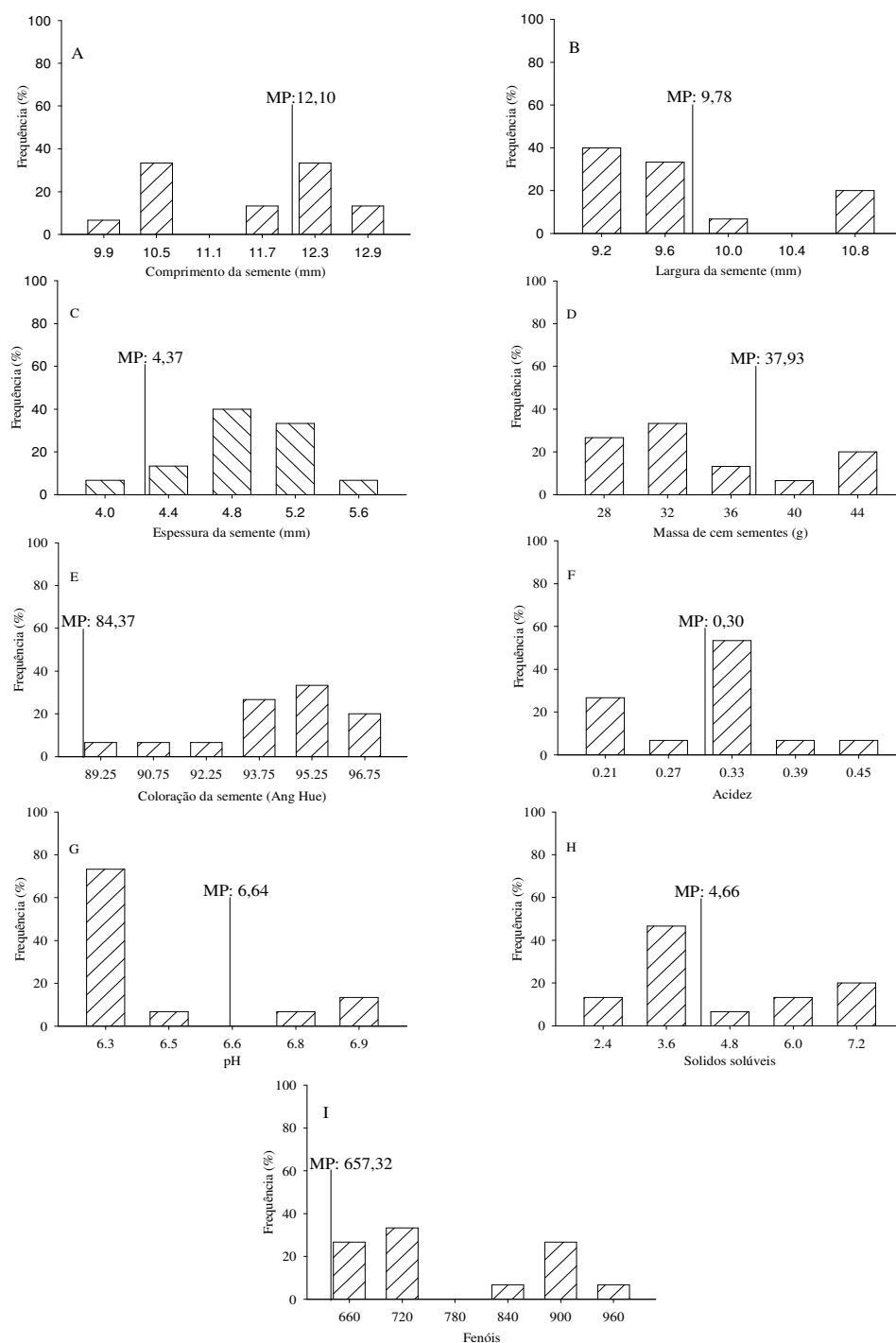


Figura 1. Distribuições de frequências das classes fenotípicas para os caracteres: gráfico (A) comprimento da semente (CS); gráfico (B) largura da semente (LS); gráfico (C) espessura da semente (ES); gráfico (D) massa de cem sementes (MC); gráfico (E) coloração das sementes (CR); gráfico (F) acidez das sementes (AC); gráfico (G) pH (pH); gráfico (H) sólidos solúveis (SS); gráfico (I) fenóis totais (FN), aferidos em híbridos intervarietais de milho.

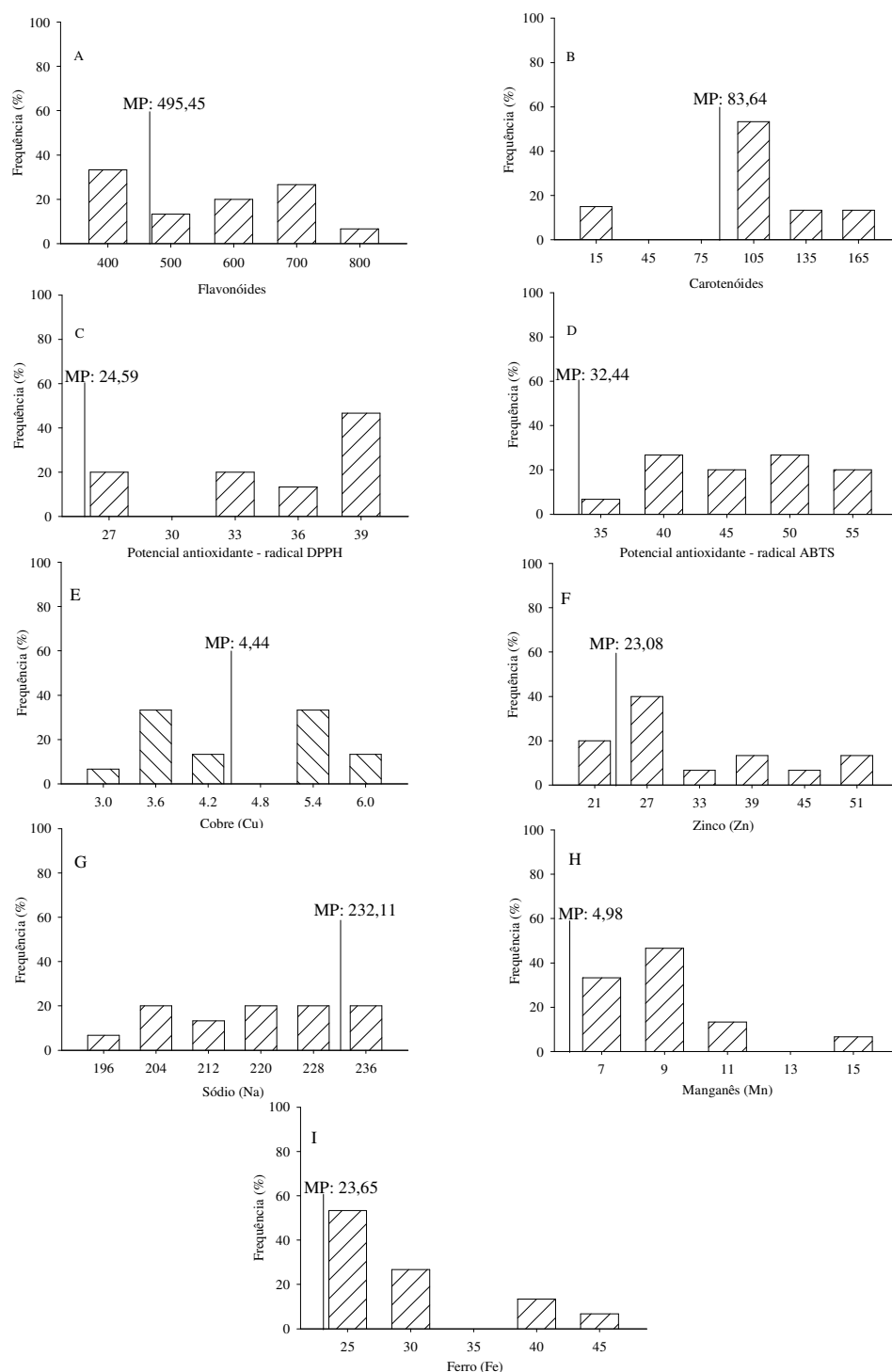


Figura 2. Distribuições de frequências das classes fenotípicas para os caracteres: gráfico (A) flavonoides (FL); gráfico (B) carotenoides (CT); gráfico (C) potencial antioxidante pelo radical DPPH (DP); gráfico (D) potencial antioxidante pelo radical ABTS (AB); gráfico (E) cobre (Cu); gráfico (F) zinco (Zn); gráfico (G) sódio (Na); gráfico (H) manganês (Mn); gráfico (I) ferro (Fe), aferidos em híbridos intervarietais de milho.

Tabela 9. Estimativas da correlação linear de *Pearson* para os caracteres vinculados às dimensões das sementes, compostos bioativos e micronutrientes em variedades de polinização aberta (VPAs) e híbridos intervarietais de milho.

Caracteres	CS ¹	LS	ES	MC	CR	AC	pH	SS	FN
CS ¹	-	0,30	-0,52*	0,42*	-0,27	0,12	-0,53*	-0,41*	-0,04
LS		-	0,25	0,84*	0,06	-0,25	-0,24	-0,50*	0,38*
ES			-	0,05	0,37*	-0,07	0,05	-0,06	0,50*
MC				-	-0,27	-0,12	-0,33	-0,45*	0,26
CR					-	-0,22	0,16	-0,14	0,27
AC						-	-0,13	0,02	0,07
pH							-	0,50*	-0,33
SS								-	-0,29
FN									-
Caracteres	FL ¹	CT	DP	AB	Cu	Zn	Na	Mn	Fe
CS ¹	-0,18	-0,12	-0,22	-0,14	-0,21	-0,30	0,14	-0,28	-0,20
LS	0,06	-0,07	0,12	-0,15	-0,04	-0,37*	-0,39*	-0,20	-0,20
ES	0,02	0,17	0,54*	0,30	0,24	0,19	-0,17	0,34	0,29*
MC	-0,20	-0,11	-0,05	-0,34	-0,15	-0,68*	-0,25	-0,48*	-0,39*
CR	0,30	0,31	0,52*	0,23	-0,04	0,44*	-0,27	0,54*	0,41*
AC	-0,05	0,18	0,31	0,38*	-0,42*	-0,35*	0,35*	-0,26	0,15
pH	-0,20	0,25	0,01	-0,04	0,01	0,14	0,05	-0,13	-0,04
SS	-0,28	0,53*	-0,25	-0,08	-0,03	0,03	0,34*	-0,10	0,06
FN	0,09	0,21	0,60*	0,37*	-0,17	-0,07	-0,17	0,26	0,07
FL	-	-0,43*	0,10	0,12	0,13	0,40*	-0,26	0,45*	0,30
CT		-	0,26	0,18	-0,53*	-0,18	0,10	-0,04	0,23
DP			-	0,69*	-0,23	0,16	-0,25	0,45*	0,32
AB				-	-0,16	0,38*	0,08	0,47*	0,19
Cu					-	0,43*	-0,13	0,23	0,11
Zn						-	-0,15	0,85*	0,40*
Na							-	-0,33	-0,20
Mn								-	0,42*
Fe									-

* coeficientes de correlação linear de *Pearson* (n=33) significativo a 5% de probabilidade pelo teste *t*.

¹ comprimento da semente (CS); largura da semente (LS); espessura da semente (ES); massa de cem sementes (MC); coloração das sementes (CR); acidez das sementes (AC); pH (pH); sólidos solúveis (SS); fenóis (FN); flavonoides (FL); carotenoides (CT); potencial antioxidante pelo radical DPPH (DP); potencial antioxidante pelo radical ABTS (AB); cobre (Cu); zinco (Zn); sódio (Na); manganês (Mn); ferro (Fe).

Tabela 10. Estimativa dos parâmetros genéticos, relação progênie com o pai-médio (r), variância fenotípica (σ^2F), variância aditiva (σ^2A), herdabilidade com sentido amplo ($\hat{H}^2$), herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2$) para os caracteres vinculados as dimensões das sementes, compostos bioativos e micronutrientes em variedades de polinização aberta (VPAs) e híbridos intervarietais de milho.

Caracteres	r	σ^2F	σ^2A	$\hat{H}^2$	$\hat{h}^2$
CS ¹	0,215	0,808	0,095	0,169	0,117
LS	0,276	0,419	0,083	0,377	0,199
ES	0,134	0,188	0,003	0,297	0,017
MC	0,092	29,028	1,894	0,252	0,065
CR	0,137	88,223	3,018	0,232	0,034
AC	0,441	0,005	0,001	0,504	0,172
pH	0,272	0,029	0,005	0,053	0,167
SS	0,251	2,297	0,581	0,113	0,253
FN	0,581	11986,934	1648,666	0,620	0,138
FL	0,125	12961,564	1122,750	0,293	0,087
CT	0,461	2296,409	1112,466	0,518	0,484
DP	0,608	43,090	11,393	0,644	0,264
AB	0,179	121,604	9,400	0,204	0,077
Cu	0,676	424,790	0,463	0,810	0,001
Zn	0,274	32,311	0,122	0,261	0,004
Na	0,332	0,607	0,212	0,904	0,349
Mn	0,412	64,835	0,089	0,560	0,001
Fe	0,496	6,595	0,068	0,015	0,010

¹ comprimento da semente (CS); largura da semente (LS); espessura da semente (ES); massa de cem sementes (MC); coloração das sementes (CR); acidez das sementes (AC); pH (pH); sólidos solúveis (SS); fenóis (FN); flavonoides (FL); carotenoides (CT); potencial antioxidante pelo radical DPPH (DP); potencial antioxidante pelo radical ABTS (AB); cobre (Cu); zinco (Zn); sódio (Na); manganês (Mn); ferro (Fe).

Tabela 11. Estimativa do percentual de heterose (H) para os caracteres vinculados as dimensões das sementes, compostos bioativos e micronutrientes em cruzamentos intervarietais de milho.

Caracteres	Heterose (%)				
	$P_2 \times P_1^{(2)}$	$P_3 \times P_1$	$P_4 \times P_1$	$P_5 \times P_1$	$P_6 \times P_1$
CS ⁽¹⁾	-14,590	-2,160	-19,480	1,120	-1,800
LS	-3,410	11,060	-3,510	7,730	3,660
ES	17,530	27,020	20,760	3,210	11,060
MC	-24,650	17,300	-13,620	10,540	-12,200
CR	34,040	14,960	15,180	14,500	20,210
AC	-4,680	-11,980	-1,100	2,420	-46,810
pH	7,120	-1,210	-1,040	-1,430	-2,140
SS	37,700	-50,000	37,500	-34,330	-25,000
FN	8,270	39,170	21,630	24,020	8,650
FL	-3,550	-9,350	40,660	29,350	31,470
CT	158,030	10,820	30,490	6,020	-44,960
DP	70,510	53,350	30,510	67,380	-0,240
AB	68,360	9,000	13,800	23,080	8,780
Cu	-99,040	3,860	-4,470	-12,870	-5,370
Zn	32,160	20,550	49,770	40,970	48,170
Na	-44,280	4,350	10,770	-9,090	38,540
Mn	-85,000	-1,560	24,850	14,070	111,570
Fe	-42,680	24,370	54,100	47,200	118,870

¹ comprimento da semente (CS); largura da semente (LS); espessura da semente (ES); massa de cem sementes (MC); coloração das sementes (CR); acidez das sementes (AC); pH (pH); sólidos solúveis (SS); fenóis (FN); flavonoides (FL); carotenoides (CT); potencial antioxidante pelo radical DPPH (DP); potencial antioxidante pelo radical ABTS (AB); cobre (Cu); zinco (Zn); sódio (Na); manganês (Mn); ferro (Fe).

5 CAPÍTULO IV

**Heterose e parâmetros genéticos para os componentes do rendimento e
nutricionais em progênies de meios-irmãos de milho**

Heterose e parâmetros genéticos para os componentes do rendimento e nutricionais em progênies de meios-irmãos de milho

Resumo

A crescente demanda por genótipos superiores em produtividade e qualidade nos grãos é um desafio constante para os melhoristas de milho. Desta forma, este trabalho teve por objetivo estimar a heterose, os componentes de variância e parâmetros genéticos mais relevantes, utilizar uma abordagem multivariada para definir perfis de herdabilidade com sentido restrito para os componentes do rendimento e nutricionais em progênies de meios-irmãos de milho. O experimento foi realizado na safra agrícola 2015/2016 no Centro de Genômica e Fitomelhoramento - UFPel, onde utilizou-se o delineamento experimental de blocos casualizados, com um genitor paterno (híbrido testador), cinco linhagens endogâmicas (S_5) consideradas genitores maternos e as progênies (híbridos Top Cross), totalizando 11 genótipos de milho dispostos em seis repetições. Onde mensurou-se 42 caracteres de importância ao melhoramento do milho e definiu-se que as progênies de meios-irmãos revelam maior contribuição genética aditiva para a expressão fenotípica através da largura e espessura do grão, teor de ferro, flavonoides e carotenoides totais, sólidos solúveis e metionina. A herdabilidade com sentido restrito entre e dentro das progênies são superiores para o teor de manganês, glicina, prolina e triptofano. Independente da linhagem endogâmica S_5 utilizada ganhos por heterose são obtidos para a altura de inserção da espiga, número de fileiras de grãos da espiga, diâmetro do sabugo, teor de zinco, carotenoides totais, sólidos solúveis e pH. Heterose específica é evidenciada para o rendimento de grãos, glicina, serina, treonina e fenilalanina. A abordagem multivariada define oito perfis de caracteres quanto a sua tendência genética e determina que a distinção entre os perfis é oriunda da herdabilidade com sentido restrito da média da progênie. Estes parâmetros genéticos obtidos são imprescindíveis e aplicáveis ao melhoramento genético, onde podem auxiliar nas estratégias de seleção dos componentes do rendimento e nutricionais do milho.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; aminoácidos; perfil nutricional dos grãos; melhoramento; biofortificação.

Heterosis and genetics parameters for yield and nutritional components in half-sibling maize progenies

Abstract

The increasing demand for superior genotypes in grain yield and quality is a constant challenge for maize breeders. Thus, the objective of this work was to estimate heterosis, components of variance and genetic parameters more relevant, to apply a multivariate approach to define narrow sense heritability profiles for yield and nutritional components in progenies of half-siblings. The experiment was carried out in the 2015/2016 agricultural year at the Center of Genomics and Plant Breeding - UFPel, where a completely randomized blocks design was used, with one male genitor (tester), five inbred lines (S_5) considered female genitors and the progenies (Top Cross hybrids), totaling 11 maize genotypes arranged in six replicates. 42 traits of interest for maize breeding were measured. It was defined that half-sibling progenies present greater genetic contribution to phenotypic expression through grain width and thickness, total iron, flavonoid, carotenoid total, soluble solids and methionine content. The narrow sense heritability between and within progenies are superior for the content of manganese, glycine, proline and tryptophan. Independent of the S_5 inbred line used, gains by heterosis are obtained for spike insertion height, number of rows in the spike, spike diameter, zinc content, total carotenoids, soluble solids and pH. Specific heterosis is evidenced for grain yield, glycine, serine, threonine and phenylalanine. The multivariate approach defines eight profiles of traits regarding their genetic tendencies, and determines that distinction between maize profiles is originated from narrow sense heritability of the progeny's average. These genetic parameters are essential and applicable to maize breeding, as they may aid in the selection strategies for maize yield and nutritional components.

Keywords: *Zea mays* L.; amino acids; nutritional profile of grains; breeding; biofortification.

5.1 Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é um cereal difundido no cenário agrícola, econômico e social, onde sua importância deve-se às aptidões apresentadas pela cultura, sendo

destinado para a alimentação humana e animal, bem como matéria prima para produtos industrializados (WEN et al., 2016). Desta maneira, torna-se imprescindível desenvolver genótipos mais produtivos e que atendam os padrões de qualidade para a indústria e consumidores (UFAZ; CALILI, 2008). O melhoramento genético se apresenta crucial para que incrementos sejam obtidos a esta cultura, onde as técnicas de melhoramento convencional fazem uso do germoplasma disponível, de hibridações dirigidas e estratégias de seleção que atendam o ideótipo agrônomo desejado pelo melhorista. No entanto, para que a busca por genótipos superiores seja promissora é necessário compreender a fração genética aditiva responsável pela expressão do fenótipo e assim determinar a proporção herdável do caráter nas progênes (ALLARD, 1971).

Devido à disponibilidade apenas de mensurações fenotípicas, as inferências genotípicas são obtidas através do uso de delineamentos genéticos e técnicas biométricas. Quando estas ferramentas são adequadamente utilizadas possibilitam fracionar a variação total em componentes de variância fenotípicos e genotípicos, posteriormente obter os parâmetros genéticos necessários para explicar as tendências herdáveis e direcionar quais caracteres devem ser alvo da seleção (FALCONER; MACKAY, 1996).

No intuito de incrementar os caracteres de interesse, os programas de melhoramento de milho buscam combinações híbridas superiores, amparadas pela escolha eficiente dos genitores e a capacidade destes em recombinar alelos, diante disto, os desvios de dominância, a complementaridade dos alelos em heterozigose e as interações inter-gênicas resultam no ganho por heterose ou vigor híbrido (ALLARD, 1971). Este fenômeno biológico pode ser definido como o aumento de um determinado caráter na progênie em relação aos seus genitores (FALCONER; MACKAY, 1996).

Diante da carência de pesquisas em melhoramento genético que utilizem a genética quantitativa como alternativa para inferir sobre os componentes de variância, parâmetros genéticos e a heterose em progênes de meios-irmãos de milho com ênfase biométrica aos componentes do rendimento de grãos, micronutrientes, compostos bioativos e aminoácidos, este trabalho teve o objetivo de estimar a heterose, os componentes de variância e parâmetros genéticos mais relevantes, utilizar uma abordagem multivariada para definir perfis de herdabilidade

com sentido restrito para os componentes do rendimento e nutricionais em progênies de meios-irmãos de milho.

5.2 Material e Métodos

O experimento foi realizado na safra agrícola 2015/2016 no Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Universidade Federal de Pelotas. Os genótipos utilizados foram cultivados no Centro Agropecuário da Palma em Capão do Leão – RS, Brasil, na latitude de 31°47'58"S e longitude de 52°31'02"O, com altitude de 13,2 metros (m). Segundo Köppen o clima é classificado como *Cfa* subtropical e o solo é caracterizado como Argissolo vermelho amarelo distrófico (EMBRAPA, 2006).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com um genitor paterno (híbrido testador), cinco linhagens endogâmicas (S_5) consideradas genitores maternoseas progênies (híbridos Top Cross), totalizando 11 genótipos de milho dispostos em seis repetições (Tabela 12). A semeadura foi realizada de forma manual na primeira quinzena de dezembro de 2015, onde se empregou a densidade populacional de 80 mil plantas por hectare. Utilizou-se como adubação de base 350 kg ha⁻¹ de NPK na formulação 10-20-20, no estágio fenológico V₄ aplicou-se em cobertura 112 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma amídica. O controle de plantas daninhas e insetos-praga foram realizados conforme as necessidades da cultura, com a finalidade de minimizar os efeitos bióticos nos resultados do experimento. A unidade experimental foi composta por duas linhas de semeadura com cinco metros de comprimento, e espaçamento de 0,5 metros entre linhas. A colheita foi realizada na segunda quinzena de abril de 2016.

Os caracteres foram mensurados através da amostragem aleatória de dez plantas por unidade experimental, sendo baseada nas metodologias propostas por Carvalho et al. (2014) e De Souza et al. (2015a). Sendo estes: altura da planta (AP, cm), altura de inserção da espiga (AE, cm), diâmetro da espiga (DE, mm), comprimento da espiga (CE, cm), número de fileiras de grãos da espiga (NF, unidades), número de grãos por fileira da espiga (GF, unidades), massa da espiga (ME, g), massa de grãos da espiga (MG, g), diâmetro do sabugo (DS, mm), massa do sabugo (MS, g), massa de cem grãos (MC, g), comprimento do grão (CG, mm), largura do grão (LG, mm), espessura do grão (EG, mm) e rendimento de grãos (RG, kg ha⁻¹).

Os caracteres nutricionais foram mensurados antes da semeadura, sendo as sementes trituradas em moinho Marconi® MA 020 equipado com peneira de 0.053 mm, desta maneira, a amostra moída de cada genótipo foi subdividida em seis amostras de 100 gramas (CARVALHO et al., 2016a). Posteriormente, mensurou-se os teores de ferro (Fe, mg kg⁻¹), cobre (Cu, mg kg⁻¹), zinco (Zn, mg kg⁻¹), sódio (Na, mg kg⁻¹) e manganês (Mn, mg kg⁻¹) contidos nas sementes (TEDESCO, 1995).

Junto ao Laboratório de Metabolismo Secundário da UFPel mensurou-se a coloração das sementes (HU, ângulo Hue), acidez (AC, percentual), pH (pH, potencial hidrogeniônico), sólidos solúveis (SS, °Brix), carotenoides totais (CA, µg g⁻¹) (AOAC, 2005), fenóis totais (FO, µg g⁻¹) (SINGLETON; ROSSI, 1965), flavonoides totais (FL, µg g⁻¹) (ZHISHEAN et al., 1999), potencial antioxidante pelo radical DPPH (DP, percentual de inibição) (BRAND WILLIAMS et al., 1995), potencial antioxidante pelo radical ABTS (AB, percentual de inibição) (RUFINO et al., 2007). Posteriormente, utilizou-se o método *LC-ESI-qToF-MS* de espectrometria de massas para quantificar as intensidades dos aminoácidos contidos nas sementes de milho (Tabela 13), sendo estes, alanina (AL), arginina (AR), asparagina (AS), cisteína (CI), glutamina (GL), glicina (GI), prolina (PR), serina (SE), histidina (HI), treonina (TE), triptofano (TR), metionina (MT) e fenilalanina (PE) baseados na metodologia proposta por De Vos et al. (2007).

Os dados obtidos foram submetidos ao teste de normalidade por Shapiro Wilk (1965), posteriormente realizou-se a análise de *Deviance* (LRT) a 5% de probabilidade pelo teste do qui-quadrado (χ^2) com intuito de identificar a significância do caráter. Para estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos (REML) para as progênies de meios-irmãos e atender as pressuposições do experimento, utilizou-se o modelo estatístico: $y = Xr + Za + Wp + e$, onde: y : é o vetor de dados, r : são os efeitos das repetições (fixos), a : são os efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), p : são os efeitos de parcela, e : são os efeitos de resíduos (aleatórios) (RESENDE, 2007).

Estimou-se a variância genética aditiva (σ^2A), variância fenotípica individual (σ^2F), variância de ambiente entre as progênies (σ^2EP), variância residual (σ^2E), herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos ($\hat{h}^2A$), herdabilidade com sentido restrito entre as progênies ($\hat{h}^2EP$), herdabilidade com sentido restrito dentro das progênies ($\hat{h}^2DP$), herdabilidade com sentido restrito da média das progênies ($\hat{h}^2M$), coeficiente de determinação dos efeitos das progênies (c^2), acurácia das

progênes (Ac), coeficiente de variação genotípico das progênes (CVg), coeficiente de variação residual (CVe) e a média geral do caráter (MG).

Através dos resultados médios determinou-se o percentual de heterose dos caracteres estudados (RAMALHO et al., 2012), posteriormente as $\hat{h}^2A$, $\hat{h}^2EP$, $\hat{h}^2DP$ e $\hat{h}^2M$ foram utilizadas para efetuar a análise de dissimilaridade genética dos caracteres através da Distância Euclidiana média, onde se empregou método de agrupamento *Unweighted Pair Grouping Method with Arithmetic Mean* (UPGMA), conjuntamente realizou-se o método de Singh (1981) com intuito de revelar qual herdabilidade com sentido restrito mais contribuiu para diferenciar os caracteres (CRUZ et al., 2012). As análises foram realizadas através dos softwares Selegen (RESENDE, 2007) e GENES (CRUZ, 2013).

5.3 Resultados e Discussão

As análises de *Deviance* (LRT) foram realizadas para os 42 caracteres mensurados, onde revelou significância para 34 caracteres a 5% de probabilidade pelo teste do qui-quadrado (Tabela 14 e 15). No entanto, a altura de inserção da espiga (AE), diâmetro do sabugo (DS), comprimento do grão (CG), fenóis totais (FO), cisteína (CI), glutamina (GL), histidina (HI) e fenilalanina (PE) não foram significativos, e as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos não obtiveram consistência necessária para estes caracteres.

As proporções fenotípicas (σ^2F) para a altura da plantada progênes de meios-irmãos de milho foram decorrentes de 9,4% de efeitos genéticos aditivos (σ^2A). Contudo, as diferenciações expressas entre as progênes (σ^2EP) foram determinadas por 26,7% σ^2A . A herdabilidade com sentido restrito entre ($\hat{h}^2EP$: 0,15) e dentro ($\hat{h}^2DP$: 0,11) das progênes se apresentam baixas, pesquisa com linhagens de meios-irmãos de milho obtiveram herdabilidade restrita de $\hat{h}^2$: 0,18 para este caráter em Minas Gerais (FALUBA et al., 2010). Por ser este um caráter altamente influenciado pela ação do ambiente, as proporções entre os coeficientes de variação genotípico (CVg) e residual (CVe) foram oriundas de 70,5% dos efeitos do ambiente.

Em relação aos caracteres mensurados na espiga do milho, observou-se maior contribuição da fração genética aditiva (σ^2A) para a expressão fenotípica (σ^2F) através da massa do sabugo (9,8%), comprimento da espiga (9,7%) e número de fileiras de grãos da espiga (9,5%). Contudo, os efeitos genéticos aditivos

contribuem com 33,0% para a massa do sabugo e 31,7% ao comprimento da espiga e diferenciaram fenotipicamente as progênies (σ^2EP). A herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos revelou magnitudes similares ($\hat{h}^2A$:0,10) para o comprimento da espiga, número de fileiras de grãos da espiga e massa do sabugo, em contrapartida, a herdabilidade com sentido restrito entre as progênies apresentou ao diâmetro ($\hat{h}^2EP$: 0,15) e a massa da espiga ($\hat{h}^2EP$: 0,17) as maiores magnitudes. Pesquisas realizadas com 27 genótipos de milho cultivados em cinco ambientes da Região Sul do Brasil evidenciaram herdabilidade com sentido amplo ($\hat{H}^2$) de 0,70; 0,65; 0,62 e 0,70 para o comprimento da espiga, massa da espiga, massa de grãos da espiga e massa do sabugo, respectivamente (NARDINO et al., 2016).

O coeficiente de determinação dos efeitos das progênies se apresentou superior para a massa da espiga (c^2 :0,58) onde o ambiente influenciou mais intensamente este caráter, sendo comprovado através da baixa acurácia (Ac :0,22) obtida. Resende e Duarte (2007), classificam as acurácias como altas ($0,70 < Ac$), moderadas ($0,50 < Ac < 0,65$) e baixas ($0,10 < Ac < 0,40$). A massa da espiga e do sabugo evidenciaram os maiores coeficientes de variação genotípico (CVg) para estes caracteres, o que demonstrou variabilidade para as progênies, porém, com acentuados efeitos residuais.

Quanto às propriedades dimensionais dos grãos de milho a largura foi determinada por 10,8% de efeitos genéticos aditivos (σ^2A), quando comparados a massa de cem grãos (9,9%) e a espessura do grão (7,6%). No entanto, entre as progênies (σ^2EP) a espessura do grão foi decorrente de 50,0% da fração genética aditiva (σ^2A), sendo superior a massa de cem grãos (35,9%) e a largura do grão (45,4%). A herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos ($\hat{h}^2A$) e dentro das progênies ($\hat{h}^2DP$) se apresentou similar (0,10) para a massa de cem grãos, largura e espessura do grão. Contudo, a maior herdabilidade com sentido restrito entre as progênies ($\hat{h}^2EP$:0,14) foi observada para a massa de cem grãos. Pesquisas realizadas com cruzamentos intervarietais em milho definem que a herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2$) se apresentou baixa para a massa de cem grãos (0,06), comprimento (0,11) e largura (0,19) do grão (CARVALHO et al., 2016a).

O coeficiente de determinação dos efeitos das progênies foi superior para a massa de cem grãos (c^2 :0,28), dentre às propriedades dimensionais dos grãos este foi o caráter mais influenciado pelos efeitos do ambiente, mas a acurácia se apresentou baixa (Ac :0,30) para estes caracteres. Ao relacionar as

proporcionalidades do coeficiente de variação genotípico (CVg) e residual (CVe), determinou-se que houve uma contribuição de 24,4% da fração genética na variação total da espessura do grão.

O rendimento de grãos foi resultante da ação de 8,7% de efeitos genéticos aditivos (σ^2A), entre as progênies (σ^2EP) as implicações foram pronunciáveis com 20,8% da variação fenotípica oriunda da fração genética aditiva (σ^2A). A herdabilidade com sentido restrito entre ($\hat{h}^2EP$: 0,15) e dentro ($\hat{h}^2DP$: 0,12) das progênies se apresentou baixa. Desta maneira, compreender a variação genética aditiva torna-se imprescindível ao melhorista mesmo quando não revele quais ações gênicas estão envolvidas, no entanto, pode ser determinada por efeitos médios de vários alelos em conjunto e possibilitará efeitos herdáveis, diferenciações genotípicas e respostas a seleção (FALCONER, 1987). Pesquisas realizadas com linhagens de meios-irmãos de milho definem uma herdabilidade com sentido restrito de $\hat{h}^2$:0,49 para o rendimento de grãos, no entanto, justificam que a magnitude deste parâmetro está intimamente relacionada ao número de plantas mensuradas (PALOMINO et al., 2000).

O coeficiente de determinação dos efeitos das progênies se apresentou elevado (c^2 :0,42) e com baixa acurácia (Ac :0,26). Pesquisas utilizando híbridos simples cultivados em cinco ambientes obtiveram estimativas do coeficiente de determinação de c^2 :0,66 e acurácias moderadas para o rendimento de grãos, onde justificam que as magnitudes destes parâmetros são decorrentes da natureza do genótipo, do número de observações e das variações impostas pelo ambiente (DE SOUZA et al., 2015b).

Os micronutrientes ferro, cobre e sódio revelaram as maiores contribuições da variância genética aditiva (σ^2A) a expressão fenotípica com 10,2%, 9,5% e 9,9%, respectivamente. Entre as progênies (σ^2EP) maiores efeitos foram obtidos para o teor de ferro sendo 44,5% da variação fenotípica decorrente da fração genética aditiva (σ^2A). A herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos evidencia-se similar ($\hat{h}^2A$:0,10) para o teor de ferro, cobre e sódio, em contrapartida, a herdabilidade com sentido restrito entre e dentro das progênies foram superiores para o zinco ($\hat{h}^2EP$:0,16; $\hat{h}^2DP$: 0,13) e o manganês ($\hat{h}^2EP$: 0,18; $\hat{h}^2DP$: 0,14). O coeficiente de determinação dos efeitos das progênies (c^2 :0,69) foi elevado para o manganês, mas para todos os micronutrientes obtiveram baixas acurácias isso é atribuído ao efeito do ambiente e aos eventos não controláveis pelas técnicas experimentais. O teor de

ferro revelou que 23,1% da variação total (CV_e) foi originária das causas genéticas (CV_g). Em genótipos intervartais de milho a maior contribuição da variância genética aditiva e da herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2: 0,34$) foi obtida para teor de sódio, mas baixas magnitudes dos parâmetros genéticos dos micronutrientes foram decorrentes do grande efeito do ambiente na dinâmica destes caracteres e dos desvios não aditivos (CARVALHO et al., 2016a).

Dentre os compostos bioativos destacam-se os flavonoides totais, os sólidos solúveis e a coloração das sementes (Tabela 15), onde subsidiam em 10,0%; 10,0% e 10,4% a expressão fenotípica (σ^2_F) através da variância genética aditiva (σ^2_A), respectivamente. Entre as progênies (σ^2_{EP}) as tendências dos caracteres se mantêm e as proporções são incrementadas para 38,4%; 36,6% e 50,0% de contribuição da fração genética aditiva (σ^2_A) ao fenótipo. Baixas contribuições genéticas foram apresentadas para a acidez e o pH das sementes, no âmbito geral e entre as progênies de meios-irmãos as diferenciações reveladas para estes caracteres são decorrentes dos desvios não aditivos e efeitos do ambiente. Em milho os flavonoides totais são abundantes e imprescindíveis para a defesa de estresses térmicos, déficits hídricos, salinidade, radiação ultravioleta, doenças e insetos-praga (WEN et al., 2014).

A herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos apresenta-se semelhante ($\hat{h}^2_A: 0,10$) para os flavonoides totais, sólidos solúveis e a coloração das sementes. Comportamento diferencial foi expresso pela herdabilidade com sentido restrito entre e dentro das progênies, com maiores magnitudes para os carotenoides totais ($\hat{h}^2_{EP}: 0,16$; $\hat{h}^2_{DP}: 0,12$), potencial antioxidante pelo radical DPPH ($\hat{h}^2_{EP}: 0,16$; $\hat{h}^2_{DP}: 0,13$) e ABTS ($\hat{h}^2_{EP}: 0,17$; $\hat{h}^2_{DP}: 0,13$). Pesquisas evidenciam que os principais carotenoides em milho são a luteína, zeaxantina, α e β caroteno sendo estes altamente dependentes das características da linhagem endogâmica, do ambiente e da safra agrícola (AZMACH et al., 2013). Em progênies de meios-irmãos de milho obteve-se herdabilidade com sentido restrito de $\hat{h}^2: 0,19$ para os carotenoides totais (HALILU et al., 2016). Com a regressão genitor-progênie em milho obteve-se herdabilidade com sentido restrito para os sólidos solúveis ($\hat{h}^2: 0,25$), flavonoides totais ($\hat{h}^2: 0,08$), carotenoides totais ($\hat{h}^2: 0,48$), potencial antioxidante pelo radical DPPH e ABTS ($\hat{h}^2: 0,26$ e $\hat{h}^2: 0,07$), respectivamente (CARVALHO et al., 2016a).

A herdabilidade com sentido restrito da média da progênie ($\hat{h}^2M$: 0,10) apresenta-se pronunciável apenas para a coloração das sementes, devido ser este um caráter com a maior contribuição da fração genética aditiva ao fenótipo. As pigmentações oriundas dos carotenoides resultam em diferenciações na coloração das sementes do milho (BOREM; RIOS, 2011).

O coeficiente de determinação dos efeitos das progênies revelou ser maior para o potencial antioxidante pelo radical DPPH (c^2 :0,53) e ABTS (c^2 :0,57). Estes resultados elevados são decorrentes do método de estimativa indireto destes caracteres, e podem ser contornados através do incremento de observações nas condições experimentais, de maneira geral, baixas acurácias foram reveladas para os compostos bioativos. Ao relacionar a proporcionalidade entre os coeficientes de variação, se observou que os flavonoides totais, sólidos solúveis, e a coloração das sementes evidenciam 22,4%; 22,2% e 23,7% de contribuição da fração genética a variação total dos compostos bioativos.

Os aminoácidos essenciais são constituintes de algumas proteínas estruturais presentes nos vegetais (UFAZ; CALILI, 2008). Denominam-se de aminoácidos essenciais aqueles que o organismo de humanos e animais não tem a capacidade de sintetizar naturalmente, desta forma, estas moléculas devem ser suplementadas através da dieta (WEN et al., 2016). Sendo estes, lisina, metionina, tirosina, fenilalanina, triptofano, valina, isoleucina, leucina e histidina (GALILI et al., 2016). Neste estudo, utilizando progênies de meios-irmãos de milho foi possível identificar a presença de 13 aminoácidos sendo estes, alanina, arginina, asparagina, cisteína, glutamina, glicina, prolina, serina, histidina, treonina, triptofano, metionina e fenilalanina. Pesquisas definem que em 100 gramas de proteína do milho é possível identificar 7,8% de alanina; 3,6% de arginina; 2,9% de glicina; 10,0% de prolina; 4,2% de serina; 3,1% de treonina; 0,31% de triptofano e 1,9% de metionina (BORÉM; RIOS, 2011). Estudos utilizando 15 híbridos simples de milho cultivados em quatro ambientes do Rio Grande do sul obtiveram 6,5% de proteína bruta nos grãos (CARVALHO et al., 2016b).

Dentre os aminoácidos identificados a alanina, asparagina, triptofano e a metionina evidenciam uma contribuição de 9,9%; 9,9%; 8,5% e 10,2% da variância genética aditiva (σ^2A) na expressão fenotípica (σ^2F). Entre as progênies (σ^2EP) as tendências dos caracteres se mantêm e as proporções foram incrementadas, onde a alanina, asparagina e a metionina foram determinadas por 34,0%; 34,5% e 44,6% da

fração genética aditiva (σ^2A), respectivamente. A herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos se apresentou baixa ($\hat{h}^2A$: 0,10) para a alanina, asparagina e a metionina.

Para a herdabilidade com sentido restrito dentro e entre às progênes, resultados proeminentes foram expressos para a arginina e o triptofano ($\hat{h}^2EP$: 0,15; $\hat{h}^2DP$: 0,12), glicina, prolina e treonina ($\hat{h}^2EP$: 0,18; $\hat{h}^2DP$: 0,14) e serina ($\hat{h}^2EP$: 0,17; $\hat{h}^2DP$: 0,13). A maior herdabilidade com sentido restrito da média da progênie ($\hat{h}^2M$: 0,10) foi evidenciada para a metionina. O melhoramento do milho pode incrementar a proporção total de aminoácidos através do aumento da fração proteica dos grãos, no entanto, a lisina e o triptofano podem evidenciar menores quantidades em relação aos demais aminoácidos, já a fenilalanina poder ser precursor do teor de óleo contido nos grãos do milho (WEN et al., 2016).

O coeficiente de determinação dos efeitos das progênes se apresentou elevado para a glicina (c^2 :0,60), prolina (c^2 :0,68), serina (c^2 :0,56) e treonina (c^2 :0,67), sendo estes decorrentes das diferenciações genéticas, efeitos do ambiente e das peculiaridades envolvidas na mensuração destes caracteres. Para todos os aminoácidos estudados obteve-se baixa acurácia, no entanto, ao analisar as proporcionalidades dos coeficientes de variação, revela-se a contribuição de 21,8%; 21,9% e 23,1% da fração genética na variação total dos aminoácidos alanina, asparagina e metionina, respectivamente.

A heterose pode ser definida como o incremento de um caráter mensurado na progênie em relação aos seus genitores (FALCONER; MACKAY, 1996). É expressa através dos desvios de dominância, da complementaridade das formas alélicas em heterozigose denominadas de sobredominância, e das interações inter-gênicas oriundas dos eventos epistáticos (ALLARD, 1971). Estimou-se a heterose para os 42 caracteres mensurados em progênes de meios-irmãos do milho (Tabela 16), onde se obteve a estimativa deste parâmetro para cada linhagem endogâmica S_5 (L_1 :256, L_2 :258, L_3 :389, L_4 :262 e L_5 :225) cruzada com um testador de base genética ampla (HD:CD308) doador de pólen.

Independentemente da linhagem endogâmica S_5 utilizada, os cruzamentos evidenciaram heterose para a altura de inserção da espiga, número de fileiras de grãos da espiga, diâmetro do sabugo, teor de zinco, carotenoides totais, sólidos solúveis e pH, com incremento médio de 20,8%; 26,0%; 8,6%; 31,1%; 36,3%; 74,9% e 6,9% nas progênes de meios-irmãos, respectivamente. Ao utilizar a linhagem

endogâmica L₂:258 como genitor feminino foi possível incrementar especificamente o teor de sódio, os flavonoides totais e o aminoácido treonina em 6,1%; 15,4% e 84,1%, respectivamente. Portanto, a escolha eficiente da linhagem a ser utilizada no cruzamento torna possível incrementar determinado micronutriente, composto bioativo ou aminoácido na progênie por meio da heterose. Desta maneira, a heterose é dependente da distância genética, frequência alélica e combinação híbrida realizada entre determinados genitores, estas conformações se apresentam complementares e proporcionam a evidência de efeitos não aditivos oriundos da ação de dominância, sobredominância e epistáticos (PATERNIANI et al., 2008).

No âmbito geral foi possível definir que dentre todos os caracteres mensurados as linhagens L₂:258 e L₃:389 foram as mais eficientes, onde 73,8% e 54,7% dos caracteres mensurados nas progênies foram incrementados por meio da heterose, respectivamente. Ao estratificar as contribuições da heterose por grupos de caracteres, foi possível ressaltar que o rendimento de grãos revelou acréscimos de 77,3% ao utilizar a linhagem L₂:258 como genitor materno. Pesquisas em melhoramento genético para híbridos intervarietais de milho obtiveram heterose média de 37,3% para o rendimento de grãos (BERNINI et al., 2013).

Quando se almeja incrementar os micronutrientes na progênie através do cruzamento, ganhos por heterose podem ser obtidos utilizando a linhagem L₃:389 como genitor materno, o que resultou em acréscimos de 36,2%; 31,3%; 30,9% e 49,7% para o teor de ferro, cobre, zinco e manganês, respectivamente. Pesquisas definem que a obtenção de genótipos de milho biofortificados com micronutrientes pode ser alcançada pela engenharia genética e ou melhoramento convencional, através da recombinação de genitores e obtenção de progênies que sejam mais eficientes em absorver do solo estes minerais, transportar na planta e acumular nos grãos um maior teor de ferro, zinco, cobre e manganês (BORÉM; RIOS, 2011). O cobre, zinco e o manganês podem ser potencializados pelo aumento das proporções dos aminoácidos metionina e cisteína, estes micronutrientes compõem enzimas que combatem as ações de espécies reativas de oxigênio e podem minimizar a presença de radicais livres, em contrapartida, o ferro compõe a enzima catalase que reduz os efeitos do peróxido de hidrogênio precursor do estresse oxidativo em plantas (RIOS et al., 2015).

Ao evidenciar os efeitos da heterose para os compostos bioativos e aminoácidos nas progênies de meios-irmãos de milho, foi possível revelar que a

linhagem L₂:258 seapresentou como o melhor genitor materno, por ter incrementado a maior fração dos caracteres nutricionais mensurados. Esta linhagem possibilitou o aumento através da heterose para os flavonoides totais (15,4%), carotenoides totais (8,6%), potencial antioxidante pelo radical DPPH (82,1%) e ABTS (21,8%), sólidos solúveis (200,0%), pH (6,0%), coloração das sementes (2,0%), asparagina (5,2%), cisteína (2,6%), glutamina (33,1%), glicina (193,2%), prolina (10,6%), serina (26,0%), treonina (84,0%), fenilalanina (22,3%).

Os resultados obtidos nas progênes de meios-irmãos para a heterose dos compostos bioativos foram inferiores as magnitudes reveladas em progênes intervartais de milho, sendo exposto que as características intrínsecas do genitor, a base genética e a complementaridade dos alelos em heterozigose justificam a amplitude dos resultados para este parâmetro (CARVALHO et al., 2016a). Os acréscimos nas progênes oriundos da heterose devido a utilização da linhagem L₂:258 para os oito aminoácidos foram importantes, no entanto, apresenta-se imprescindível direcionar o melhoramento do milho nestas condições para os aminoácidos essenciais a humanos e animais (GALILI et al., 2016), com ênfase para a fenilalanina onde as progênes foram 22,3% superiores para este aminoácido em relação aos seus genitores.

Aplicou-se uma abordagem multivariada considerando a herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos ($\hat{h}^2A$), entre as progênes ($\hat{h}^2EP$), dentro das progênes ($\hat{h}^2DP$) e da média das progênes ($\hat{h}^2M$) para os 42 caracteres mensurados nos genótipos de milho. Realizou-se a análise da Distância Euclidiana média com intuito de evidenciar o perfil dos caracteres quanto a sua tendência herdável, utilizou-se o agrupamento UPGMA para expressar as distâncias através de um dendrograma (Figura 3), e a média (μ : 0,0553) da matriz das distâncias foi evidenciada como o critério de separação dos perfis de herdabilidade com sentido restrito.

O **perfil I** ($\hat{h}^2A$: 0,10; $\hat{h}^2EP$:0,14; $\hat{h}^2DP$: 0,11; $\hat{h}^2M$: 0,09)agrupou o comprimento da espiga, massa do sabugo, massa de cem grãos, número de fileiras de grãos da espiga, o teor de cobre e sódio, sólidos solúveis, acidez, flavonoides totais, asparagina e alanina. O **perfil II** ($\hat{h}^2A$: 0,10; $\hat{h}^2EP$: 0,13; $\hat{h}^2DP$: 0,10; $\hat{h}^2M$: 0,10) reuniu a largura do grão, o teor de ferro, coloração das sementes e a metionina. O **perfil III** ($\hat{h}^2A$: 0,09; $\hat{h}^2EP$: 0,15; $\hat{h}^2DP$: 0,12; $\hat{h}^2M$: 0,08) associou à altura da planta, diâmetro da espiga, número de grãos por fileira da espiga e o pH. O **perfil**

IV($\hat{h}^2A$: 0,09; $\hat{h}^2EP$: 0,15; $\hat{h}^2DP$: 0,12; $\hat{h}^2M$: 0,07) agrupou a massa de grãos da espiga, rendimento de grãos, carotenoides totais, arginina e o triptofano. O **perfil V**($\hat{h}^2A$: 0,10; $\hat{h}^2EP$: 0,12; $\hat{h}^2DP$: 0,09; $\hat{h}^2M$: 0,11) reuniu a altura de inserção da espiga, diâmetro do sabugo, comprimento e espessura do grão, fenóis totais, glutamina e a histidina. O **perfil VI**($\hat{h}^2A$: 0,06; $\hat{h}^2EP$: 0,18; $\hat{h}^2DP$: 0,14; $\hat{h}^2M$: 0,04) associou o teor de manganês, glicina, prolina e a treonina. O **perfil VII**($\hat{h}^2A$: 0,07; $\hat{h}^2EP$: 0,16; $\hat{h}^2DP$: 0,13; $\hat{h}^2M$: 0,05) agrupou a massa da espiga, o teor de zinco, o potencial antioxidante pelo radical DPPH e ABTS, e a serina. O **perfil VIII**($\hat{h}^2A$: 0,02; $\hat{h}^2EP$: 0,02; $\hat{h}^2DP$: 0,02; $\hat{h}^2M$: 0,03) reuniu a cisteína e a fenilalanina. Diante disto, o método de Singh (1981) revelou que a herdabilidade com sentido restrito da média das progênie é o parâmetro que mais contribuiu(34,8%) para distinguir os perfis dos caracteres quanto aos seus parâmetros genéticos herdáveis.

Diante dos resultados obtidos neste estudo de genética quantitativa foi possível compreender quais componentes do rendimento e nutricionais são imprescindíveis ao melhoramento genético do milho, minimizar a carência de informações sobre a contribuição dos componentes de variância, parâmetros genéticos e da heterose para as progênie de meios-irmãos, reunir parâmetros genéticos univariados e definir perfis multivariados para a herdabilidade com sentido restrito. Neste contexto, foi possível obter informações relevantes e aplicáveis ao melhoramento genético do milho, para fins de seleção da produtividade e qualidade nutricional dos grãos.

5.4 Conclusões

As progênie de meios-irmãos revelam maior contribuição genética aditiva para a expressão fenotípica através da largura e espessura do grão, teor de ferro, flavonoides e carotenoides totais, sólidos solúveis e metionina.

A herdabilidade com sentido restrito entre e dentro das progênie são superiores para o teor de manganês, glicina, prolina e triptofano.

Independente da linhagem endogâmica S_5 utilizada, ganhos por heterose são obtidos para a altura de inserção da espiga, número de fileiras de grãos da espiga, diâmetro do sabugo, teor de zinco, carotenoides totais, sólidos solúveis e pH. Heterose específica é evidenciada para o rendimento de grãos, glicina, serina, treonina e fenilalanina.

A abordagem multivariada define oito perfis de caracteres quanto a sua tendência genética e determina que a distinção entre os perfis é oriunda da herdabilidade com sentido restrito da média da progênie.

Estes parâmetros genéticos obtidos são imprescindíveis e aplicáveis ao melhoramento genético, onde podem auxiliar nas estratégias de seleção dos componentes do rendimento e nutricionais do milho.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. 1. ed. São Paulo, 1971. 485p.

AOAC, Association of Official Analytical Chemists - **Official methods of analysis of the AOAC**, 1.ed. Gaithersburg: USA. 2005, 300p.

AZMACH, G.; GEDIL, M.; MENKIR, A.; SPILLANE, C. Marker-trait association analysis of functional gene markers for provitaminA levels across diverse tropical yellow maize inbred lines. **BMC plant biology**. v.13, n.1, p.1-12, 2013.

BERNINI, C.S.; PATERNIANI, M.E. A.G.Z.; DUARTE, A.P.; GALLO, P.B.; DE SOUZA GUIMARÃES, P.; ROVARIS, S.R.S. Depressão endogâmica e heterose de híbridos de populações F2. **Bragantia**. v.72, n.3, p.217-223, 2013.

BORÉM, A.; RIOS, S. A. **Milho Biofortificado**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2011. 211p.

BRAND-WILLIAMS, W.; CUVELIER, M.; BERSET, C. Use of a Free Radical Method to Evaluate Antioxidant Activity. **Food Science and Technology**. v.28, n.1, p.25-30, 1995.

CARVALHO, I.R.; DE SOUZA, V.Q.; FOLLMANN, D.N.; NARDINO, M.; SCHMIDT, D. Desempenho agrônomo de híbridos de milho em ambiente irrigado e sequeiro. **Enciclopédia Biosfera**. v.10, n.18, p.1144-1153, 2014.

CARVALHO, I.R.; NARDINO, M.; DE PELEGRIN, A.J.; HOFFMANN, J.F.; POLETO, S.M.; FERRARI, M.; SZARESKEI, V.J.; MEIRA, D.; CHAVES, F.C.; DE SOUZA, V.Q.; OLIVEIRA, A.C. Estimate of genetic parameters in bioactive and micronutrients compounds of maize. **African Journal of Agricultural Research**, v.11, n.33, p.3123-3133, 2016a.

CARVALHO, I.R.; NARDINO, M.; PELEGRIN, A. J.; FERRARI, M.; DEMARI, G.; SZARESKEI, V. J.; BARBOSA, M. H.; SOUZA, V. Q. Path analysis and Annicchiarico method applied in relation to protein in corn (*Zea mays* L.) grains. **Australian Journal of Basic and Applied Sciences**. v.10, n.1, p.300-306, 2016b.

CRUZ, C. D. GENES a software package for analysis in experimental statistics and

quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.1, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4.ed. Viçosa: Editora UFV, 2012, 514p.

DE SOUZA, V.Q.; CARVALHO, I.R.; FOLLMANN, D.N.; NARDINO, M.; BELLÉ, R.; BARETTA, D.; SCHMIDT, D. Desfolhamento artificial e seus efeitos nos caracteres morfológicos e produtivos em híbridos de milho. **Revista brasileira de milho e sorgo**.v.14, n.1, p.61-74, 2015a.

DE SOUZA, V. Q.; BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; KONFLANZ, V. A.; SCHMIDT, D. Variance components and association between corn hybrids morpho-agronomic characters. **Científica**, v.43, n.3, p.246-253, 2015b.

DE VOS, R.C.; MOCO, S.; LOMMEN, A.; KEURENTJES, J.J.; BINO, R.J.; HALL, R.D. Untargeted large-scale plant metabolomics using liquid chromatography coupled to mass spectrometry. **Nature**. v.2, n.1, p.778-791, 2007.

EMBRAPA, **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2.ed. Rio de Janeiro: Embrapa-SPI, 2006. 306p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1987. 450p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman, 1996, 464p.

FALUBA, J. S.; MIRANDA, G. V.; DE LIMA, R. O.; DE SOUZA, L. V.; DEBEM, E.A. OLIVEIRA, A. M. C. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**. v.40, n.6, p.1250-1256, 2010.

GALILI, G. A. D.; AMIR, R.; ALISDAIR, R. F. The regulation of essential amino acid synthesis and accumulation in plants. **Annual review of plant biology**. v.67, n.1, p.153-178, 2016.

HALILU, A.D.; ABA, D.A.; USMAN, I.S. Genetics of carotenoids for provitamin A biofortification in tropical-adapted maize. **The Crop Journal**. v.4, n.4, p.313-322, 2016.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; KONFLANZ, V. A.; DE SOUZA, V. Q.; OLIVEIRA, A. C. Phenotypic, genetic and environment correlation between traits of hybrid maize. **Revista brasileira de biometria**. v.34, n.3, p.379-394, 2016.

PALOMINO, E.C.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F. Tamanho da amostra para avaliação de famílias de meios-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.35, n.7, p.1433-1439, 2000.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; GUIMARÃES, P.D.S.; LÜDERS, R.R.; GALLO, P.B.; SOUZA, A.D.; LABORDA, P.R.; OLIVEIRA, K.M. Capacidade combinatória,

divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. **Bragantia**. v.67, n.3, p.639-648, 2008.

RAMALHO, M.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5.ed. Lavras: UFLA, 2012. 565p.

RESENDE, M. D. V. Software Selegem – REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. **Colombo: Embrapa Florestas**, 2007, 350p.

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.

RIOS, S.D.A.; ALVES, K.R.; COSTA, N.M.B.; MARTINO, H.S. D. Biofortificação: culturas enriquecidas com micronutrientes pelo melhoramento genético. **Ceres**. v.56, n.6, p.10-25, 2015.

RUFINO, M. S. M. Determinação da Atividade Antioxidante Total em Frutas pela Captura do Radical Livre ABTS. **Comunicado Técnico**, v.128, n.1, p.3-6, 2007.

SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. Analysis of variance test for normality, **Biometrika**. v.1, n.1, p.591-611, 1965.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Ind. Jour. of Gen. and Plant Breeding**. v.41, n.1, p.237-245, 1981.

SINGLETON, V. L.; ROSSI, J. A. JR. Colorimetry of total phenolics with phosphomolybdic phosphotungstic acid reagents. **American Journal of Enology and Viticulture**. v.16, n.1, p.144-158, 1965.

TEDESCO, M.J. **Análise de solo, plantas e outros materiais**.2.ed. Porto Alegre: UFRGS, 1995. 147p.

UFAZ, S.; GALILI, G. Improving the content of essential amino acids in crop plants: goals and opportunities. **Plant Physiology**. v.147, n.3, p.954-961, 2008.

WEN, W.; BROTMAN, Y.; WILLMITZER, L.; YAN, J.; ALISDAIR, R. F. Broadening Our Portfolio in the Genetic Improvement of Maize Chemical Composition. **Trends in Genetics**. v.1, n.5, p.10-35, 2016.

WEN, W.; LI, D.; LI, X.; GAO, Y.; LI, W.; LI, H.; LIU, J. Metabolome-based genome-wide association study of maize kernel leads to novel biochemical insights. **Nature communications**, v.5, n.1, p.01-25, 2014.

ZHISHEN, J.; MENGCHENG, T.; JIANMING, W. The determination of flavonoid contents in mulberry and their scavenging effects on superoxide radicals. **Food Chemistry**. v. 64, n.1, p.555-559, 1999.

Tabela 12. Organização do sistema de cruzamento Top Cross e os genótipos de milho utilizados.

Genótipos*		
Testador	Linhagens endogâmicas (S ₅)	Híbridos(Top Cross)
CD 308 Híbrido duplo (HD) Base genética ampla	L ₁ (256)	HIB I (L ₁ x HD)
	L ₂ (258)	HIB II (L ₂ x HD)
	L ₃ (389)	HIB III (L ₃ x HD)
	L ₄ (262)	HIB IV (L ₄ x HD)
	L ₅ (225)	HIB V (L ₅ x HD)

*cruzamentos efetuados na safra agrícola de 2014/2015.

Tabela 13. Especificações do método *LC-ESI-qToF-MS* de espectrometria de massas utilizado para quantificar as intensidades dos aminoácidos contidos nas sementes de milho.

Aminoácidos	Sigla	Tempo de retenção	m/z experimental ¹	m/z teórica ¹	Erro (ppm)	Fórmula	Local de busca
Alanina	AL ^β	1,8600	90,0550	90,5500	0	C ₃ H ₇ NO ₂	Metlin [*]
Arginina	AR ^β	11,5400	454,2340	454,2384	9	C ₆ H ₁₂ N ₄ O ₂	Metlin
Asparagina	AS ^β	8,0600	188,0100	188,0101	0	C ₁₇ H ₃₃ N ₇ O ₆	Metlin
Cisteína	CI ^β	14,7300	565,2550	565,2551	0	C ₂₄ H ₃₆ N ₈ O ₆ S	Metlin
Glutamina	GL ^β	1,5300	147,5000	147,0531	3	C ₅ H ₉ NO ₄	MassBank ^{**}
Glicina	GI ^β	11,5400	454,2340	454,2384	9	C ₁₇ H ₃₃ N ₇ O ₆	Metlin
Prolina	PR ^β	1,9100	116,0600	115,0633	1	C ₅ H ₉ NO ₂	Metlin
Serina	SE ^β	11,5400	454,2340	454,2384	9	C ₁₇ H ₃₃ N ₇ O ₆	Metlin
Histidina	HI ^α	14,6800	441,2030	441,2027	0	C ₁₇ H ₂₅ N ₇ O ₄ S	Metlin
Treonina	TE ^β	12,4500	468,2490	468,2463	7	C ₁₂ H ₃₃ N ₅ O ₇	Metlin
Triptofano	TR ^α	14,8000	595,2760	595,2711	0	C ₂₅ H ₃₆ N ₁₀ O ₆	Metlin
Metionina	MT ^α	14,6800	441,2030	441,2027	0	C ₁₇ H ₂₅ N ₇ O ₄ S	Metlin
Fenilalanina	PE ^α	6,4100	166,0860	166,0863	1	C ₉ H ₁₁ NO ₂	Metlin

^{*}<https://metlin.scripps.edu/> / ^{**}<http://www.massbank.jp>

^α aminoácido essencial aos humanos / ^β aminoácido não essencial aos humanos.

¹ m/z razão massa carga

Tabela 14. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) para progênies de meios-irmãos de milho.

Caracteres	D(x ² 5%)	σ^2A^+	σ^2F	σ^2EP	σ^2E	$\hat{h}^2A$	$\hat{h}^2EP$	$\hat{h}^2DP$	$\hat{h}^2M$	c^2	Ac	CVg	CVe	MG
AP ⁺⁺	*	110,07	1168,01	411,01	646,92	0,09	0,15	0,11	0,08	0,35	0,28	2,42	11,81	216,54
AE	ns	45,48	447,61	49,99	352,14	0,10	0,11	0,09	0,11	0,11	0,34	2,99	11,86	112,71
DE	*	5,48	58,96	21,59	31,89	0,09	0,15	0,11	0,08	0,37	0,27	2,74	13,56	42,73
CE	*	1,20	12,28	3,78	7,23	0,10	0,14	0,11	0,08	0,31	0,29	4,33	20,17	12,65
NF	*	0,847	8,86	2,97	5,04	0,10	0,14	0,11	0,08	0,34	0,28	3,42	16,41	13,44
GF	*	7,91	86,44	33,06	45,47	0,09	0,15	0,12	0,07	0,38	0,27	6,14	30,91	22,92
ME	*	392,76	5543,21	3190,86	1959,58	0,07	0,17	0,13	0,05	0,58	0,22	7,95	50,35	124,71
MG	*	389,18	4438,71	1875,07	2174,45	0,09	0,15	0,12	0,07	0,42	0,26	9,29	48,91	106,18
DS	ns	1,32	12,77	1,61	9,84	0,10	0,12	0,09	0,11	0,13	0,33	2,31	9,20	24,83
MS	*	16,32	165,62	49,37	99,92	0,10	0,14	0,11	0,09	0,30	0,29	8,74	40,28	23,12
MC	*	3,97	39,73	11,05	24,71	0,10	0,14	0,11	0,09	0,28	0,30	3,27	14,76	30,50
CG	ns	0,30	2,89	0,45	2,13	0,10	0,12	0,10	0,11	0,16	0,33	2,35	9,53	11,68
LG	*	0,05	0,46	0,11	0,31	0,10	0,13	0,10	0,10	0,24	0,31	1,31	5,70	8,32
EG	*	0,01	0,13	0,02	0,09	0,10	0,12	0,10	0,11	0,16	0,33	1,27	5,20	4,54
RG	*	1914697,87	21818829,39	9200378,65	10703752,86	0,09	0,15	0,12	0,07	0,42	0,26	9,32	49,01	7425,65
Fe	*	2,25	21,92	5,05	14,61	0,10	0,13	0,10	0,10	0,23	0,31	3,05	13,16	24,61
Cu	*	0,34	3,55	1,15	2,06	0,10	0,14	0,11	0,08	0,32	0,29	8,97	42,53	3,26
Zn	*	4,21	56,24	30,43	21,60	0,07	0,16	0,13	0,05	0,54	0,23	3,18	19,28	32,25
Na	*	61,29	617,47	178,10	378,08	0,10	0,14	0,11	0,09	0,29	0,30	2,18	9,96	179,39
Mn	*	2,88	51,39	35,45	13,06	0,06	0,18	0,14	0,03	0,69	0,19	5,36	40,21	15,83

⁺D: Deviance (LRT) por X² a 5% de probabilidade / *significativo / ns: não significativo.

⁺ σ^2A : variância genética aditiva; σ^2F : variância fenotípica individual; σ^2EP : variância entre progênies; σ^2E : variância residual; $\hat{h}^2A$: herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos; $\hat{h}^2EP$: herdabilidade com sentido restrito entre as progênies; $\hat{h}^2DP$: herdabilidade com sentido restrito dentro das progênies; $\hat{h}^2M$: herdabilidade com sentido restrito da média entre as progênies; c^2 : coeficiente de determinação dos efeitos das progênies; Ac: acurácia das progênies; CVg: coeficiente de variação genotípico entre as progênies; CVe: coeficiente de variação residual; MG: média geral do caráter.

⁺⁺AP: Altura da planta; AE: altura de inserção da espiga; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento da espiga; NF: número de fileiras de grãos da espiga; GF: número de grãos por fileira da espiga; ME: massa da espiga; MG: massa de grãos da espiga; DS: diâmetro do sabugo; MS: massa do sabugo; MC: massa de cem grãos; CG: comprimento do grão; LG: largura do grão; EG: espessura do grão; RG: rendimento de grãos; Fe: teor de ferro; Cu: teor de cobre; Zn: teor de zinco; Na: teor de sódio; Mn: teor de manganês nas sementes.

Tabela 15. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) para progênies de meios-irmãos de milho.

Caracteres	D(x ² 5%)	σ^2A^*	σ^2F	σ^2EP	σ^2E	$\hat{h}^2A$	$\hat{h}^2EP$	$\hat{h}^2DP$	$\hat{h}^2M$	c^2	Ac	CVg	CVe	MG
FO ⁺⁺	ns	6488,84	62318,12	9287,00	46542,27	0,10	0,12	0,09	0,11	0,15	0,33	4,06	16,38	992,53
FL	*	44893,77	444533,24	116721,41	282918,06	0,10	0,14	0,11	0,09	0,26	0,30	5,57	24,78	1902,59
CA	*	111,61	1334,37	616,64	606,13	0,08	0,16	0,12	0,06	0,46	0,25	4,72	25,98	112,01
DP	*	13,61	177,46	93,32	70,53	0,08	0,16	0,13	0,05	0,53	0,23	6,11	36,31	30,20
AB	*	5,31	74,39	42,51	26,57	0,07	0,17	0,13	0,05	0,57	0,22	2,07	13,03	55,73
SS	*	0,37	3,70	1,01	2,32	0,10	0,14	0,11	0,09	0,27	0,30	8,38	37,68	3,64
AC	*	0,00	0,02	0,01	0,01	0,10	0,14	0,11	0,09	0,27	0,30	7,43	33,34	0,32
pH	*	0,00	0,05	0,02	0,03	0,09	0,15	0,12	0,07	0,40	0,27	0,53	2,72	6,49
HU	*	0,07	0,69	0,14	0,48	0,10	0,13	0,10	0,10	0,20	0,32	0,14	0,59	95,52
AL	*	218015,35	2200276,92	640192,97	1342068,60	0,10	0,14	0,11	0,09	0,29	0,30	6,29	28,78	3712,84
AR	*	5233121,83	60037972,78	25674033,92	29130817,02	0,09	0,15	0,12	0,07	0,43	0,26	9,85	52,15	11615,43
AS	*	259676,77	2614672,92	752330,56	1602665,59	0,10	0,14	0,11	0,09	0,29	0,30	8,12	37,07	3136,40
CI	ns	32130,48	832592,43	10733,77	789728,19	0,04	0,04	0,03	0,05	0,01	0,23	1,01	5,97	8892,94
GL	ns	102468,54	1012833,92	109493,00	800872,38	0,10	0,11	0,09	0,11	0,11	0,34	5,28	20,93	3029,52
GI	*	912504,89	15142032,79	9982214,80	4247313,10	0,06	0,18	0,14	0,04	0,66	0,19	8,69	62,05	5495,02
PR	*	7083504,20	115622119,00	82803986,70	32456965,78	0,06	0,18	0,14	0,04	0,68	0,19	5,43	39,89	24487,44
SE	*	74798,25	1029818,92	577482,82	377537,86	0,07	0,17	0,13	0,05	0,56	0,22	3,47	21,56	3940,63
HI	ns	4286022,58	42472496,11	4508988,22	33677485,31	0,10	0,11	0,09	0,11	0,11	0,34	5,45	21,58	18996,29
TE	*	1499322,74	25656358,33	17262293,34	6894742,24	0,06	0,18	0,14	0,04	0,67	0,19	5,57	40,62	10992,42
TR	*	19349,95	226458,99	100696,10	106412,93	0,09	0,15	0,12	0,06	0,44	0,25	1,84	9,93	3782,83
MT	*	84415,78	821344,13	189121,84	547806,51	0,10	0,13	0,10	0,10	0,23	0,31	1,11	4,80	13065,54
PE	ns	25999,11	6121892,81	6663,53	6089230,17	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,08	0,41	7,19	19870,72

*D: Deviance (LRT) por X² a 5% de probabilidade / *significativo / ns: não significativo.

* σ^2A : variância genética aditiva; σ^2F : variância fenotípica individual; σ^2EP : variância entre progênies; σ^2E : variância residual; $\hat{h}^2A$: herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos; $\hat{h}^2EP$: herdabilidade com sentido restrito entre as progênies; $\hat{h}^2DP$: herdabilidade com sentido restrito dentro das progênies; $\hat{h}^2M$: herdabilidade com sentido restrito da média entre as progênies; c^2 : coeficiente de determinação dos efeitos das progênies; Ac: acurácia das progênies; CVg: coeficiente de variação genotípico entre as progênies; CVe: coeficiente de variação residual; MG: média geral do caráter.

**FO: fenóis; FL: flavonoides; CA: carotenoides; DP: radical antioxidante DPPH; AB: radical antioxidante ABTS; SS: sólidos solúveis; AC: acidez; pH: potencial hidrogeniônico; HU: ângulo Hue; AL: alanina; AR: arginina; AS: asparagina; CI: cisteína; GL: glutamina; GI: glicina; PR: prolina; SE: serina; HI: histidina; TE: treonina; TR: triptofano; MT: metionina; PE: fenilalanina.

Tabela 16. Estimativa da heterose (%) obtida em cruzamentos Top Cross entre linhagens endogâmicas S₅ (L₁:256, L₂:258, L₃:389, L₄:262, L₅:225) e um testador (HD: CD 308) com base genética ampla.

	Heterose (H%)										
Caracteres	L ₁ xHD	L ₂ xHD	L ₃ xHD	L ₄ xHD	L ₅ xHD		L ₁ xHD	L ₂ xHD	L ₃ xHD	L ₄ xHD	L ₅ xHD
	HIB (I)	HIB (II)	HIB (III)	HIB (IV)	HIB (V)		HIB (I)	HIB (II)	HIB (III)	HIB (IV)	HIB (V)
AP ⁺⁺	-6,88	16,65	-0,24	26,57	20,36	FL	-20,18	15,40	-59,71	-15,84	-15,88
AE	3,09	18,53	7,07	50,46	24,78	CA	51,97	8,65	35,98	60,55	24,38
DE	-4,81	16,46	12,76	7,83	10,20	DP	113,27	82,13	-15,16	91,97	182,51
CE	-8,74	19,25	-2,15	-3,04	1,27	AB	40,06	21,85	8,37	36,37	-15,04
NF	13,93	5,29	30,23	29,90	50,54	SS	33,33	200,00	100,00	7,69	33,33
GF	-13,45	-2,35	24,84	23,08	5,76	AC	-52,99	-46,01	-36,15	-47,49	-59,35
ME	-26,17	54,81	10,86	-6,39	12,70	pH	6,32	6,06	6,24	7,11	8,78
MG	-24,40	77,30	18,89	0,69	24,68	HU	-0,27	2,06	-0,39	1,51	0,68
DS	3,59	1,02	10,49	13,26	14,50	AL	-48,05	-2,54	-24,73	-29,66	-48,15
MS	-35,31	46,51	-21,16	25,55	57,67	AR	-77,27	-32,70	-25,91	-79,76	-60,08
MC	-10,56	5,18	2,33	1,24	2,22	AS	-44,91	5,24	-30,90	-41,48	-35,50
CG	5,46	8,54	18,35	14,16	-5,71	CI	1,97	2,68	16,12	-18,37	-3,72
LG	-5,15	-0,96	-3,69	-0,47	-8,16	GL	-8,50	33,11	-11,82	6,24	9,40
EG	2,80	-11,66	0,13	-8,68	-3,12	GI	41,44	193,21	-26,42	-40,09	-54,59
RG	-24,40	77,30	18,89	1,22	24,68	PR	20,20	10,62	-25,54	13,95	91,44
Fe	2,57	22,18	36,21	-12,12	-9,34	SE	-46,17	26,01	18,88	-17,86	-6,55
Cu	160,78	-73,37	31,35	-6,90	-57,40	HI	-3,25	-38,57	-44,98	-21,05	-16,09
Zn	55,02	32,46	30,97	30,95	6,12	TE	-9,81	84,07	-36,96	-27,87	-37,58
Na	-17,17	6,15	-13,64	-2,58	-28,16	TR	5,63	-11,77	-11,42	-25,21	-14,96
Mn	15,13	0,75	49,70	45,34	-22,19	MT	7,84	-9,02	-3,77	-11,76	-5,04
FO	32,14	-48,43	38,67	-39,74	13,27	PE	5,04	22,34	12,14	-5,63	3,42

⁺⁺AP: Altura da planta; AE: altura de inserção da espiga; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento da espiga; NF: número de fileiras de grãos da espiga; GF: número de grãos por fileira da espiga; ME: massa da espiga; MG: massa de grãos da espiga; DS: diâmetro do sabugo; MS: massa do sabugo; MC: massa de cem grãos; CG: comprimento do grão; LG: largura do grão; EG: espessura do grão; RG: rendimento de grãos; Fe: teor de ferro; Cu: teor de cobre; Zn: teor de zinco; Na: teor de sódio; Mn: teor de manganês nas sementes; FO: fenóis; FL: flavonoides; CA: carotenoides; DP: radical antioxidante DPPH; AB: radical antioxidante ABTS; SS: sólidos solúveis; AC: acidez; pH: potencial hidrogeniônico; HU: ângulo Hue; AL: alanina; AR: arginina; AS: asparagina; CI: cisteína; GL: glutamina; GI: glicina; PR: prolina; SE: serina; HI: histidina; TE: treonina; TR: triptofano; MT: metionina; PE: fenilalanina.

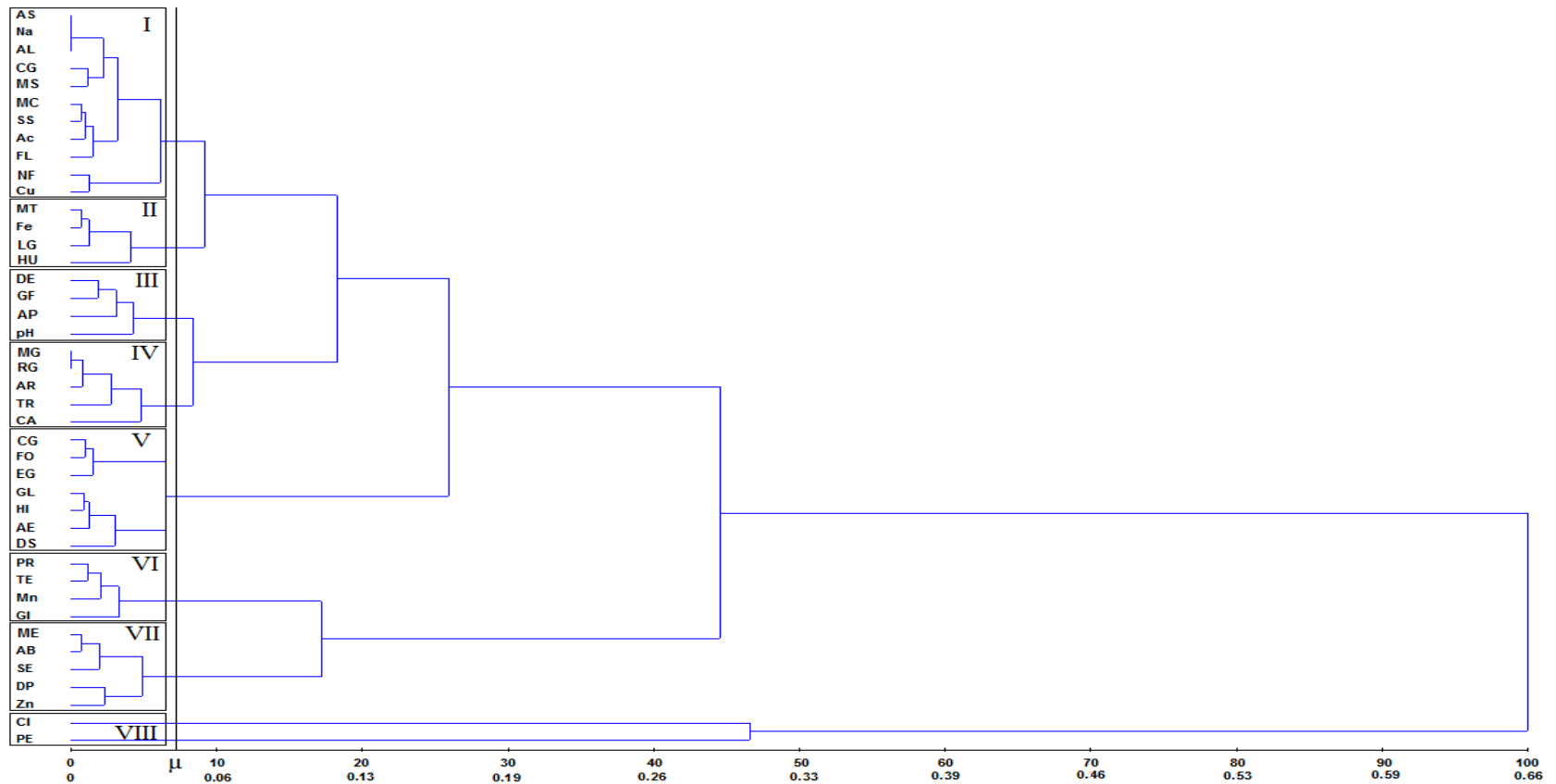


Figura 3. Dendrograma com a dissimilaridade genética obtida através da herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos ($\hat{h}^2A$), herdabilidade com sentido restrito entre as progênies ($\hat{h}^2EP$), herdabilidade com sentido restrito dentro das progênies ($\hat{h}^2DP$), e herdabilidade com sentido restrito da média entre as progênies ($\hat{h}^2M$) para 42 caracteres mensurados em progênies de meios-irmãos de milho, utilizando a distância Euclidiana média, e o método de agrupamento UPGMA. **AP: Altura da planta; AE: altura de inserção da espiga; DE: diâmetro da espiga; CE: comprimento da espiga; NF: número de fileiras de grãos da espiga; GF: número de grãos por fileira da espiga; ME: massa da espiga; MG: massa de grãos da espiga; DS: diâmetro do sabugo; MS: massa do sabugo; MC: massa de cem grãos; CG: comprimento do grão; LG: largura do grão; EG: espessura do grão; RG: rendimento de grãos; Fe: teor de ferro; Cu: teor de cobre; Zn: teor de zinco; Na: teor de sódio; Mn: teor de manganês nas sementes; FO: fenóis; FL: flavonoides; CA: carotenoides; DP: radical antioxidante DPPH; AB: radical antioxidante ABTS; SS: sólidos solúveis; AC: acidez; pH: potencial hidrogeniônico; HU: ângulo Hue; AL: alanina; AR: arginina; AS: asparagina; CI: cisteína; GL: glutamina; GI: glicina; PR: prolina; SE: serina; HI: histidina; TE: treonina; TR: triptofano; MT: metionina; PE: fenilalanina.

6 CAPÍTULO V

**Dialelo e predição (REML/BLUP) para os componentes do rendimento em
híbridos intervarietais de milho**

Dialelo e predição (REML/BLUP) para os componentes do rendimento em híbridos intervarietais de milho

Resumo

O melhoramento genético é essencial para obter incrementos nos componentes de rendimento do milho, isto pode ser obtido através de cruzamentos que permitam explorar os efeitos da heterose intervarietal, complementaridade alélica, bem como, ações e efeitos gênicos. Diante disto, este trabalho teve o objetivo de estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML/BLUP) de um dialelo intervarietal, selecionar e predizer os melhores genótipos para os componentes de rendimento do milho. O experimento foi realizado no Centro de Genômica e Fitomelhoramento– UFPel em 2014/2015 e 2015/2016. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos casualizados contendo 60 híbridos intervarietais de milho dispostos em três repetições, sendo estes obtidos através de cruzamentos intervarietais e avaliados em esquema dialélico. Definiu-se que os genitores paternos e a fração genética aditiva são determinantes ao índice relativo para o volume do grão e a herdabilidade com sentido restrito apresenta-se intermediária para este caráter. A massa de cem grãos e o rendimento de grãos são definidos pela capacidade específica de combinação e genitores maternos, e revelam baixa herdabilidade com sentido restrito. O genitor materno Taquarão e paterno Argentino Amarelo obtém as melhores capacidades gerais de combinação para os caracteres mensurados. A capacidade específica de combinação são expressas para os cruzamentos AL 25 x Dente de Ouro Roxo, AL 25 x BRS Pampeano e Taquarão x Argentino Branco. As estimativas e predições genéticas são consistentes e aplicáveis a programas de melhoramento genético e futuros estudos de genética quantitativa de milho.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; melhoramento de plantas; parâmetros genéticos; máxima verossimilhança restrita; melhor preditor linear não viesado.

Diallel and prediction (REML/BLUP) for yield components in intervarietal maize hybrids

Abstract

Genetic breeding is essential to increment maize yield components. It can be achieved through crosses to explore the effects of intervarietal heterosis, allelic complementarity, as well as genetic actions and effects. The objective of this work was to estimate the components of variance and genetic parameters (REML/BLUP) of an intervarietal diallel, to select and predict the best genotypes for maize yield components. The experiment was carried out at the Center of Genomics and Plant Breeding-UFPeI in 2014/2015 and 2015/2016. The experimental design was randomized blocks containing 60 intervarietal maize hybrids arranged in three replicates, which were obtained through intervarietal crosses and evaluated in a diallel scheme. The male genitors and the additive genetic fraction are determinant to the grain volume relative index. Narrow sense heritability is intermediate for this trait. The mass of one hundred grains and grain yield are defined by specific combining ability and female genitors, and present low narrow sense heritability. The female genitor Taquarão, and male genitor Argentino Amarelo present the best general combining abilities for the measured traits. The specific combining ability is expressed for crosses AL 25 x Dente de Ouro Roxo, AL 25 x BRS Pampeano and Taquarão x Argentino Branco. The genetic estimates and predictions are consistent and applicable to breeding programs and future studies of quantitative genetics in maize.

Keywords: *Zea mays* L.; plant breeding; genetic parameters; restricted maximum likelihood; best linear unbiased prediction.

6.1 Introdução

O melhoramento genético se apresenta imprescindível para obter acréscimos aos componentes do rendimento de grãos do milho (*Zea mays* L.). Entretanto, muitos destes caracteres são determinados por herança quantitativa, sendo controlados por um maior número de genes, altamente influenciados pelas características do ambiente de cultivo, o que culmina na baixa herdabilidade destes caracteres nas progênies (ALLARD, 1971). Inquestionavelmente a obtenção de genótipos mais produtivos é a meta de muitos melhoristas de plantas, no entanto, a escolha do germoplasma, a habilidade combinatória dos genitores, os efeitos do ambiente e as

estratégias de seleção são alguns entraves para a obtenção de genótipos promissores (FALCONER; MACKAY, 1996).

Uma alternativa para os programas de melhoramento de milho é o uso de variedades de polinização aberta (VPAs) como germoplasma, sendo fonte de variabilidade genética e alelos favoráveis aos caracteres de interesse. Pesquisas definem que VPAs podem ser viáveis economicamente, revelam plasticidade fenotípica e possuem ampla adaptabilidade aos ambientes de cultivo, em contrapartida, baixos níveis produtivos podem ser obtidos (CARPENTIERI PIPOLO et al., 2010). Acréscimos aos componentes do rendimento podem ser obtidos por meio de cruzamentos, que possibilitam explorar os efeitos da heterose intervartietal, a complementaridade alélica, bem como, as ações e efeitos gênicos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995).

A compreensão de quais são os genitores com melhor potencial para obter progênies superiores, torna-se possível através da realização de cruzamentos dialélicos. Este delineamento genético proporciona obter parâmetros essenciais à seleção, revelar a contribuição dos efeitos aditivos através da capacidade geral de combinação (CGC), e ainda possibilita obter a capacidade específica de combinação (CEC) baseada nos desvios não aditivos oriundos dos efeitos de dominância, sobredominância e epistasia (VENCOVSKY, 1978). Estudos dialélicos em milho apontam que a escolha do genitor, o ambiente de cultivo e as interações gênicas influenciam diretamente a capacidade combinatória dos genitores (NARDINO et al., 2016a).

As inferências realizadas no melhoramento do milho são baseadas na mensuração fenotípica dos caracteres, sendo primordial ao melhorista a disponibilidade de informações genéticas consistentes com menor ênfase da influência do ambiente. Torna-se possível determinar as contribuições genéticas aditivas dos genitores às progênies, e ainda estimar parâmetros que quantifiquem a fração herdável do caráter (BORGES et al., 2010). Pesquisas evidenciam que o emprego de modelos mistos possibilita obter os componentes de variância e parâmetros genéticos através da máxima verossimilhança restrita (REML), com estimativas fidedignas, aplicáveis e vantajosas ao melhoramento genético do milho (BARRETA et al., 2016). Estes modelos apresentam flexibilidade e podem auxiliar na seleção e predição de genótipos através do melhor preditor linear não viesado (BLUP), fazendo inferências ao valor genético e a nova média predita para o cultivo

subsequente (RESENDE; DUARTE, 2007). Diante disto, este trabalho teve o objetivo de estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML/BLUP) de um dialelo intervietal, selecionar e predizer os melhores genótipos para os componentes de rendimento do milho.

6.2 Material e Métodos

O experimento foi realizado no Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Universidade Federal de Pelotas. Os genótipos utilizados foram cruzados (2014/2015) e cultivados (2015/2016) no Centro Agropecuário da Palma em Capão do Leão– RS, Brasil, na latitude de 31°47'58"S e longitude de 52°31'02"O, com altitude de 13,2 metros (m). Segundo Köppen o clima é classificado como *Cfa* subtropical, e o solo é caracterizado como Argissolo vermelho amarelo distrófico (EMBRAPA, 2006).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, contendo 60 híbridos intervietais de milho, dispostos em três repetições. Sendo estes obtidos através de cruzamentos intervietais e avaliados em esquema dialélico, onde se designou 14 variedades de polinização aberta (VPA) como genitores, diante disto, procederam-se dez cruzamentos dirigidos para cada combinação híbrida com intuito de obter o número de sementes necessário para compor o ensaio de competição. Os genitores utilizados nos cruzamentos do dialelo (VPAs) e os híbridos intervietais estão expostos na Tabela 17.

A semeadura foi realizada na primeira quinzena de dezembro de 2015, onde se utilizou a densidade populacional de 80 mil plantas por hectare. A adubação de base foi composta por 350 kg ha⁻¹ de NPK na formulação 10-20-20, por cobertura aplicou-se 112 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma amídica no estágio fenológico V₄. O controle de plantas daninhas e insetos-praga foram procedidos preventivamente com a finalidade de reduzir os efeitos bióticos no resultado do experimento. A unidade experimental foi composta por duas linhas de cinco metros (m) de comprimento, espaçadas por 0,50 m. A colheita foi realizada na segunda quinzena de abril de 2016 após todos os genótipos apresentarem senescência foliar.

Os caracteres mensurados foram:

Índice relativo para o volume do grão (IRVG): Este índice foi obtido através da amostragem aleatória de dez grãos por unidade experimental, com auxílio de um

paquímetro digital mensurou-se as dimensões dos grãos (mm). Posteriormente foi desenvolvido um índice relativo que possibilitou conjugar a informação das dimensões do grão e inferir uma única tendência para as estimativas. Sendo:

$$IRVG = \frac{C \cdot L \cdot E}{\Sigma(C+L+E)}$$

Onde: C= comprimento, L = largura, E = espessura do grão do milho (CARVALHO et al., 2016).

Massa de cem grãos (MCG): estratificou-se oito subamostras de cem grãos para mensurar a massa através de uma balança digital, os resultados das observações compuseram o valor médio deste caráter para a unidade experimental, resultados em gramas (g).

Rendimento de grãos (RG): foi mensurado através da colheita de todas as espigas da unidade experimental onde se aferiu a massa. A magnitude obtida foi corrigida para a massa de grãos por planta e umidade de 13%, após ajustou-se os resultados para a densidade populacional utilizada, sendo o caráter expresso em kg ha⁻¹ (CARVAHO et al., 2014).

Os dados obtidos foram submetidos ao teste de normalidade por Shapiro Wilk (1965), posteriormente, realizou-se a análise de *Deviance*(LRT) a 5% de probabilidade pelo teste do qui-quadrado (X²) com intuito de identificar a significância dos caracteres. Para estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos (REML) do dialelo intervarietal utilizou-se o modelo estatístico: $y = Xr + Zp + Wm + Tc + e$, onde: y : é o vetor de dados, r : são os efeitos das repetições (fixos), p : são os efeitos dos genitores paternos intervarietais (aleatórios), m : são os efeitos dos genitores maternos intervarietais (aleatórios), c : são os efeitos da capacidade específica de combinação entre os genitores intervarietais, e : são os efeitos de resíduos (aleatórios).

Estimou-se a variância genética do genitor paterno (σ^2GP), variância genética do genitor materno (σ^2GM), variância genética aditiva média (σ^2A), variância da capacidade específica de combinação intervarietal entre dois genitores (σ^2CEC), variância residual (σ^2E), variância fenotípica individual (σ^2F), herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos intervarietais para o genitor paterno ($\hat{h}^2GP$), herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos intervarietais para o genitor materno ($\hat{h}^2GM$), herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos intervarietais média entre os genitores ($\hat{h}^2A$), coeficiente de determinação dos efeitos da

capacidade específica de combinação (C^2CEC), coeficiente de variação genotípico entre as progênes (CVg), coeficiente de variação residual (CVe) e a média geral do experimento.

Procederam-se as estimativas do BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) para obter os componentes das médias da capacidade geral de combinação intervartietal (CGC) e selecionar os melhores genitores intervartietais (paternos e maternos), estimar a capacidade específica de combinação intervartietal (CEC), ranquear os genótipos (R), evidenciar os efeitos genéticos preditos (G), valor genético aditivo predito ($U+G$), percentual de ganho genético com a seleção ($Ganho\%$) e a nova média (NM). As análises foram realizadas com auxílio do software estatístico Selegen (RESENDE, 2007).

6.3 Resultados e Discussão

A análise de *Deviance* (LRT) revelou significância ao índice relativo para o volume do grão (IRVG), massa de cem grãos (MCG) e rendimento de grãos (RG) a 5% de probabilidade pelo teste do qui-quadrado (Tabela 18), diante disto, as estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos apresentam confiabilidade e consistência para os caracteres mensurados nos 60 híbridos intervartietais de milho. O índice relativo para o volume do grão (IRVG) reúne as dimensões do grão do milho e pode auxiliar na seleção de genótipos com grãos mais largos, longos e espessos, sendo possível incrementar sua massa e indiretamente o rendimento do genótipo.

O número de fileiras de grãos da espiga e o número de grãos por fileira influenciam a largura e a espessura do grão, em contrapartida, as relações entre o diâmetro da espiga e do sabugo interagem com o comprimento do grão, maiores dimensões podem resultar em acréscimos no acúmulo de reservas no endosperma e grãos com maior massa (VAZQUEZ et al., 2012). A expressão fenotípica (σ^2F) do IRVG foi determinada por 48,4% de efeitos genéticos aditivos (σ^2A), mesmo havendo incrementos genéticos ao caráter devido ao cruzamento intervartietal, percebe-se a existência de uma desuniformidade na contribuição genética entre os genitores, onde 18,5% do fenótipo (σ^2F) foi oriundo da fração genética do genitor paterno (σ^2GP) e apenas 6,0% foi devido ao genitor materno (σ^2GM).

A contribuição da capacidade específica de combinação (σ^2_{CEC}) apresentou-se inferior a 1,0%, desta maneira, a ampla base genética utilizada para o melhoramento intervarietal do milho preconiza os efeitos aditivos e genes favoráveis ao caráter, com menor ênfase aos desvios de dominância intrínsecos a estimativa da capacidade específica de combinação (PAINI et al., 1996). Para este caráter foi possível estabelecer que o genitor doador de pólen (σ^2_{GP}) se apresentou superior, onde relaciona 37,2% dos efeitos genéticos totais à variância genética aditiva (σ^2_A). Portanto, é implícito que os desvios de dominância agem de forma conjunta e aleatória aos efeitos aditivos em cruzamentos intervarietais de milho.

Em relação à herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2$) para o IRVG nota-se que os efeitos dos genitores destoam quanto às suas magnitudes, onde alta herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2_{GP}:0,72$) foi obtida para os efeitos aditivos intervarietais do genitor paterno, em contrapartida, baixas ($\hat{h}^2_{GM}:0,24$) magnitudes foram reveladas para o genitor materno. Referente ao melhoramento genético do milho Hallauer e Miranda Filho (1995), classificaram a herdabilidade como sendo alta ($\hat{h}^2 > 70$), média ou intermediária ($30 < \hat{h}^2 < 70$) e baixa ($\hat{h}^2 < 30$). Os resultados obtidos para este parâmetro podem ser decorrentes da maior contribuição genética aditiva do genitor intervarietal paterno (σ^2_{GP}) na expressão fenotípica do caráter, diante disto, uma maior fração herdável na progênie pode ser obtida utilizando os melhores genitores para o caráter IRVG e que possibilitem a maior contribuição genética aditiva no cruzamento realizado.

A herdabilidade com sentido restrito média entre os genitores ($\hat{h}^2_A: 0,48$) apresentou magnitude intermediária, e indica que o melhoramento do milho com intuito de obter híbridos intervarietais com elevado IRVG torna-se possível por meio do efeito genético aditivo médio dos genitores. Em pesquisa realizada com cruzamentos de seis variedades de polinização aberta de milho foi possível obter herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2: 0,10$) baixa para o comprimento, largura e espessura dos grãos (CARVALHO et al., 2016). O coeficiente de variação genotípico (CVg: 6,94%) obtido para os híbridos intervarietais evidencia variabilidade, sendo 57,3% da variação total do caráter IRVG decorrente da fração genética total existente entre os genótipos estudados. A média geral do IRVG foi de 20,94 para os 60 híbridos intervarietais, onde corresponde a grãos com 12,0 mm de comprimento, 10,1 mm de largura e 4,6 mm de espessura.

O desempenho fenotípico (σ^2F) da massa de cem grãos (MCG) foi influenciado por 12,7% através da capacidade específica de combinação (σ^2CEC) dos genitores, sendo esta contribuição superior a observada para a fração genética aditiva (σ^2A :7,1%), do genitor paterno (σ^2GP :0,9%) e materno (σ^2GM : 2,6%). A proporção genética aditiva (σ^2A) evidenciada na progênie foi decorrente de 36,5% dos efeitos genéticos do genitor materno (σ^2GM) e 13,2% oriundo do genitor doador de pólen (σ^2GP). A massa de cem grãos das progênies intervarietais pode ser incrementada ao identificar qual combinação híbrida apresenta-se complementar para os alelos favoráveis ao caráter, onde cuidados são imprescindíveis na seleção do genitor (VPA) materno. Pesquisas definem que a escolha eficiente do genitor em cruzamentos dialélicos, o ambiente de cultivo, as ações e os efeitos gênicos podem determinar a capacidade geral e específica de combinação para a massa do grão do milho (NARDINO et al., 2016a).

A herdabilidade com sentido restrito para a massa de cem grãos foi baixa para o genitor materno ($\hat{h}^2GM$: 0,10), porém, foi a mais pronunciável para o caráter. Em progênies intervarietais a herdabilidade com sentido restrito ($\hat{h}^2$: 0,06) foi baixa (CARVALHO et al., 2016), para linhagens endogâmicas a herdabilidade com sentido amplo ($\hat{H}^2$:0,60) se apresentou intermediária (SOARES et al., 2011), pesquisas com dez variedades de polinização aberta obtiveram herdabilidade com sentido amplo ($\hat{H}^2$: 0,87) alta para a massa de cem grãos (BARETTA et al., 2016).

A magnitude do coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação (C^2cec) indica qual estratégia deve ser preconizada no melhoramento do caráter. Coeficientes elevados relacionam a obtenção de melhores genótipos através da heterose, dominância, sobredominância e efeitos epistáticos, em contrapartida, baixas magnitudes expõem o melhorista às estratégias que priorizem os efeitos genéticos aditivos, a herdabilidade com sentido restrito e a capacidade geral de combinação. Os resultados obtidos neste estudo (C^2cec : 0,12) revelam coeficiente baixo para a massa de cem grãos, assim a obtenção de genótipos intervarietais superiores podem ser baseadas nos ganhos genéticos aditivos. Houve variabilidade (CVg: 6,90%) para este caráter, mas os efeitos genéticos contribuem com apenas 43,2% da variação total para a massa de cem grãos.

As proporções fenotípicas (σ^2F) do rendimento de grãos (RG) foram promovidas por 79,7% dos efeitos da capacidade específica de combinação (σ^2CEC)

entre os genitores. A fração genética aditiva (σ^2A) foi influenciada por 43,5% dos efeitos genéticos oriundos do genitor materno (σ^2GM), em contrapartida, apenas 6,5% foram decorrentes do genitor paterno (σ^2GP). Os componentes de variância indicam haver combinações híbridas intervarietais específicas que incrementam o rendimento de grãos, contudo, os ganhos genéticos aditivos são mais pronunciáveis ao se utilizar um genitor materno superior. Uma elevada capacidade específica de combinação é oriunda dos desvios de dominância, efeitos epistáticos, heterozigose, e pela presença de alelos favoráveis ao rendimento de grãos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995). Além de obter ganhos por heterose, o melhoramento intervarietal pode gerar novas populações com frequência alélica favorável, potencial para extração de linhagens e futuramente obter híbridos (PFANN et al., 2009).

A herdabilidade com sentido restrito para os genitores paternos ($\hat{h}^2GP$), maternos ($\hat{h}^2GM$) e da média entre os genitores ($\hat{h}^2A$) foram baixas para o rendimento de grãos. Segundo Hallauer e Miranda Filho (1995), a herdabilidade com sentido restrito para este caráter apresenta-se geralmente ($\hat{h}^2:0,18$) baixa. Pesquisas com 28 genótipos de milho cultivados em oito ambientes obtiveram baixa herdabilidade com sentido amplo ($\hat{H}^2:0,23$) para o rendimento de grãos (NARDINO et al., 2016b). O coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação (C^2_{cec} : 0,79) se evidenciou elevado para o rendimento de grãos, onde se preconiza efeitos não aditivos (dominância, sobredominância e epistasia). O coeficiente de variação genotípico (CV_g : 31,1%) do rendimento de grãos foi superior ao residual (CV_e : 15,36%), onde evidencia uma grande variabilidade genética entre os híbridos intervarietais devido ao número de genótipos estudados e suas diferentes bases genéticas. Pesquisas indicam que a razão entre o coeficiente de variação genotípico e residual (CV_g/ CV_e) quando igual ou superior a unidade reflete na predominância de efeitos genéticos, e a população utilizada pode proporcionar ganhos ao melhoramento do caráter (VENCOVSKY, 1978).

Realizaram-se as estimativas das médias (BLUP) para a capacidade geral de combinação (CGC), onde se considerou 14 variedades de polinização aberta (VPAs) e 60 combinações híbridas intervarietais (Tabela 19). Como critério para realizar as inferências aos genitores (maternos e paternos) utilizou-se o percentual de ganho genético com a seleção (Ganho %) igual ou superior a 10,0% para todos os caracteres mensurados.

O índice relativo para o volume do grão (IRVG) evidenciou que os genótipos Taquarão, AL25, Cateto Amarelo e Argentino Branco quando selecionados como genitores maternos obtiveram um ganho genético predito de 22,8%; 17,8%; 13,2% e 10,9%, respectivamente. No entanto, a seleção para os melhores genitores paternos aponta que os genótipos Dente de Ouro Roxo, Branco Oito Carreiras e Argentino Amarelo como os que possibilitam um ganho genético predito de 28,1%; 16,4% e 12,1% para este caráter.

Com intuito de incrementar as dimensões dos grãos do milho nas progênes intervarietais, pode-se explorar a capacidade geral de combinação dos genitores selecionados, compreendo quais genótipos devem ser utilizados como doador ou receptor de pólen e ainda obter o maior ganho genético aditivo para o caráter. Os genitores maternos selecionados evidenciam nova média geral predita (NM) de 21,7 e paternos de 22,6 para o IRVG. Portanto, a escolha eficiente dos genitores impõe um ganho genético em relação à média geral do caráter de 3,6% para os genitores maternos e 7,9% para os paternos.

Para a massa de cem grãos (MCG) foi possível determinar que os genótipos AL25, Taquarão, BRS Pampeano e AL30 obtiveram ganhos genéticos preditos de 16,7%; 14,0%; 13,1% e 11,1% quando utilizados como genitores maternos, respectivamente. A seleção de genitores paternos revelou ganho genético predito de 18,1%; 16,1%; 14,1% e 11,3% para os genótipos BRS Pampeano, Branco Oito Carreiras, Argentino Amarelo e BRS 473. Os ganhos obtidos com estes genótipos para a massa do grão podem ser em função destes genótipos já terem sido previamente melhorados, fato que acarretou no aumento da frequência de alelos favoráveis e a complementaridade de seus efeitos aditivos nas progênes intervarietais. Estudos utilizando dez variedades de polinização aberta definem que em média estes genótipos evidenciam maior massa de cem grãos quando comparados a híbridos simples e duplos de milho (BARETTA et al., 2016).

Variedades de polinização aberta e híbridos intervarietais podem ser economicamente mais viáveis, com baixos custos de produção, plasticidade fenotípica, adaptabilidade ampla, mais tolerantes a algumas doenças, com rendimento de grãos ponderado por seu nível de melhoramento e manejo adotado (CARPENTIERI PÍPOLO et al., 2010). Os genitores maternos selecionados obtiveram nova média predita (NM) de 38,0gramas e os paternos de 38,3gramas para a massa de cem grãos. Ao utilizar os melhores genitores foi possível obter um

ganho genético predito em relação à média geral do caráter de 1,6% aos genitores maternos e 0,8% para os paternos.

O rendimento de grãos (RG) define que os genótipos Argentino Amarelo, Taquarão, AL30, BRS Pampeano e Bico de Ouro revelaram os maiores ganhos genéticos preditos de 17,7%; 15,0%; 12,9%; 11,7% e 10,6% quando utilizados como genitores maternos, respectivamente. Ao selecionar genitores paternos foi possível determinar ganhos genéticos preditos de 24,8%; 16,2%; 12,5% e 10,0% para BRS Pampeano, Dente de Ouro Branco, Argentino Amarelo e Caiano Rajado. As estimativas determinam que mesmo selecionando os melhores genitores maternos e paternos através da capacidade geral de combinação, o incremento genético expresso pela média predita do caráter na progênie intervarietal foi inferior a 1,0% em relação à média geral do rendimento de grãos. Portanto, maiores probabilidades de identificar combinações híbridas superiores são evidenciadas através da capacidade específica de combinação, explorando os desvios de dominância, efeitos epistáticos e a heterose intervarietal.

A estimativa dos componentes das médias por BLUP para a capacidade específica de combinação (CEC) evidenciou ao índice relativo do volume do grão (IRVG) que 43 híbridos intervarietais obtiveram nova média (NM) predita superior à média geral (Tabela 20), em contrapartida, apenas 22 genótipos apresentaram acréscimos devido aos efeitos genéticos (G) influenciando positivamente o valor genético predito (U+G). O melhoramento do milho carece dos valores genéticos para o caráter de interesse, desta maneira, o uso de predições BLUP possibilita compreender e selecionar genótipos promissores por meio de informações que revelem o verdadeiro valor genético e minimizam as distorções das estimativas devido aos efeitos do ambiente (BORGES et al., 2010).

As predições para oIRVG determinam que maiores estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) foram obtidas com o cruzamento do genitor materno AL 25 e paterno Dente de Ouro Roxo (AL25_x_DOR), onde revelaram ao valor genético aditivo predito (U+G) e a nova média (21,01) superioridade em relação aos demais genótipos. A obtenção de genótipos intervarietais com maiores dimensões do grão também podem ser alcançada através do cruzamento BRS Pampeano e Branco Oito Carreiras (PAM_x_OCB), Taquarão e Caiano Rajado (TAQ_x_CR), no entanto, estes cruzamentos obtiveram um menor ganho genético aditivo na progênie.

Para a massa de cem grãos (MCG) 57 híbridos intervarietais revelaram que a nova média (NM) predita foi superior à média geral do caráter. Diante disto, acréscimos devido aos efeitos genéticos preditos (G) e ao valor genético aditivo (U+G) foram evidenciados para 26 híbridos intervarietais testados (Tabela 21). As melhores estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) foram expressas para o genitor materno AL25 e paterno BRS Pampeano que obteve 8,8% de ganho genético com a seleção, e a nova média (NM) de 43,72gramas se assemelhou ao valor genético aditivo predito (U+G). A nova média predita por BLUP terá proximidade a magnitude que o caráter obterá no próximo cultivo, no entanto, se a estimativa do valor genético aditivo predito (U+G) se assemelhar a nova média há uma alta probabilidade desta predição ter consistência (BORGES et al., 2010).

O incremento da massa do grão nas progênies intervarietais também pode ser obtido com os cruzamentos dos genitores AL30 e BRS 473 (AL30_x_473), BRS Missões e Branco Oito Carreira (BRSM_x_OCB), BRS Pampeano e Branco Oito Carreira (PAM_x_OCB) onde revelam ganhos genéticos de 6,0%; 5,0% e 4,5% respectivamente. Maiores efeitos genéticos aditivos foram obtidos para a massa de cem grãos (MCG) quando se utilizou como genitor materno variedades de polinização aberta (VPAs) com certo grau de melhoramento para os caracteres de interesse agrônomo, no *ranking* dos melhores genótipos para a capacidade específica de combinação (CEC) resultados superiores para este caráter foram obtidos quando o cruzamento foi realizado entre duas variedades de polinização aberta (VPAs), previamente melhoradas sendo estas complementares para os alelos favoráveis da massa do grão.

O rendimento de grãos (RG) evidenciou que 59 híbridos intervarietais apresentaram à nova média (NM) superior à média geral do caráter (Tabela 22). No entanto, apenas 27 genótipos foram beneficiados por efeitos genéticos positivos (G) devido ao cruzamento. A capacidade específica de combinação (CEC) revelou maior efeito genético aditivo predito (U+G) para o cruzamento Taquarão e Argentino Branco (TAQ_x_ARB), com nova média (NM) predita ($12631,1 \text{ kg ha}^{-1}$) 78,1% superior à média geral do caráter. Alguns cruzamentos apresentaram potencial produtivo, no entanto, menores efeitos genéticos foram obtidos através das combinações híbridas Cateto Amarelo e BRS Pampeano (CAM_x_PAM), AL25 e Branco Oito Carreiras (AL25_x_OCB), Argentino Amarelo e Taquarão

(ARA_x_TAQ), onde todas estas combinações evidenciam ganhos genéticos devido a seleção sendo superiores a 4,0% em relação aos demais genótipos.

Com os resultados expostos neste estudo foi possível compreender as proporções genéticas aditivas e os parâmetros imprescindíveis ao melhoramento do milho, e ainda determinar quais abordagens referentes à capacidade combinatória podem ser procedidas para obter genótipos superiores aos componentes do rendimento em híbridos intervarietais. As inferências expostas podem ser utilizadas em programas de melhoramento intervarietal de milho e pesquisas com genética quantitativa que utilizem modelos mistos para a predição de genótipos.

6.4 Conclusões

Os genitores paternos e a fração genética aditiva são determinantes ao índice relativo para o volume do grão e a herdabilidade com sentido restrito apresenta-se intermediária para este caráter.

A massa de cem grãos e o rendimento de grãos são definidos pela capacidade específica de combinação e genitores maternos, revelam baixa herdabilidade com sentido restrito.

O genitor materno Taquarão e paterno Argentino Amarelo obtém as melhores capacidades gerais de combinação para os caracteres mensurados.

A capacidade específica de combinação são expressas para os cruzamentos AL 25 x Dente de Ouro Roxo, AL 25 x BRS Pampeano e Taquarão x Argentino Branco.

As estimativas e predições genéticas são consistentes e aplicáveis a programas de melhoramento genético e futuros estudos de genética quantitativa de milho.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. 1. ed. São Paulo, 1971. 485p.

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

BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batatadoce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum**.v.32, n.4, p.643-649, 2010.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; SOUZA, A.; SILVA, D. A.; BARRETO, T. P.; GARBUGLIO, D. D.; FERREIRA, J. M. Avaliação de cultivares de milho crioulo em sistema de baixo nível tecnológico. **Acta Scientiarum**. v.32, n.2, p.229-233, 2010.

CARVALHO, I.R.; DE SOUZA, V.Q.; FOLLMANN, D.N.; NARDINO, M.; SCHMIDT, D. Desempenho agrônomo de híbridos de milho em ambiente irrigado e sequeiro. **Enciclopédia Biosfera**. v.10, n.18, p.1144-1153, 2014.

CARVALHO, I.R.; NARDINO, M.; DE PELEGRIN, A.J.; HOFFMANN, J.F.; POLETO, S.M.; FERRARI, M.; SZARESKEI, V.J.; MEIRA, D.; CHAVES, F.C.; DE SOUZA, V.Q.; DE OLIVEIRA, A.C.; MAIA, L. Estimate of genetic parameters in bioactive and micronutrients compounds of maize. **African Journal of Agricultural Research**. v.11, n.33, p.3123-3133. 2016.

EMBRAPA, **Centro Nacional de Pesquisa de Solos - Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2.ed. Rio de Janeiro: Embrapa, 2006. 306p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman, 1996, 464p.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B.**Quantitative Genetics in Maize Breeding**.2.ed. Iowa: Iowa State University Press, 1995, 650p.

NARDINO, M.; SOUZA, V. Q.; BARETTA, D.; KONFLANZ, V. A.; FOLLMANN, D. N.; CARVALHO, I. R.; FERRARI, M.; CARON, B. O.; SCHMIDT, D. Partial diallel analysis among maize lines for characteristics related to the tassel and the productivity. **African Journal of Agricultural Research**.v.11, n.11, p.974-982, 2016a.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I. R.; OLIVOTO, T.; SOUZA, V. Q.; KONFLAZ, V. A.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C. Mixed Models to Characterize Adaptability, Stability and Yield of Hybrid Corn. **Australian Journal of Basic and Applied Sciences**. v.10, n.1, p.290-299, 2016b.

PAINI, J.N.; CRUZ, C.D.; DELBONI, J.S.; SCAPIM, C.A.Capacidade combinatória e heterose em cruzamentos intervarietais de milho avaliados sob as condições climáticas da região sul do Brasil. **Ceres**. v.43, n.247,1996.

PFANN, A.Z.; FARIA, M.V.; DE ANDRADE, A.A.; DO NASCIMENTO, I.R.; FARIA, C.M.D.R.;BRINGHENTTI, R.M. Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. **Ciência Rural**. v.39, n.3, p.635-641, 2009.

RESENDE, M. D. V. Software Selegem – REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. **Colombo: Embrapa Florestas**, 2007, 350p.

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.

SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. Analysis of variance test for normality, **Biometrika**. v.1, n.1, p.591-611, 1965.

SOARES, M. O.; MIRANDA, G. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; MARRIEL, I. E.; GUIMARÃES, C. T. Parâmetros genéticos de uma população de milho em níveis contrastantes de nitrogênio. **Revista Ciência Agronômica**. v.42, n.1, p.168-174, 2011.

VAZQUEZ, G.H.; ARF, O.; SARGI, B.A.; PESSOA, A.C.O. Influência do tamanho e da forma da semente de milho sobre o desenvolvimento da planta e a produtividade de grãos. **BioscienceJournal**. v.28, n.1, 2012.

VENCOVSKY, R. **Herança quantitativa - Melhoramento e produção de milho no Brasil**. 1.ed. Piracicaba: Edição da Fundação Cargil, 1978. 309p.

Tabela 17. Descrição dos genitores (VPAs) utilizados no esquema de dialelo de milho e as combinações híbridas intervarietais obtidas.

Genitores	Variedades de Polinização Aberta (VPA)			Sigla	
G ₁	BRS 473			473	
G ₂	AL25			AL25	
G ₃	AL30			AL30	
G ₄	Argentino Amarelo			ARA	
G ₅	Argentino Branco			ARB	
G ₆	Bico de Ouro			BIO	
G ₇	BRS Missões			BRSM	
G ₈	Cateto Amarelo			CAM	
G ₉	Caiano Rajado			CR	
G ₁₀	Dente de Ouro Roxo			DOR	
G ₁₁	BRS Pampeano			PAM	
G ₁₂	Taquarão			TAQ	
G ₁₃	Branco Oito Carreiras			OCB	
G ₁₄	Dente de Ouro Branco			DOB	
Cruzamentos Intervarietais (2014/2015)					
AL25 x DOR	PAM x AL25	CR x 473	AL30 x CR	DOR x BIO	PAM x CR
PAM x OCB	AL25 x CR	BRSM x TAQ	CR x OCB	AL25 x CAM	BRSM x CAM
TAQ x CR	AL25 x PAM	BRSM x PAM	473 x ARB	CAM x PAM	BRSM x OCB
CAM x ARA	TAQ x OCB	CAM x OCB	DOR x 473	ARA x PAM	AL25 x ARA
ARA x ARB	ARB x PAM	DOR x OCB	AL25 x ARB	BRSM x ARB	473 x PAM
TAQ x ARB	AL25 x 473	PAM x BRSM	BRSM x BIO	DOR x ARB	473 x OCB
DOR x TAQ	473 x ARA	DOR x PAM	473 x TAQ	ARA x TAQ	PAM x 473
DOR x ARA	473 x CAM	AL30 x BRSM	AL30 x OCB	CAM x ARB	AL30 x AL25
AL30 x 473	AL25 x OCB	CR x BRSM	DOR x BRSM	AL30 x DOB	DOR x CR
AL30 x PAM	CAM x BIO	AL25 x BRSM	CR x ARA	BIO x ARA	AL25 x TAQ

Tabela 18. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML) para os 60 híbridos intervarietais de milho cultivados na safra agrícola 2015/2016.

⁺ Parâmetros	⁺⁺ IRVG (índice)	MCG (g)	RG (kg ha ⁻¹)
⁺⁺⁺ <i>Deviance</i>	7,85**	4,74*	135,69**
σ^2GP	1,54	0,39	5463,05
σ^2GM	0,52	1,08	36276,84
σ^2A	4,14	2,96	83479,79
σ^2CEC	0,04	5,29	4833116,15
σ^2E	6,43	34,98	1185564,92
σ^2F	8,55	41,76	6060420,97
$\hat{h}^2GP$	0,72	0,03	0,00
$\hat{h}^2GM$	0,24	0,10	0,02
$\hat{h}^2A$	0,48	0,07	0,01
C^2CEC	0,00	0,12	0,79
$CVg(\%)$	6,94	6,90	31,14
$CVe(\%)$	12,11	15,68	15,36
Média geral	20,94	37,70	7088,26

⁺ σ^2GP : variância genética do genitor paterno; σ^2GM : variância genética do genitor materno; σ^2A : variância genética aditiva média; σ^2CEC : variância da capacidade específica de combinação intervarietal entre os genitores; σ^2E : variância residual; σ^2F : variância fenotípica individual; $\hat{h}^2GP$: herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos intervarietais para o genitor paterno; $\hat{h}^2GM$: herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos intervarietais para o genitor materno; $\hat{h}^2A$: herdabilidade com sentido restrito dos efeitos aditivos intervarietais média entre os genitores; C^2CEC : coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação; $CVg(\%)$: coeficiente de variação genotípico entre as progênies; $CVe(\%)$: coeficiente de variação residual; *Média geral*: média geral do experimento.

⁺⁺índice relativo para o volume do grão (IRVG, índice), massa de cem grãos (MCG, gramas) e rendimento de grãos (RG, kg ha⁻¹).

⁺⁺⁺*Deviance* (LRT) a 5% de probabilidade pelo teste do Qui-Quadrado.

Tabela 19. Estimativa das médias para a capacidade geral de combinação intervarietal (CGC), e a seleção dos genitores intervarietais (BLUP) para o índice relativo do volume do grão (IRVG), massa de cem grãos (MCG) e rendimento de grãos (RG).

Índice relativo do volume do grão (IRVG)										
Seleção dos genitores paternos						Seleção para genitores maternos				
*R	**Genótipos	G	U+G	Ganho (%)	NM	R	Genótipo	G	U+G	Ganho (%) NM
1	DOR	3,01	23,95	28,15	23,95	1	TAQ	1,09	22,36	22,85
2	OCB	0,50	21,44	16,46	22,70	2	AL25	0,61	21,58	17,81
3	ARA	0,37	21,31	12,16	22,24	3	CAM	0,19	21,13	13,20
4	473	0,33	21,27	9,82	21,99	4	ARB	0,18	21,12	10,90
5	PAM	0,22	21,16	8,32	21,83	5	PAM	0,11	21,05	9,22
6	ARB	-0,12	20,81	6,73	21,66	6	ARA	0,00	20,94	7,54
7	BRSM	-0,19	20,74	5,51	21,53	7	CR	-0,08	20,85	6,28
8	CR	-0,36	20,57	4,39	21,41	8	DOR	-0,26	20,68	4,82
9	BIO	-0,41	20,52	3,46	21,31	9	BIO	-0,27	20,66	3,56
10	AL25	-0,61	20,32	2,52	21,21	10	AL30	-0,28	20,65	2,72
11	DOB	-0,75	20,18	1,68	21,12	11	473	-0,64	20,29	1,04
12	CAM	-0,92	20,11	0,74	21,02	12	BRSM	-0,65	20,28	0,00
13	TAQ	-1,06	19,87	0,00	20,94					
Massa de cem grãos (MCG)										
R	Genótipos	G	U+G	Ganho (%)	NM	R	Genótipo	G	U+G	Ganho (%) NM
1	PAM	0,35	38,06	18,14	38,06	1	AL25	0,69	38,39	16,72
2	OCB	0,28	37,98	16,15	38,02	2	TAQ	0,47	38,17	14,02
3	ARA	0,19	37,90	14,12	37,98	3	PAM	0,47	38,17	13,11
4	473	0,05	37,75	11,30	37,92	4	AL30	0,22	37,92	11,19
5	AL25	0,02	37,72	9,25	37,88	5	CR	0,20	37,90	9,94
6	DOR	0,01	37,71	7,82	37,85	6	CAM	0,14	37,84	8,84
7	BRSM	-0,01	37,68	6,61	37,83	7	BIO	0,09	37,79	7,90
8	DOB	-0,04	37,65	5,51	37,81	8	ARA	0,08	37,78	7,16
9	ARB	-0,10	37,59	4,29	37,78	9	ARB	-0,24	37,45	5,71
10	BIO	-0,12	37,57	3,23	37,76	10	DOR	-0,61	37,08	3,65
11	CR	-0,13	37,57	2,33	37,74	11	BRSM	-0,71	36,99	1,77
12	CAM	-0,21	37,48	1,24	37,72	12	473	-0,81	36,88	0,00
13	TAQ	-0,29	37,40	0,00	37,70					
Rendimento de Grãos (RG)										
R	Genótipos	G	U+G	Ganho (%)	NM	R	Genótipos	G	U+G	Ganho (%) NM
1	PAM	8,88	7097,14	24,82	7097,14	1	ARA	53,09	7141,35	17,75
2	DOB	2,78	7091,04	16,29	7094,09	2	TAQ	37,09	7125,36	15,07
3	ARA	1,80	7090,06	12,52	7092,75	3	AL30	26,27	7114,53	12,98
4	CR	1,00	7089,26	10,09	7091,88	4	PAM	24,30	7112,56	11,76
5	BIO	0,70	7088,97	8,47	7091,30	5	BIO	18,63	7106,90	10,65
6	OCB	-0,46	7087,80	6,85	7090,71	6	CAM	50,62	7093,32	9,16
7	BRSM	-0,60	7087,66	5,62	7090,28	7	473	-12,84	7075,42	7,24
8	473	-0,78	7087,47	4,64	7089,93	8	ARB	-15,83	7072,43	5,67
9	AL25	-0,99	7087,27	3,83	7089,63	9	CR	-16,40	7071,86	4,43
10	DOR	-1,26	7086,99	3,07	7089,37	10	BRSM	-20,08	7068,17	3,32
11	ARB	-1,92	7086,34	2,32	7089,09	11	AL25	-34,92	7053,34	1,96
12	TAQ	-2,74	7085,52	1,48	7088,79	12	DOR	-64,37	7023,89	0,00
13	CAM	-6,39	7081,86	0,00	7088,65					

* R: ranking de classificação; G: efeitos genéticos preditos; U+G: valor genético aditivo predito; ganho (%): percentual de ganho genético com a seleção; NM: nova média.

**Genitores BRS 473 (473), AL 25 (AL25), AL 30 (AL30), Argentino Amarelo (ARA), Argentino Branco (ARB), Bico de Ouro (BIO), BRS Missões (BRSM), Cateto Amarelo (CAM), Caiano Rajado (CR), Dente de Ouro Roxo (DOR), BRS Pampeano (PAM), Taquarão (TAQ) e Branco Oito Carreiras (OCB), Dente de Ouro Branco (DOB).

Tabela 20. Estimativas dos componentes das médias da capacidade específica de combinação por BLUP para o índice relativo de volume do grão (IRVG) mensurado em 60 híbridos intervarietais de milho.

Índice relativo para o volume do grão (IRVG)											
*R	**Genótipos	G	U+G	Ganho (%)	NM	R	Genótipos	G	U+G	Ganho (%)	NM
1	AL25_x_DOR	0,07	21,01	0,06	21,01	31	AL30_x_CR	-0,00	20,93	0,01	20,95
2	PAM_x_OCB	0,03	20,97	0,04	20,99	32	CR_x_OCB	-0,00	20,93	0,01	20,95
3	TAQ_x_CR	0,03	20,97	0,04	20,99	33	473_x_ARB	-0,00	20,93	0,01	20,95
4	CAM_x_ARA	0,03	20,97	0,03	20,98	34	DOR_x_473	-0,00	20,93	0,01	20,95
5	ARA_x_ARB	0,03	20,97	0,03	20,98	35	AL25_x_ARB	-0,00	20,93	0,01	20,95
6	TAQ_x_ARB	0,02	20,96	0,03	20,98	36	BRSM_x_BIO	-0,00	20,93	0,01	20,95
7	DOR_x_TAQ	0,02	20,96	0,03	20,98	37	473_x_TAQ	-0,00	20,93	0,01	20,95
8	DOR_x_ARA	0,02	20,96	0,03	20,97	38	AL30_x_OCB	-0,00	20,93	0,01	20,95
9	AL30_x_473	0,02	20,96	0,02	20,97	39	DOR_x_BRSM	-0,01	20,93	0,01	20,95
10	AL30_x_PAM	0,02	20,96	0,02	20,97	40	CR_x_ARA	-0,01	20,92	0,00	20,95
11	PAM_x_AL25	0,02	20,96	0,02	20,97	41	DOR_x_BIO	-0,01	20,92	0,00	20,95
12	AL25_x_CR	0,02	20,96	0,02	20,97	42	AL25_x_CAM	-0,01	20,92	0,00	20,95
13	AL25_x_PAM	0,01	20,95	0,02	20,97	43	CAM_x_PAM	-0,01	20,92	0,00	20,95
14	TAQ_x_OCB	0,01	20,95	0,02	20,97	44	ARA_x_PAM	-0,01	20,92	0,00	20,94
15	ARB_x_PAM	0,01	20,95	0,02	20,96	45	BRSM_x_ARB	-0,01	20,92	0,00	20,94
16	AL25_x_473	0,01	20,95	0,02	20,96	46	DOR_x_ARB	-0,01	20,92	0,00	20,94
17	473_x_ARA	0,01	20,95	0,02	20,96	47	ARA_x_TAQ	-0,01	20,92	0,00	20,94
18	473_x_CAM	0,01	20,95	0,02	20,96	48	CAM_x_ARB	-0,01	20,92	0,00	20,94
19	AL25_x_OCB	0,01	20,95	0,02	20,96	49	AL30_x_DOB	-0,01	20,92	0,00	20,94
20	CAM_x_BIO	0,01	20,95	0,01	20,96	50	BIO_x_ARA	-0,02	20,91	0,00	20,94
21	CR_x_473	0,01	20,95	0,01	20,96	51	PAM_x_CR	-0,02	20,91	0,00	20,94
22	BRSM_x_TAQ	0,01	20,95	0,01	20,96	52	BRSM_x_CAM	-0,02	20,91	0,00	20,94
23	BRSM_x_PAM	0,00	20,94	0,01	20,96	53	BRSM_x_OCB	-0,02	20,91	0,00	20,94
24	CAM_x_OCB	0,00	20,94	0,01	20,96	54	AL25_x_ARA	-0,02	20,91	0,00	20,94
25	DOR_x_OCB	0,00	20,94	0,01	20,96	55	473_x_PAM	-0,02	20,91	0,00	20,94
26	PAM_x_BRSM	0,00	20,94	0,01	20,96	56	473_x_OCB	-0,03	20,91	0,00	20,94
27	DOR_x_PAM	0,00	20,94	0,01	20,96	57	PAM_x_473	-0,03	20,90	0,00	20,94
28	AL30_x_BRSM	0,00	20,94	0,01	20,96	58	AL30_x_AL25	-0,03	20,90	0,00	20,94
29	CR_x_BRSM	0,00	20,94	0,01	20,95	59	DOR_x_CR	-0,04	20,89	0,00	20,94
30	AL25_x_BRSM	-0,00	20,93	0,06	20,95	60	AL25_x_TAQ	-0,04	20,89	0,00	20,94

* R: ranking de classificação; G: efeitos genéticos preditos; U+G: valor genético aditivo predito; ganho (%): percentual de ganho genético com a seleção; NM: nova média

**Genitores BRS 473 (473), AL 25 (AL25), AL 30 (AL30), Argentino Amarelo (ARA), Argentino Branco (ARB), Bico de Ouro (BIO), BRS Missões (BRSM), Cateto Amarelo (CAM), Caiano Rajado (CR), Dente de Ouro Roxo (DOR), BRS Pampeano (PAM), Taquarão (TAQ) e Branco Oito Carreiras (OCB), Dente de Ouro Branco (DOB).

Tabela 21. Estimativas dos componentes das médias da capacidade específica de combinação por BLUP para a massa de cem grãos (MCG) mensurada em 60 híbridos intervarietais de milho.

Massa de cem grãos (MCG)											
*R	**Genótipos	G	U+G	Ganho (%)	NM	R	Genótipos	G	U+G	Ganho (%)	NM
1	AL25_x_PAM	6,02	43,72	8,82	43,72	31	DOR_x_BRSM	-0,24	37,46	1,18	38,51
2	AL30_x_473	2,18	39,89	6,01	41,80	32	DOR_x_BIO	-0,27	37,43	1,14	38,48
3	BRSM_x_OCB	2,14	39,85	5,05	41,15	33	BRSM_x_ARB	-0,30	37,40	1,09	38,44
4	PAM_x_OCB	2,09	39,79	4,56	40,81	34	473_x_ARB	-0,34	37,36	1,04	38,41
5	CAM_x_ARA	1,72	39,42	4,15	40,53	35	CR_x_ARA	-0,34	37,36	1,00	38,38
6	TAQ_x_OCB	1,31	39,01	3,78	40,28	36	AL25_x_ARB	-0,37	37,33	0,95	38,35
7	AL30_x_PAM	1,30	39,00	3,51	40,10	37	CAM_x_PAM	-0,42	37,28	0,91	38,32
8	PAM_x_AL25	1,27	38,97	3,30	39,96	38	CAM_x_BIO	-0,44	37,27	0,87	38,30
9	ARA_x_ARB	1,07	38,77	3,11	39,83	39	AL25_x_CAM	-0,47	37,23	0,83	38,27
10	DOR_x_PAM	0,97	38,67	2,94	39,71	40	DOR_x_473	-0,52	37,18	0,79	38,24
11	DOR_x_ARA	0,58	38,28	2,75	39,58	41	BRSM_x_PAM	-0,53	37,18	0,75	38,22
12	TAQ_x_CR	0,58	38,28	2,59	39,47	42	AL25_x_BRSM	-0,54	37,17	0,72	38,19
13	CR_x_OCB	0,53	38,23	2,45	39,38	43	AL30_x_DOB	-0,57	37,14	0,68	38,17
14	BIO_x_ARA	0,45	38,15	2,32	39,29	44	AL30_x_OCB	-0,57	37,13	0,65	38,14
15	PAM_x_CR	0,45	38,15	2,21	39,21	45	CAM_x_ARB	-0,59	37,11	0,61	38,12
16	TAQ_x_ARB	0,42	38,12	2,11	39,14	46	AL30_x_CR	-0,64	37,06	0,58	38,10
17	CAM_x_OCB	0,42	38,12	2,02	39,08	47	AL25_x_CR	-0,70	37,00	0,54	38,07
18	CR_x_BRSM	0,42	38,12	1,95	39,03	48	DOR_x_OCB	-0,81	36,89	0,51	38,05
19	CR_x_473	0,41	38,11	1,87	38,98	49	BRSM_x_BIO	-0,97	36,73	0,47	38,02
20	AL30_x_BRSM	0,39	38,09	1,81	38,94	50	AL30_x_AL25	-0,99	36,71	0,43	38,00
21	ARA_x_PAM	0,36	38,06	1,75	38,90	51	ARA_x_TAQ	-1,03	36,67	0,39	37,97
22	AL25_x_OCB	0,29	38,00	1,69	38,85	52	ARB_x_PAM	-1,20	36,50	0,35	37,94
23	AL25_x_ARA	0,22	37,92	1,63	38,81	53	AL25_x_TAQ	-1,22	36,48	0,31	37,91
24	AL25_x_DOR	0,17	37,87	1,57	38,77	54	PAM_x_473	-1,30	36,40	0,27	37,89
25	DOR_x_TAQ	0,06	37,76	1,51	38,73	55	DOR_x_ARB	-1,33	36,37	0,23	37,86
26	473_x_ARA	0,03	37,73	1,46	38,70	56	DOR_x_CR	-1,44	36,27	0,19	37,83
27	AL25_x_473	-0,01	37,69	1,40	38,66	57	473_x_OCB	-1,66	36,05	0,14	37,80
28	473_x_TAQ	-0,08	37,62	1,35	38,62	58	BRSM_x_TAQ	-1,66	36,05	0,10	37,77
29	473_x_CAM	-0,21	37,49	1,29	38,58	59	473_x_PAM	-1,71	36,00	0,05	37,74
30	PAM_x_BRSM	-0,22	37,48	1,24	38,55	60	BRSM_x_CAM	-2,16	35,54	0,00	37,70

* R: ranking de classificação; G: efeitos genéticos preditos; U+G: valor genético aditivo predito; ganho (%): percentual de ganho genético com a seleção; NM: nova média

**Genitores BRS 473 (473), AL 25 (AL25), AL 30 (AL30), Argentino Amarelo (ARA), Argentino Branco (ARB), Bico de Ouro (BIO), BRS Missões (BRSM), Cateto Amarelo (CAM), Caiano Rajado (CR), Dente de Ouro Roxo (DOR), BRS Pampeano (PAM), Taquarão (TAQ) e Branco Oito Carreiras (OCB), Dente de Ouro Branco (DOB).

Tabela 22. Estimativas dos componentes das médias da capacidade específica de combinação por BLUP para o rendimento de grãos (RG) mensurada em 60 híbridos intervarietais de milho.

Rendimento de Grãos (RG)											
R	Genótipos	G	U+G	Ganho (%)	Nova média	R	Genótipos	G	U+G	Ganho (%)	Nova média
1	TAQ_x_ARB	5542,8	12631,1	4,90	12631,1	31	AL30_x_BRSM	-214,1	6874,1	1,30	8555,7
2	CAM_x_PAM	5088,9	12177,2	4,70	12404,2	32	AL25_x_ARA	-409,0	6679,1	1,25	8497,1
3	AL25_x_OCB	4004,3	11092,5	4,32	11966,9	33	TAQ_x_OCB	-410,6	6677,6	1,20	8441,9
4	ARA_x_TAQ	3949,0	11037,3	4,11	11734,5	34	PAM_x_CR	-500,5	6587,6	1,15	8387,4
5	PAM_x_473	3634,5	10722,8	3,93	11532,2	35	DOR_x_PAM	-512,3	6575,8	1,10	8335,6
6	ARA_x_PAM	3098,5	10186,8	3,73	11307,9	36	AL25_x_TAQ	-538,7	6549,5	1,06	8286,0
7	DOR_x_BIO	2768,6	9856,9	3,55	11100,7	37	CAM_x_ARB	-571,6	6516,5	1,02	8238,2
8	BIO_x_ARA	2479,0	9567,2	3,38	10909,0	38	CR_x_BRSM	-687,9	6400,2	0,97	8189,8
9	AL30_x_DOB	2454,8	9543,1	3,25	10757,2	39	AL25_x_BRSM	-708,5	6379,7	0,93	8143,4
10	AL30_x_PAM	2331,3	9419,6	3,13	10623,4	40	AL25_x_ARB	-827,9	6260,3	0,89	8096,3
11	473_x_ARA	2250,6	9338,9	3,02	10506,7	41	CAM_x_BIO	-851,6	6236,6	0,85	8051,0
12	BRSM_x_PAM	1312,6	8400,9	2,87	10331,2	42	473_x_ARB	-883,6	6204,6	0,81	8007,0
13	PAM_x_BRSM	1248,3	8336,6	2,73	10177,8	43	CAM_x_ARA	-1056,8	6031,4	0,77	7961,1
14	AL25_x_PAM	1245,0	8333,3	2,62	10046,0	44	AL25_x_DOR	-1120,8	5967,4	0,73	7915,8
15	AL30_x_CR	991,7	8079,9	2,50	9914,9	45	DOR_x_ARA	-1160,3	5927,9	0,69	7871,6
16	BRSM_x_ARB	715,9	7804,1	2,38	9783,0	46	BRSM_x_BIO	-1293,5	5794,7	0,65	7826,4
17	473_x_TAQ	593,3	7681,6	2,27	9659,4	47	473_x_OCB	-1306,8	5781,4	0,61	7782,9
18	AL30_x_AL25	519,4	7607,7	2,17	9545,4	48	BRSM_x_TAQ	-1388,6	5699,5	0,58	7739,5
19	DOR_x_CR	452,5	7540,7	2,08	9439,9	49	PAM_x_AL25	-1396,0	5692,1	0,54	7697,7
20	CR_x_473	445,9	7534,2	2,00	9344,6	50	CR_x_OCB	-1427,6	5660,6	0,50	7657,0
21	PAM_x_OCB	246,4	7334,6	1,91	9248,9	51	CR_x_ARA	-1514,1	5574,1	0,47	7616,2
22	DOR_x_OCB	231,5	7319,7	1,83	9161,2	52	CAM_x_OCB	-1935,4	5152,8	0,43	7568,8
23	DOR_x_473	177,6	7265,9	1,76	9078,8	53	ARB_x_PAM	-2106,2	4982,0	0,38	7520,0
24	AL25_x_CR	139,4	7227,6	1,69	9001,7	54	BRSM_x_CAM	-2114,7	4973,5	0,34	7472,8
25	BRSM_x_OCB	96,3	7184,5	1,63	8929,0	55	AL25_x_473	-2268,7	4819,5	0,30	7424,6
26	AL30_x_OCB	95,9	7184,2	1,57	8861,9	56	473_x_PAM	-2302,9	4785,3	0,26	7377,4
27	ARA_x_ARB	15,3	7103,5	1,51	8796,8	57	AL30_x_473	-2684,0	4404,2	0,21	7325,3
28	473_x_CAM	-58,8	7029,4	1,46	8733,6	58	AL25_x_CAM	-3474,4	3613,7	0,15	7261,3
29	DOR_x_BRSM	-167,6	6920,6	1,40	8671,1	59	DOR_x_ARB	-5003,5	2084,7	0,08	7173,5
30	TAQ_x_CR	-197,6	6890,6	1,35	8611,8	60	DOR_x_TAQ	-5034,3	2053,8	0,00	7088,2

* R: ranking de classificação; G: efeitos genéticos preditos; U+G: valor genético aditivo predito; ganho (%): percentual de ganho genético com a seleção; NM: nova média

**Genitores BRS 473 (473), AL 25 (AL25), AL 30 (AL30), Argentino Amarelo (ARA), Argentino Branco (ARB), Bico de Ouro (BIO), BRS Missões (BRSM), Cateto Amarelo (CAM), Caiano Rajado (CR), Dente de Ouro Roxo (DOR), BRS Pampeano (PAM), Taquarão (TAQ) e Branco Oito Carreiras (OCB), Dente de Ouro Branco (DOB).

7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O milho (*Zea mays* L.) apresenta-se imprescindível no cenário agrícola, social e econômico, tanto no âmbito mundial como brasileiro. Sua relevância é decorrente das inúmeras aptidões que esta cultura apresenta, desde a alimentação animal, produção de silagem, elaboração de concentrados e rações, produção de biocombustíveis, alimentação humana *in natura*, matéria prima para a obtenção de amidos, farinhas, canjicas, pães, bebidas e mingaus. Esta ampla aplicabilidade e importância fez com que o milho fosse o foco de inúmeras pesquisas em melhoramento genético que visam maximizar os principais atributos agrônômicos de interesse.

No entanto, a crescente demanda mundial por mais alimento e de alta qualidade nutricional, direciona os melhoristas a desenvolver dinâmicas de melhoramento que priorizem não somente o incremento da produtividade de grãos, mas também os constituintes nutricionais dos grãos do milho. Desta forma, a biofortificação de alimentos preconiza incrementar o teor de determinado nutriente no alimento por meio do melhoramento genético, sendo esta uma ferramenta eficaz para incrementar a fração proteica dos grãos, os compostos bioativos, micronutrientes e os aminoácidos.

O desenvolvimento deste trabalho permitiu identificar fontes alternativas de variabilidade genética, características morfológicas e fisiológicas com potencial de serem indicativos de um genótipo superior, possibilitou compreender a dinâmica de melhoramento, a obtenção de linhagens e híbridos com bases genéticas distintas. Durante o desenvolvimento desta pesquisa foi possível compreender as tendências genéticas aditivas e não aditivas, as manifestações fenotípicas e os efeitos do ambiente de cultivo, para então, revelar a comunidade científica as ações alélicas e gênicas, as capacidades combinatórias entre genitores e os efeitos da heterose para

caracteres morfológicos, componentes do rendimento de grãos, compostos bioativos, micronutrientes e aminoácidos.

Estas informações permitirão aos programas de melhoramento genético do milho e afuturos estudos de genética quantitativa, direcionar seus objetivos baseados em premissas e parâmetros obtidos neste trabalho. Ao efetuar esta pesquisa foi possível apresentar as principais dinâmicas e estratégias envolvidas no melhoramento genético do milho, evidenciando a aplicabilidade de modelos biométricos univariados e multivariados com intuito de incrementar os componentes do rendimento e a biofortificação dos grãos do milho.

O primeiro estudo (Capítulo I) possibilitou determinar os componentes de variância e parâmetros genéticos que mais influenciam a interação genótipos x ambientes para os caracteres diâmetro da espiga, número de fileiras de grãos da espiga e diâmetro do sabugo. Sendo possível definir quais componentes do rendimento do milho são associados de forma fenotípica, genética e suas respostas frente ao ambiente. Elencou-se como estratégia de seleção indireta multivariada para incrementar o rendimento de grãos, a seleção de plantas prolíficas, com espigas de maior diâmetro e maior número de grãos por fileira da espiga.

A realização do segundo estudo (Capítulo II) envolvendo a interação genótipos x ambientes de cultivo, permitiu inferir que o incremento da proteína bruta nos grãos do milho é inversamente proporcional a produtividade de grãos e plantas com elevada estatura. Da mesma forma, identificou-se os ambientes de cultivo favoráveis para a expressão da maior fração proteica nos grãos do milho, bem como, possibilitou selecionar genótipos estáveis para este atributo independente do ambiente de cultivo.

O terceiro estudo (Capítulo III) definiu associações lineares altas e positivas entre a largura e a massa de cem sementes, entre os radicais antioxidantes DPPH e ABTS, e através do micronutriente manganês e o zinco. Definiu-se que em cruzamentos intervarietais os parâmetros genéticos determinaram que a relação progênie e o pai-médio é superior para o comprimento, largura e acidez da semente, fenóis totais e teor de cobre. Identificou-se que os caracteres acidez das sementes, radical antioxidante DPPH e teor de cobre evidenciam elevada herdabilidade com sentido amplo, entretanto, os caracteres comprimento, largura e a acidez das sementes, carotenoides e o conteúdo de sódio expressam superioridade para o parâmetro herdabilidade com sentido restrito. Os caracteres espessura e coloração das sementes, fenóis totais, radical antioxidante ABTS e zinco são incrementados através dos efeitos da heterose intervarietal.

O melhoramento utilizando progênie de meios-irmãos (Capítulo IV) revelam maior contribuição genética aditiva para a expressão fenotípica através da largura e espessura do grão, teor de ferro, flavonoides e carotenoides totais, sólidos solúveis e o aminoácido metionina. A herdabilidade com sentido restrito entre e dentro das progênie foi superior para o teor de manganês, glicina, prolina e triptofano. Independente da linhagem endogâmica S₅ utilizada, ganhos por heterose são obtidos para a altura de inserção da espiga, número de fileiras de grãos da espiga, diâmetro do sabugo, teor de zinco, carotenoides totais, sólidos solúveis e pH. Efeitos da heterose específica foram evidenciados para o rendimento de grãos, glicina, serina, treonina e fenilalanina. A utilização de uma abordagem multivariada definiu oito perfis de caracteres quanto a sua tendência genética e determina que a distinção entre os perfis é oriunda da herdabilidade com sentido restrito da média das progênie. Estes parâmetros genéticos obtidos são imprescindíveis e aplicáveis

ao melhoramento genético e podem auxiliar nas estratégias de seleção dos componentes do rendimento e nutricionais do milho.

As estratégias de melhoramento visando a obtenção de híbridos intervarietais (Capítulo V) identificou que os genitores paternos e a fração genética aditiva são determinantes ao índice relativo para o volume do grão, e a herdabilidade com sentido restrito apresenta-se intermediária para este caráter. A massa de cem grãos e o rendimento de grãos são definidos pela capacidade específica de combinação e genitores maternos que revelam baixa herdabilidade com sentido restrito. A seleção do genitor materno Taquarão e paterno Argentino Amarelo obtém as melhores capacidades gerais de combinação para os caracteres mensurados. A capacidade específica de combinação são expressas para os cruzamentos AL 25 x Dente de Ouro Roxo, AL 25 x BRS Pampeano e Taquarão x Argentino Branco. As estimativas e predições genéticas são consistentes e aplicáveis a programas de melhoramento genético e futuros estudos de genética quantitativa de milho.

VITAE

Ivan Ricardo Carvalho, nascido em 25/03/1990 em Tapera – RS. Ingressou no curso de Engenharia Agrônômica em 2009 na Universidade Federal de Santa Maria campus de Frederico Westphalen. Foi estagiário do Laboratório de Melhoramento Genético e Produção de Plantas – UFSM, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - USP, Agroplanta, KSP Sementes e Pesquisa LTDA, Fazenda Rodrigo Neto, Advanta Sementese Limagrain Guerra. Formou-se Engenheiro Agrônomo em fevereiro de 2014. Em março de 2014 iniciou o mestrado no Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Agricultura e Ambiente (UFSM), sob a orientação do Professor Dr. Velci Queiróz de Souza, defendendo a dissertação intitulada “Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético de Trigo Duplo Propósito” em março de 2015. Na mesma ocasião ingressou no Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de Fitomelhoramento da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM) da Universidade Federal de Pelotas (UFPel) ao nível de doutorado sob a orientação do Professor Dr. Luciano Carlos da Maia. Ao longo deste período vem desenvolvendo trabalhos relacionados a experimentação agrícola e ao melhoramento vegetal voltados as principais culturas agrícolas. Durante sua vida acadêmica tem publicado na qualidade de autor e coautor 158 artigos científicos, três livros, 42 capítulos de livros, 107 resumos, têm co-orientações de mestrado e iniciação científica.