

## Predição de valores genotípicos via REML/BLUP e análise de trilha em famílias de meios-irmãos de milho

Saulo Naves Araújo do Prado Mascarenhas<sup>1\*</sup>, Ísis Fernanda de Almeida<sup>2</sup>, Ramon Vinícius de Almeida<sup>3</sup>, Bruno Rodrigues Costa Pinto<sup>1</sup>, Gabriel Aragão Fernandes<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Discente em Engenharia Agrônoma do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Triângulo Mineiro, Uberlândia, Brasil. <sup>2</sup>Professora do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Triângulo Mineiro, Uberlândia, Brasil. <sup>3</sup>Professor do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Triângulo Mineiro, Uberaba, Brasil. <sup>4</sup>Doutorando em Agronomia pela Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Brasil. \*[isis@iftm.edu.br](mailto:isis@iftm.edu.br)

Recebido em: 24/06/2024

Aceito em: 18/01/2025

Publicado em: 10/05/2025

DOI: <https://doi.org/10.29327/269504.7.1-10>

### RESUMO

O cultivo de milho é de significativa relevância para a segurança alimentar e econômica. Este estudo teve como objetivo avaliar o ganho genético entre progênies de meios-irmãos de milho, em primeiro ciclo de seleção recorrente, através da metodologia REML/BLUP, assim como entender a relação entre as características agrônomicas usando a análise de trilha. O experimento foi conduzido no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Triângulo Mineiro – *Campus* Uberlândia. Foram avaliados os caracteres agrônomicos: altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AIE), diâmetro de colmo (DC), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE) e peso de grãos (PG). Os resultados indicaram diferenças significativas para os caracteres CE, DE e PG. Observou-se um alto coeficiente de variação genética (CVg) para os caracteres CE, PG e DE, sendo que apenas DE apresentou um coeficiente de variação relativa (CVr) maior que a unidade. A metodologia REML/BLUP foi eficiente na estimação dos parâmetros genéticos apresentando altos valores de acurácia e estimativas de ganhos promissoras, na ordem de 24,07%, 21,88% e 18,23% para CE, PG e DE, respectivamente. A análise de trilha revelou a possibilidade de ganhos indiretos em PG por meio de CE.

**Palavras-chave:** Correlação genética. Modelos mistos. Progresso genético.

## Prediction of genotypic values via REML/BLUP and path analysis in maize half-sib families

### ABSTRACT

Maize has significant relevance to food and economic security. Plant breeding programs have been used to promote genetic and productive gains in this culture. The study aimed to evaluate the genetic gain between maize half-sib families, in the first cycle of recurrent selection, using the REML/BLUP methodology. Path analysis was also performed in order to understand the relationship between the agronomic traits. The experiment was conducted at the Federal Institute of Education, Science and Technology of Triângulo Mineiro – *Campus* Uberlândia. The agronomic traits evaluated were plant height (AP), ear insertion height (AIE), stem diameter (DC), ear length (CE), ear diameter (DE) and grain weight (PG). The results indicated significant differences only for the traits CE, DE and PG. A high coefficient of genetic variation (CVg) was observed for the traits CE, PG and DE, with only DE presenting a coefficient of relative variation (CVr) above one. The REML/BLUP methodology demonstrated high accuracy values, and the estimates of gains were promising, with values of 24,07%, 21,88% e 18,23% for CE, PG and DE, respectively. Path analysis revealed the possibility of indirect gains in PG through CE.

**Keywords:** Genetic correlation. Mixed models. Genetic progress.

## INTRODUÇÃO

O milho está entre as principais culturas de importância socioeconômica mundial, uma vez que é insumo para a elaboração de diversos produtos que englobam desde a alimentação animal até a indústria de alta tecnologia (CONAB, 2022). Em virtude do aumento da demanda mundial deste cereal, a exploração da variabilidade do milho por meio do melhoramento vegetal possibilitou a obtenção de genótipos com maior produtividade e adaptabilidade em diversas regiões do mundo (MUKRI et al., 2022).

Entre os métodos de melhoramento mais utilizados para esta espécie, pode-se citar a seleção recorrente entre e dentro de famílias de meios-irmãos que, de modo geral, tendem a produzir variedades com menor produtividade em relação aos híbridos comerciais. Por outro lado, esses mesmos genótipos demonstram uma maior capacidade de adaptação, além de atenderem a demanda de pequenos produtores, que frequentemente preferem adquirir sementes de menor custo (BORÉM, 2021).

Um dos desafios do melhoramento é a acurada estimação dos parâmetros genéticos e dos componentes de variância para que a seleção genotípica seja realizada com eficiência. Para isto, vários métodos têm sido propostos no contexto de modelos fixos e mistos. Neste último, destaca-se o preditor BLUP (melhor preditor linear não viesado), o qual tem sido comprovado superior por ser mais completo e conduzir à maximização do ganho genético por ciclo de seleção (RESENDE, 2007).

Uma questão que surge na utilização do BLUP é que os componentes de variância genéticos e não genéticos não são conhecidos previamente, sendo necessário, portanto, sua estimação. Estes componentes, geralmente, são estimados pelo emprego do método mínimos quadrados ordinários, que possui a desvantagem de não apresentar características ótimas em situação de dados não balanceados, requer suposições menos realistas e não considera as covariâncias existentes entre os indivíduos avaliados (HENDERSON, 1984). Uma forma de se contornar essas falhas, seria a aplicação de outros métodos que excluam tais possibilidades, como o método da máxima verossimilhança restrita (REML) (Resende, 2002). Vários estudos, em diferentes culturas, têm demonstrado a eficiência do REML/BLUP na promoção de ganho genético (FERREIRA et al., 2020; KRAUSE et al., 2021; TAJALIFAR; RASOOLI, 2022).

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi estudar o potencial de ganho genético de uma população de meios-irmãos de milho, em um programa de seleção recorrente intrapopulacional, aplicando-se a técnica de análise REML/BLUP. Assim como, avaliar relações entre características agronômicas através da análise de trilha.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Triângulo Mineiro – *Campus* Uberlândia. O clima do local, segundo Koppën, é do tipo tropical quente e úmido, com precipitação anual média de 1500 mm e temperatura média de 21°C. Em março de 2023, foram semeados seis híbridos comerciais, sendo que eles foram acasalados ao acaso, gerando um conjunto de seis famílias de meios-irmãos. O experimento foi realizado em parcelas experimentais compostas por duas fileiras de 5,0 m de comprimento, espaçadas em 0,7 m, com 0,2 m entre plantas, totalizando 50 plantas por parcela. O experimento contou com quatro repetições, onde avaliou-se todas as plantas da parcela. Os tratos culturais foram aqueles recomendados para a cultura.

As características avaliadas foram: altura de planta (AP), medida do nível do solo a inserção da folha bandeira em cm; altura de inserção da primeira espiga (AIE), medida do nível do solo à inserção da espiga superior em cm; diâmetro de colmo (DC), realizou-se a medição com auxílio de um paquímetro digital, medindo o colmo na região abaixo da primeira espiga; comprimento de espiga (CE), em centímetros, medida com uma régua, do pedúnculo até a base superior da espiga; diâmetro de espiga (DE), realizou-se a medição com auxílio de um paquímetro digital, medindo na região central da espiga; peso de grãos (PG), pesando todas as sementes da espiga debulhada, com auxílio de uma balança de precisão. Para o caráter PG, houve a correção de umidade para 14%, de acordo com a fórmula:  $P_{14\%} = P_c (1 - U)/0,86$  (1) onde  $P_{14\%}$  - peso corrigido para 14% de umidade;  $P_c$  – peso de campo observado do caráter por parcela; e  $U$  – umidade do grão observado em cada parcela, expresso em decimais.

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos foram estimados através da metodologia REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction*), através do programa SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2007), aplicando-se o seguinte modelo:  $y = Xr + Za + Wp + e$  (2), onde  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $a$  é o

vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela, e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).  $X$ ,  $Z$  e  $W$  são as respectivas matrizes de incidência.

Foram realizadas análises de deviance (ANADEV) a fim de se testar a significância dos componentes de variância conforme os efeitos aleatórios do modelo. Por meio dos componentes de variância empregou-se o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que a significância do modelo foi avaliada pelo teste qui-quadrado a um grau de liberdade, a 5% de probabilidade. Os componentes de variância estimados foram:  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva,  $\sigma_e^2$  = variância ambiental e  $\sigma_p^2$  = variância de parcela. Já os parâmetros genéticos obtidos foram a herdabilidade no sentido restrito ( $h_a^2$ ); coeficiente de variância genético entre progênies (CV<sub>gp</sub>), coeficiente de variação relativa (CV<sub>r</sub>) e a acurácia de seleção, a qual foi obtida por meio da fórmula:  $r_{gg} = \sqrt{1 - PEV/\sigma_g^2}$  (3) em que: PEV é a variância do erro dos valores genotípicos e  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica (RESENDE; DUARTE, 2007).

Foi realizada a seleção de vinte cinco indivíduos superiores, entre e dentro das famílias de meios-irmãos, através do valor genético predito. Também foi realizada a análise de trilha com o intuito de estabelecer as relações de causalidade entre as características, conforme descrito na literatura (CRUZ et al., 2012).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pôde-se observar significância através da razão de verossimilhança para as características agronômicas: comprimento de espiga (CE), peso de grãos (PG) e diâmetro da espiga (DE) (Tabela 1). A presença de variabilidade genética para estas características em primeiro ciclo aponta para a possibilidade de ganhos genéticos em ciclos porvindouros. As demais características produtivas, como altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AIE) e diâmetro do colmo (DC), não foram significativas, segundo o teste realizado.

**Tabela 1** - Análise de deviance e estimativa dos parâmetros genéticos para as características agronômicas: comprimento de espiga (CE), peso de grãos (PG) e diâmetro da espiga (DE).

|          | Análise de deviance |        |                   |          |        |        |          |       |       |
|----------|---------------------|--------|-------------------|----------|--------|--------|----------|-------|-------|
|          | CE                  |        |                   | PG       |        |        | DE       |       |       |
|          | Deviance            | LRT    | CV <sup>(1)</sup> | Deviance | LRT    | CV     | Deviance | LRT   | CV    |
| Genótipo | 1142,90             | 63,34* | 3,85              | 3098,51  | 10,82* | 195,82 | 1705,15  | 63,3* | 22,98 |
| Parcela  | 1080,23             | 0,02   | 0,01              | 3088,25  | 0,56   | 10,54  | 1641,86  | 0,01  | 0,05  |
| Resíduo  | -                   | -      | 2,19              | -        | -      | 634,30 | -        | -     | 3,46  |

|                 |                      |         |         |
|-----------------|----------------------|---------|---------|
| Modelo completo | 1080,21              | 3087,69 | 1641,85 |
|                 | Parâmetros Genéticos |         |         |
|                 | CE                   | PG      | DE      |
| $h_a^2$         | 0,64                 | 0,24    | 0,87    |
| Acurácia        | 0,87                 | 0,70    | 0,90    |
| CVgp            | 6,63                 | 11,16   | 6,15    |
| CVe             | 7,66                 | 22,87   | 5,87    |
| CVr             | 0,87                 | 0,49    | 1,04    |
| Média           | 14,79                | 62,71   | 38,96   |

\*Significativo a 5% pelo teste Qui-Quadrado

Foram observados baixo valor de herdabilidade em sentido restrito ( $h_a^2$ ) para PG, e altos para CE e DE, segundo Hallauer e Miranda Filho (1995), que classificam  $h^2 > 0,70$  como alta, e  $h^2 < 0,30$  como baixa, na cultura do milho. Valores intermediários de herdabilidade foram identificados para CE e DE por Silva et al. (2023), tanto em primeiro quanto em segundo ciclo de seleção recorrente em milho. De acordo com os autores, este resultado seria devido a uma elevada influência ambiental e baixa variabilidade genética. Por outro lado, elevada magnitude de CE (0,92) foi identificada por Nascimento et al. (2023) ao avaliarem famílias de meios-irmãos de milho tradicional em seleção recorrente. Neste cenário, maiores progressos genéticos são esperados, uma vez que este parâmetro representa a fração genética herdável na expressão do fenótipo, atuando como um filtro que determina a eficiência com que uma população pode responder ao melhoramento genético.

Observou-se que a herdabilidade de PG foi inferior à dos estudos de Silva et al. (2023) e Nascimento et al. (2023), citados anteriormente. Segundo Kebede et al. (2016), a maioria dos caracteres agrônômicos em milho são de herança complexa e influenciada por vários genes interagindo com as diferentes condições ambientais. Com isso, possivelmente, os altos valores de variação ambiental observados podem ter conduzido a um baixo valor de herdabilidade para esta característica. Ainda segundo Farias Neto e Resende (2001), baixas estimativas de herdabilidade também podem estar associadas à estreita base genética da população, que neste caso foi proveniente do cruzamento de seis híbridos. A ampla variação observada nas estimativas de herdabilidade das características em estudo são aceitáveis, já que é um valor mutável de acordo com fatores fenotípicos, genotípicos e ambientais (PAULAN; PUPIN, 2019).

Valores de CVgp (coeficiente de variação genético entre progênes) superiores a 5% são considerados elevados (PANDEY et al., 2017), desta forma, todas características apresentaram alta magnitude para este parâmetro, com destaque para PG,

que alcançou 11,16%. O CV<sub>gp</sub> é um indicador da variabilidade genética do caráter dentro da população, de forma que valores elevados podem conduzir a progressos significativos com a seleção. Em contrapartida, o menor valor de CV<sub>r</sub> (coeficiente de variação relativa) foi observado para este mesmo caráter, apontando que ele foi o mais penalizado em relação à influência da variação ambiental, assim como o observado para a herdabilidade. Sendo o CV<sub>r</sub> um indicativo entre a proporção da variância genética em relação ao erro residual (CV<sub>g</sub>/CV<sub>e</sub>), tem-se que o caráter DE seria o mais beneficiado durante o processo de seleção, pois foi o único que apresentou valor maior que a unidade.

A metodologia REML/BLUP apresentou altos valores de acurácia ( $r_{\hat{g}g} \geq 70$ ), segundo critérios estabelecidos por Resende e Duarte (2007), ressaltando uma alta correlação entre o valor genotípico verdadeiro e o valor estimado. Os mesmos autores afirmam que acurácia igual ou acima de 0,90 só é possível para caracteres com alta herdabilidade, corroborando com o observado para DE. Baretta et al., (2017) também observaram altos valores de acurácia seletiva, que variaram entre 0,88 e 0,98, ao estimar os parâmetros genéticos em populações de milho crioulo via REML/BLUP, afirmando que estes valores demonstram que o procedimento foi preciso para prever os valores genotípicos que retratam os verdadeiros valores dos indivíduos.

Ao se praticar a seleção de vinte e cinco indivíduos superiores, entre e dentro das famílias de meios irmãos, observou-se que as progênies advindas, principalmente, dos híbridos 2 para CE, dos híbridos 1 e 2 para PG e 4 para DE, se destacaram. Este resultado demonstra a possibilidade de utilização dos referidos genótipos para o melhoramento genético, uma vez que concentram alelos favoráveis para esse conjunto de características (Tabela 2).

**Tabela 2** - Estimativa dos valores genotípicos (u+a) e nova média para as características agronômicas comprimento de espiga (CE), peso de grãos (PG) e diâmetro da espiga (DE) das diferentes famílias de meios-irmãos.

| Híbrido | CE    |            | Híbrido | PG    |            | Híbrido | DE    |            |
|---------|-------|------------|---------|-------|------------|---------|-------|------------|
|         | u+a   | Nova média |         | u+a   | Nova média |         | u+a   | Nova média |
| 2       | 18,68 | 18,68      | 1       | 83,06 | 83,06      | 4       | 49,69 | 49,69      |
| 2       | 18,67 | 18,67      | 2       | 81,88 | 82,47      | 4       | 48,85 | 49,27      |
| 2       | 18,63 | 18,66      | 2       | 81,75 | 82,23      | 4       | 48,07 | 48,87      |
| 2       | 18,44 | 18,60      | 1       | 81,26 | 81,98      | 4       | 47,81 | 48,60      |
| 2       | 18,33 | 18,55      | 1       | 80,87 | 81,76      | 4       | 47,73 | 48,43      |
| 2       | 18,32 | 18,51      | 1       | 80,32 | 81,52      | 4       | 47,37 | 48,25      |

|   |       |       |   |       |       |   |       |       |
|---|-------|-------|---|-------|-------|---|-------|-------|
| 2 | 18,31 | 18,48 | 1 | 80,00 | 81,30 | 4 | 47,35 | 48,12 |
| 2 | 18,28 | 18,46 | 2 | 79,35 | 81,06 | 4 | 47,33 | 48,02 |
| 2 | 18,24 | 18,43 | 2 | 79,28 | 80,86 | 4 | 47,09 | 47,92 |
| 2 | 18,12 | 18,40 | 2 | 79,22 | 80,70 | 4 | 46,73 | 47,80 |
| 2 | 18,12 | 18,37 | 4 | 78,71 | 80,52 | 4 | 46,53 | 47,69 |
| 2 | 18,10 | 18,35 | 1 | 77,76 | 80,29 | 4 | 46,50 | 47,59 |
| 2 | 18,08 | 18,33 | 2 | 77,42 | 80,07 | 6 | 46,40 | 47,49 |
| 2 | 17,97 | 18,30 | 4 | 77,24 | 79,87 | 4 | 46,28 | 47,41 |
| 2 | 17,94 | 18,28 | 2 | 77,18 | 79,69 | 4 | 46,18 | 47,33 |
| 2 | 17,94 | 18,26 | 1 | 77,11 | 79,53 | 4 | 45,99 | 47,24 |
| 2 | 17,92 | 18,24 | 2 | 77,05 | 79,38 | 4 | 45,76 | 47,16 |
| 2 | 17,90 | 18,22 | 1 | 77,03 | 79,25 | 4 | 45,71 | 47,07 |
| 2 | 17,88 | 18,20 | 2 | 76,87 | 79,12 | 1 | 45,53 | 46,99 |
| 2 | 17,86 | 18,19 | 2 | 76,84 | 79,01 | 1 | 45,43 | 46,92 |
| 2 | 17,83 | 18,17 | 1 | 76,76 | 78,90 | 1 | 45,35 | 46,84 |
| 2 | 17,82 | 18,15 | 2 | 76,54 | 78,80 | 2 | 45,28 | 46,77 |
| 2 | 17,81 | 18,14 | 2 | 76,41 | 78,69 | 3 | 45,26 | 46,70 |
| 2 | 17,79 | 18,12 | 1 | 75,98 | 78,58 | 3 | 45,23 | 46,64 |
| 2 | 17,79 | 18,11 | 4 | 75,83 | 78,47 | 4 | 45,21 | 46,59 |

A nova média individual genotípica (Tabela 2) foi obtida somando-se cada efeito genotípico aditivo predito à média geral do experimento, de forma que o ganho com a seleção, ao se considerar esta média, é de 24,07%, 21,88% e 18,23% para CE, PG e DE, respectivamente. Estes valores são considerados promissores, pois são um indicativo da proporção do valor genético que é manifestado em cada característica e que pode ser transmitido para a próxima geração. São também superiores aos relatados por alguns autores, como Oliveira et al., (2021) que obtiveram ganhos de 4,38% e 4,31% para CE e DE ao aplicar a seleção recorrente para famílias de meios irmãos de milho crioulo adaptados à região nordeste. Da mesma forma, o ganho para PG excede o valor encontrado por Candido et al. (2020), que identificou ganho genético de 6,10% em seu estudo com produtividade de milho verde via modelos mistos. Assim como verificado neste estudo, Agyeman e Ewool (2022) relataram que também foi possível recomendar os melhores genótipos em famílias de meio-irmãos de milho tradicional através de valores genotípicos, pois suas estimativas advêm da fração genética e estão livres da interação com o ambiente.

Ao se explorar o grau de associação existente entre os caracteres agronômicos, através da análise de trilha, observou-se elevado efeito direto de CE sobre PG (0,83) (Tabela 3). Este achado concorda com o trabalho de Silva et al. (2023), que também

observaram uma correlação positiva de 0,45 para as estas características, porém diverge em relação à correlação entre CE e DE observada neste estudo, que foi de ordem inversa e de baixa magnitude (-0,28). Mesmo ao se considerar os efeitos indiretos de CE via DE sobre PG, que são de ordem negativa, ainda se tem uma adequada correlação final entre essas duas características (0,64), tornando viável a obtenção de ganhos indiretos em PG através da seleção em CE. Resultado semelhante foi relatado por Grespan et al. (2023), que verificou um efeito indireto de DE em CE de -0,006 sobre a característica produtividade de grãos. DE também apresentou efeitos diretos elevados sobre PG, no entanto, devido à sua correlação negativa com CE, sua influência final sobre PG se tornou de menor magnitude, tornando CE uma característica mais atrativa ao se buscar ganhos indiretos em PG.

**Tabela 3** - Análise de trilha dos efeitos diretos e indiretos de comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE) sobre peso de grãos (PG).

| Efeitos diretos e indiretos    |       |
|--------------------------------|-------|
| Variável                       | CE    |
| Efeito direto sobre PG         | 0,83  |
| Efeito indireto via DE         | -0,19 |
| Total                          | 0,64  |
| Variável                       | DE    |
| Efeito direto sobre PG         | 0,69  |
| Efeito indireto via CE         | -0,23 |
| Total                          | 0,46  |
| Correlação total entre CE e DE |       |
| Total                          | -0,28 |

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

As características produtivas comprimento de espiga (CE), peso de grão (PG) e diâmetro de espiga (DE) foram significativas.

A população apresentou elevado coeficiente de variação genética para os caracteres CE, PG e DE, no entanto, apenas em DE obteve-se um coeficiente de variação relativa maior que a unidade.

A metodologia REML/BLUP foi eficiente na estimação dos parâmetros genéticos apresentando altos valores de acurácia.

São esperados ganhos 24,07%, 21,88% e 18,23% para CE, PG e DE, respectivamente.

De acordo com a análise de trilha, pode-se obter ganhos indiretos em PG através de CE.

## AGRADECIMENTOS

Ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Triângulo Mineiro pelos recursos e suportes fornecidos.

## REFERÊNCIAS

AGYEMAN, A.; EWOOL, M. Genotype by environment interaction analysis of grain yield and yield components in provitamin A maize. **Journal of Crop Improvement**, v. 36, n. 1, p. 1-24, 2022. doi: <https://doi.org/10.1080/15427528.2021.1895402>.

BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; PELEGRIN, A. J. de.; FERRARI, M.; SZARESKI, V. J.; BARROS, W. S.; SOUZA, V. Q. de.; OLIVEIRA, A. C. de.; MAIA, L. C. da. Estimates of genetic parameters and genotypic values prediction in maize landrace populations by REML/BLUP procedure. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, p. 1-14, 2017. doi: <https://doi.org/10.4238/gmr16029715>.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. São Paulo, SP: Oficina de textos, 2021.

CANDIDO, W. D. S.; MACHADO E SILVA, C.; COSTA, M. L.; SILVA, B. E. de. A.; ALMEIDA, P. H. S.; COELHO, I. F.; REIS, E. F. dos. Selection of top cross hybrids for green maize yield via REML/Blup method. **Australian Journal of Crop Science**, v. 14, n. 1, p. 172-178, 2020. doi: <https://doi.org/10.21475/ajcs.20.14.01.p2061>.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Perspectiva para a Agropecuária**, Brasília, DF, v. 10, safra 2022/23, 1-151, 2022. Disponível em: [https://www.conab.gov.br/perspectivas-para-a-agropecuaria/item/download/44136\\_862303a30c770d51e6d6e8d8c33539eb](https://www.conab.gov.br/perspectivas-para-a-agropecuaria/item/download/44136_862303a30c770d51e6d6e8d8c33539eb). Acesso em: 24 jun. 2024.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012.

FARIAS NETO, J. T. D.; RESENDE, M. D. V. de. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001. doi: <https://doi.org/10.1590/S0100-29452001000200024>.

FERREIRA, J. A.; GONÇALVES, G. M. B.; CREVELARI, J. A.; VETTORAZZI, J. C. F.; GONÇALVES, V. M. L.; DURÃES, N. N. L.; VIANA, A. P.; PEREIRA, M. G. Genetic progress in maize from advanced cycles of reciprocal recurrent selection through REML/BLUP. **Australian Journal of Crop Science**, v. 14, n. 8, p. 1295-1301, 2020. doi: <https://doi.org/10.21475/ajcs.20.14.08.p2562>.

GRESPLAN, D. S.; ZUFFO, A. M.; REGO, M. da. S.; DOS SANTOS, J. C.; SILVA, F. C. dos. S.; BARROZO, L. M. Correlações e Análise de Trilha em Caracteres Agronômicos de Híbridos de Milho Segunda Safra Cultivados em Balsas-MA. **Ensaios e Ciência C Biológicas Agrárias e da Saúde**, v. 27, n. 1, p. 49-54, 2023. doi: <https://doi.org/10.17921/1415-6938.2023v27n1p49-54>.

HALLAUER A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2. ed. Iowa State University Press. Ames, Iowa. 1995.

- HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.
- KEBEDE, A. Z.; WOLDEMARIAM, T.; REID, L. M.; HARRIS, L. J. Quantitative trait loci mapping for Gibberella ear rot resistance and associated agronomic traits using genotyping-by-sequencing in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 129, p. 17-29, 2016. doi: <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2600-3>.
- KRAUSE, D. P.; FACHI, L. R.; DALBOSCO, E. Z.; CAMPOS, T. N. V.; FREITAS, A. P.; LIMA, K. S.; KRAUSE, W. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de maracujazeiro via metodologia REML/BLUP. **Scientific Electronic Archives**, v. 14, n. 5, p. 12-18, 2021. doi: <https://doi.org/10.36560/14520211268>.
- MUKRI, G.; PATIL, M. S.; MOTAGI, B. N.; BHAT, J. S.; SINGH, C.; KUMAR, S. P. J.; GADAG, N.; GUPTA, N. C.; SIMAL-GANDARA, J. Genetic variability, combining ability and molecular diversity based parental line selection for heterosis breeding in field corn (*Zea mays* L.). **Molecular Biology Reports**, v. 49, p. 1-8, 2022. doi: <https://doi.org/10.1007/s11033-022-07295-3>.
- NASCIMENTO, L. D. O.; DOS SANTOS, V. B.; MESQUITA, F. R.; DA COSTA, J. S.; DE LIMA, A. F. B.; CRUZ, C. D.; RESENDE, M. D. V. de. Parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos via REML/BLUP em famílias de meios-irmãos de milho tradicional. **Scientia Naturalis**, v. 5, n. 2, p. 509-523, 2023. doi: <https://doi.org/10.29327/269504.5.2-3>.
- OLIVEIRA, M. L.; LUZ, L. N. da.; JULIÃO, A. K. de. S.; LIMA, A. F. da. S. L.; GOUVEIA, F. A. de. L.; GADELHA, M. T. Maize breeding for sustainable agricultural systems. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 16, n. 4, p. 338-344, 2021. doi: <https://doi.org/10.18378/rvads.v16i4.8507>.
- PANDEY, Y.; VYAS, R. P.; KUMAR, J.; SINGH, L.; SINGH, H. C.; YADAV, P. C. Heritability, correlation and path coefficient analysis for determining interrelationships among grain yield and related characters in maize (*Zea mays* L.). **International Journal of Pure and Applied Bioscience**, v. 5, n. 2, p. 595-603, 2017. doi: <https://doi.org/10.18782/2320-7051.2921>.
- PAULAN, S. D. C.; PUPIN, S. **Genética e Melhoramento de Plantas e Animais**. Londrina, PR: Editora e distribuidora Educacional S.A, 2019.
- RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação tecnológica, 2002. 975p.
- RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. 2. ed. Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2007.
- 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.
- SILVA, É. M.; GUEDES, M. L.; CRISPIM FILHO, A. J.; CIAPPINA, A. L.; REIS, E. F. dos.; RESENDE, M. P. M. Genetic parameters and selection for multiple traits in recurrent selection populations of maize. **Revista Ceres**, v. 70, p. 81-90, 2023. doi: <https://doi.org/10.1590/0034-737x202370030009>.
- TAJALIFAR, M.; RASOOLI, M. Importance of BLUP method in plant breeding. **Journal of Plant Science and Phytopathology**, v. 6, n. 2, p. 040-042, 2022. doi: <https://doi.org/10.29328/journal.jpssp.1001072>.