

Sete Lagoas, MG  
Agosto, 2023

# Seleção de genótipos de milho tropical com menor incidência de fumonisinas em grãos e alta produtividade via predição genômica

Jeniffer Santana Pinto Coelho Evangelista  
Saulo Fabrício da Silva Chaves  
Leonardo Lopes Bhering  
Valéria Aparecida Vieira Queiroz  
Dagma Dionísia da Silva  
Lauro José Moreira Guimarães  
Kaio Olimpio das Graças Dias  
Maria Marta Pastina



# Seleção de genótipos de milho tropical com menor incidência de fumonisinas em grãos e alta produtividade via predição genômica<sup>1</sup>

## Introdução

A demanda global por alimentos e matéria-prima exige dos programas de melhoramento de milho (*Zea mays* L.) soluções ágeis para o desenvolvimento de cultivares superiores, tanto em termos de produtividade quanto de sanidade e segurança alimentar. O principal objetivo dos programas de melhoramento é aumentar os ganhos com a seleção, diminuindo tempo e custos da execução. A genômica é uma das ferramentas para atingir este objetivo. Aliar a genômica com modelos genético-estatísticos adequados (sejam frequentistas ou bayesianos), na etapa de seleção, constitui a chamada seleção genômica (SG) (Bernardo, 1994; Meuwissen et al., 2001; Crossa et al., 2017).

Na SG, a seleção, baseada no valor genético genômico (GEBV, do inglês *Genomic Estimated Breeding Value*), considera não só a performance em

---

<sup>1</sup> **Jeniffer Santana Pinto Coelho**, engenheira-agrônoma, doutoranda em Genética e Melhoramento, pesquisadora da Universidade Federal de Viçosa, MG, **Saulo Fabrício da Silva Chaves**, engenheiro-agrônomo, doutorando em Genética e Melhoramento, pesquisador da Universidade Federal de Viçosa, MG, **Leonardo Lopes Bhering**, engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento, professor da Universidade Federal de Viçosa, MG, **Valéria Aparecida Vieira Queiroz**, nutricionista, doutora em Produção Vegetal, pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo, **Dagma Dionísia da Silva**, engenheira-agrônoma, doutora em Agronomia (Fitopatologia), pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo, **Lauro José Moreira Guimarães**, engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, **Kaio Olímpio das Graças Dias**, engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, professor da Universidade Federal de Viçosa, MG, **Maria Marta Pastina**, engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo.

campo, obtida a partir de dados de marcadores moleculares (genotipagem) dos materiais em avaliação, mas também o relacionamento genético entre os genótipos (Cossa et al., 2017). Como consequência, há maior acurácia de seleção, menor variância do erro de predição e, em última instância, maior ganho. Outra possibilidade é a predição da performance de híbridos não fenotipados, somente genotipados, a partir do treinamento de um modelo de predição (Bernardo, 1994). Tal ação permite a seleção precoce e o direcionamento dos cruzamentos para avaliação dos híbridos em campo, proporcionando a economia de tempo e recursos financeiros (Technow et al., 2014; Atanda et al., 2021; Beyene et al., 2021).

No melhoramento do milho, a SG pode ser aplicada tanto para performance quanto para resistência a fatores bióticos e abióticos (Corrales et al., 2015; Dias et al., 2018). De fato, algumas doenças não devem ser negligenciadas quando da seleção e da recomendação de cultivares. Um exemplo é a fusariose, causada pelo agente etiológico *Fusarium verticillioides* Nirenberg. Esse fungo produz micotoxinas (fusarinas, fumonisinas, etc.) nocivas à saúde animal e humana, estando elas associadas à ocorrência de cânceres. A forma mais eficiente e sustentável para combate a fusariose é a seleção de genótipos detentores de alelos de resistência ao patógeno e/ou à produção de fumonisinas em grãos (Pádua et al., 2016; Silva et al., 2020). Trabalhos com seleção genômica aplicada à resistência à produção de fumonisinas em grãos são raros na literatura (Holland et al., 2020; Butoto et al., 2022) e, particularmente no Brasil, são inexistentes até então.

O controle químico de patógenos causadores de podridões de grãos de milho é extremamente difícil, pois a própria estrutura de empalhamento da espiga protege os fungos de defensivos que poderiam ser utilizados com esse intuito. Torna-se, então, bastante relevante a alternativa de se utilizar cultivares com maiores níveis de resistência genética a esses agentes patogênicos. Neste sentido, no Programa de Melhoramento de Milho da Embrapa Milho e Sorgo (Sete Lagoas, MG) procura-se desenvolver híbridos que, além de produtivos, apresentem também maiores níveis de resistência a fungos causadores de podridões e produtores de micotoxinas nos grãos, principalmente as fumonisinas. Em vista disso, este trabalho empregou a seleção genômica comparando a acurácia de diferentes modelos de predição para híbridos tropicais não realizados e para a identificação de híbridos superiores com

alta produtividade de grãos e menor teor de fumonisinas em grãos, com base nos valores genéticos genômicos (GEBV).

## Material e Métodos

### Dados fenotípicos e genômicos

O conjunto de dados refere-se a híbridos de milho do Programa de Melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo, localizada em Sete Lagoas, estado de Minas Gerais, Brasil, nas safras 2014/2015, 2015/2016 e 2016/2017. No total, foram avaliados 392 híbridos, sendo 156, 153 e 155 avaliados nas safras 2014/2015, 2015/2016 e 2016/2017, respectivamente, com alguns híbridos comuns entre as safras. Três ensaios foram montados em cada ano e conduzidos em delineamento  $\alpha$ -látice, com duas repetições. Duas características foram avaliadas: teor de fumonisina nos grãos (FUM, em ppm) e produtividade de grãos (PG, em  $t\ ha^{-1}$ ). Os híbridos simples foram originados de 375 linhagens-elites, pertencentes a três grupos heteróticos: Flint, Dent e C.

Foram utilizadas folhas jovens das 335 linhagens-elites para extração de DNA genômico pelo método CTAB (brometo de hexadeciltrimetilamônio) (Saghai-Maroo et al., 1984). A quantificação do DNA foi feita por meio de um fluorômetro, seguindo as instruções do fabricante. As amostras foram enviadas para o *Genomic Diversity Facility*, da Universidade de Cornell (Ithaca, NY, Estados Unidos) para genotipagem por sequenciamento (GBS) (Elshire et al., 2011). Usando a ferramenta de alinhamento Burrows-Wheeler (BWA) (Li; Durbin, 2009), as sequências foram alinhadas com o genoma de referência B73 (AGPv3). No total, 474.367 marcadores SNPs (do inglês, *Single Nucleotide Polimorphism*) foram sequenciados. Após a filtragem dos SNPs não informativos, para MAF (do inglês, *Minor Allele Frequency*) de 10% e proporção de heterozigotos por locus inferior a 10%, 73.083 marcadores SNPs foram utilizados para as análises genômicas. No total, 252 híbridos simples apresentavam pais com informações de marcadores, sendo que os seus genótipos foram obtidos por meio da combinação de marcadores das respectivas linhagens-elites genitoras.

## Análises fenotípicas

As análises fenotípicas foram realizadas para cada ano e considerando todos os anos (análise conjunta), e o procedimento de máxima verossimilhança residual/melhor predição linear imparcial (modelos lineares mistos REML/BLUP) (Patterson; Thompson, 1971; Henderson, 1975) foi utilizado para as estimativas dos componentes de variância e dos valores genotípicos, a partir dos seguintes modelos:

a) Análise individual

$$y = Xb + Z_1g + e$$

b) Análise conjunta

$$y = Xb + Z_1g + Z_2ga + e$$

em que  $y$  é o vetor fenotípico,  $b$  é o vetor de efeitos fixos (análise individual: intercepto, repetição<sup>(r x 1)</sup> e experimento<sup>(ep x 1)</sup>, sendo  $r$  e  $ep$  as dimensões dos vetores dos respectivos efeitos fixos; análise conjunta: intercepto, repetição dentro de ano<sup>(ra x 1)</sup>, experimento<sup>(ep x 1)</sup> e ano<sup>(a x 1)</sup>, sendo  $ra$ ,  $ep$  e  $a$  as dimensões dos vetores dos respectivos efeitos fixos),  $g$ <sup>(i x 1)</sup> é o vetor de efeitos aleatórios do genótipo ( $g \sim MVN[0, I\sigma_g^2]$ ),  $ga$ <sup>(ia x 1)</sup> é o vetor de efeitos aleatórios da interação genótipos versus anos ( $ga \sim MVN[0, I\sigma_{ga}^2]$ ) e  $e$  é o vetor de efeitos aleatórios residuais ( $e \sim MVN[0, I\sigma_e^2]$ ). Letras maiúsculas ( $X$ <sup>(n x j)</sup>,  $Z_1$ <sup>(n x i)</sup>, e  $Z_2$ <sup>(n x ia)</sup>) representam as matrizes de incidências para  $b$ ,  $g$ , e  $gaga$ , respectivamente. As significâncias dos efeitos aleatórios foram verificadas pelo teste LRT (Rao, 1952), considerando a estatística Qui-quadrado em nível de confiança de 0,95. As herdabilidades foram obtidas via estimativa padrão ( $H_p^2 = \sigma_g^2 / \sigma_f^2$ ) e pela proposta por Cullis et al. (2006) ( $H_{cullis}^2 = 1 - \frac{\bar{v}(\lambda)}{\sigma_g^2}$ ).

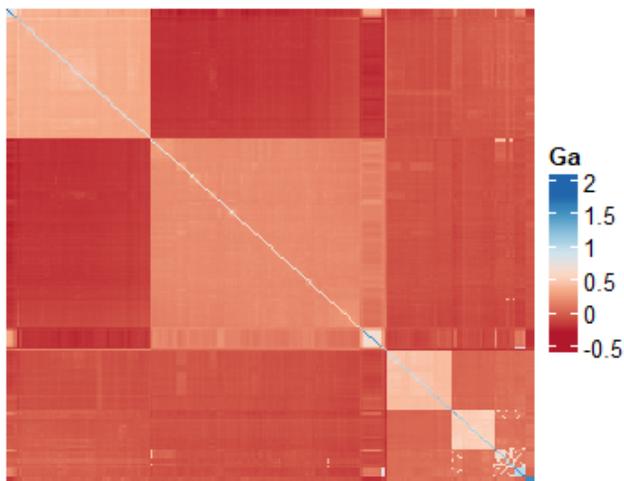
## Predição genômica

Após a análise dos dados fenotípicos, foram calculadas as médias ajustadas (BLUEs) contabilizando os três anos em conjunto. Utilizou-se o modelo da

análise conjunta, apresentado anteriormente (a), com algumas modificações: 1) o efeito do genótipo foi considerado como fixo, e 2) o resíduo foi modelado com a estrutura de covariância diagonal. Essas modificações foram adotadas para a filtragem dos híbridos com informações genéticas, excluindo, assim, aqueles sem essas informações das demais análises. Após obter as médias ajustadas, 252 híbridos com informações genômicas foram considerados para as análises de predição genômica, utilizando-se dois modelos, GBLUP e BayesB (Meuwissen et al., 2001), sendo a matriz de relacionamento genética aditiva (Figura 1), proposta por VanRaden et al., (2008), utilizada no modelo GBLUP, que pode ser definida como:

$$G_a = \frac{W_A W_A'}{2 \sum_{i=1}^n p_i (1-p_i)}$$

em que  $p_i$  é a frequência de um alelo do loco  $i$  e  $W$  é a matriz de incidência dos marcadores (VanRaden et al., 2008). A codificação da matriz  $W_A$  foi 0 para o alelo com menor frequência, 1 para o alelo heterozigoto e 2 para o alelo de maior frequência.



**Figura 1.** Matriz de parentesco construída via método de VanRaden et al. (2008), para os 252 híbridos simples, derivados das linhagens-elites e testadores genotipados.

Para a predição genômica, utilizou-se o procedimento de validação cruzada com cinco folds e 10 repetições, considerando o esquema tradicional de validação cruzada (CV1), onde novos híbridos não foram avaliados em nenhum ano. A acurácia da predição foi estimada por meio da correlação de Pearson entre as médias ajustadas e os valores genômicos preditos. Para o cálculo do ganho de seleção em porcentagem (%GS), os valores genéticos genômicos (GEBV) dos híbridos simples realizados foram adquiridos via GBLUP. O %GS foi calculado a partir da seguinte expressão:

$$\%GS = \left( \frac{g_s - g_0}{\bar{y}} \right) * 100$$

em que  $g_s$  é o valor genético genômico (GEBV) médio dos híbridos selecionados,  $g_0$  é o GEBV médio de todos os híbridos avaliados e  $\bar{y}$  é a média fenotípica da característica. O %GS foi calculado considerando 8% de seleção (20 híbridos). A filtragem dos marcadores foi realizada no software TASSEL (Bradbury et al., 2007), e as análises estatísticas foram executadas no pacote ASReml-R, versão 4.0 (Butler et al., 2018), disponível para o software estatístico R (R Core Team, 2020), versão 4.1.3.

## Resultados e discussão

### Análise fenotípica

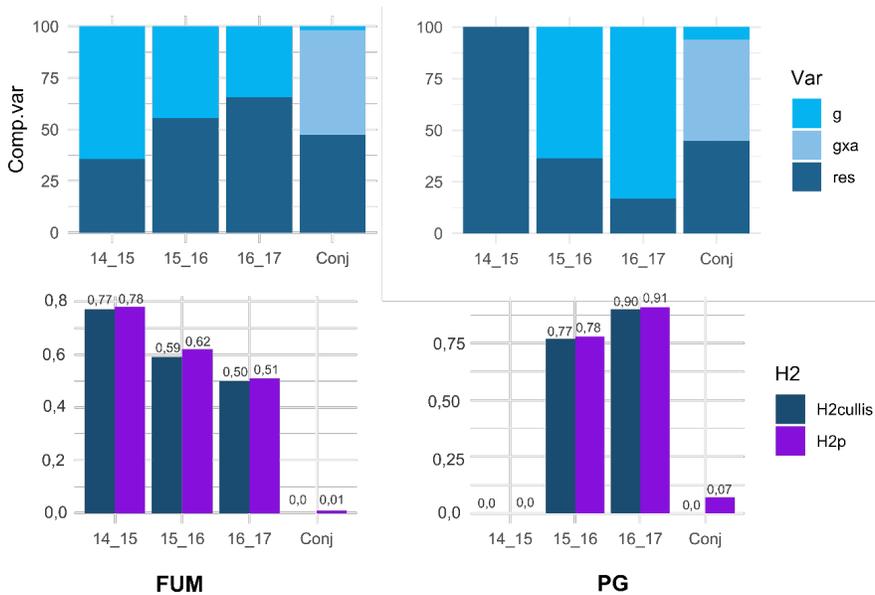
O teste da razão de verossimilhança (LRT) é amplamente utilizado para verificar a significância dos efeitos aleatórios em análises de modelos mistos (Rao, 1952), inclusive para teste de hipóteses em programas de melhoramento genético de plantas. A partir dos resultados obtidos via teste LRT, verificou-se que para FUM o efeito genotípico foi significativo em todas as safras avaliadas, e para PG, somente na safra 2014/2015, esse efeito não foi significativo (Tabela 1). Já nas análises conjuntas, para as duas características avaliadas, todos os efeitos aleatórios testados (efeito genotípico e interação genótipos versus anos) foram significativos (Tabela 1), mostrando, assim, a presença de variabilidade genética no conjunto de dados, caracterizando um cenário favorável para a seleção.

**Tabela 1.** Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos e não genéticos obtidos nas análises individuais e conjunta, para as características teor de fumonisina (FUM) e produtividade de grãos (PG), avaliadas nas safras 2014/2015, 2015/2016 e 2016/2017.

Análise	Parâmetro	FUM			PG		
		2014/2015	2015/2016	2016/2017	2014/2015	2015/2016	2016/2017
Individual	$\sigma^2g$	2,41*	2,07*	1,90*	0.00001	1,90*	2,33*
	$\sigma^2$	1,35	2,59	3,66	2,18	1,08	0,47
	CVres	37,8	62,62	57,25	14,91	16,21	10,64
	Média	3,07	2,57	3,34	9,89	6,41	6,44
Conjunta	$\sigma^2g$		0,10*			0,18*	
	$\sigma^2ga$		2,90*			1,54*	
	$\sigma^2$		2,71			1,33	
	CVres		55			1,33	
	Média		2,99			6,43	

\*: efeitos aleatórios significativos pelo teste LRT;  $\sigma^2g$ : variância genotípica;  $\sigma^2ga$ : variância da interação genótipos versus anos;  $\sigma^2$ : variância residual; CVres: coeficiente de variação residual; Média: média fenotípica; FUM: teor de fumonisinas; PG: produtividade de grãos.

Pode-se observar que a interação genótipos versus anos (g versus a) consumiu maior parte da variação fenotípica, quando comparada ao efeito genotípico (Figura 2), para as duas características avaliadas, influenciando, assim, nas estimativas de herdabilidade da análise conjunta (Figura 2). A herdabilidade calculada pelo estimador  $H_p^2$ , por safra, variou de 0,51 a 0,78 e de 0 a 0,91, para as características FUM e PG, respectivamente. Já com base no estimador  $H_{cullis}^2$ , a herdabilidade variou de 0,50 a 0,77 e de 0 a 0,90, para as características FUM e PG (Figura 2), respectivamente. Quando há parcelas perdidas, delineamentos experimentais não ortogonais ( $\alpha$ -látice, p-rep) ou indivíduos que não foram avaliados em todos os anos/ambientes, o mais adequado é encontrar um estimador de herdabilidade que não é influenciado por algum desses fatos que proporcionam desbalanceamento dos dados, como o proposto por Cullis et al. (2006).

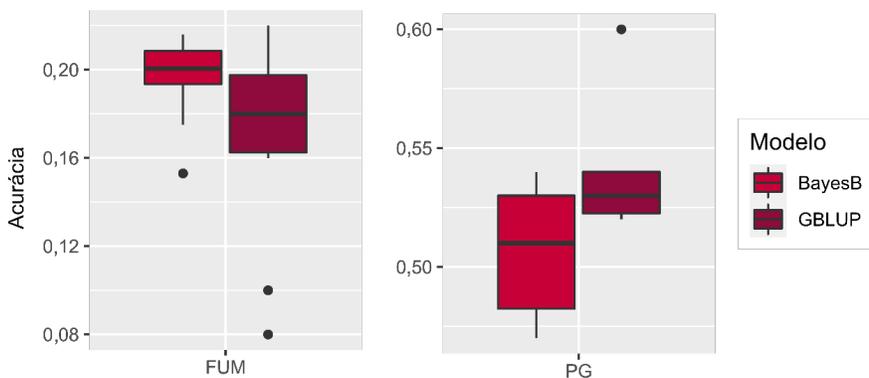


**Figura 2.** Componentes de variâncias em porcentagem (Comp.var) para as análises individuais por safra e da análise conjunta (Conj), e valores de herdabilidade (H2), para as características teor de fumonisina (FUM) e produtividade de grãos (PG). Sendo g: variância genotípica; g versus a: variância da interação genótipos versus anos; res: variância residual.

## Predição genômica

Como estratégia para a redução do custo da implementação de experimentos, fenotipagem e aumento do número de gerações de melhoramento por ano, muitas empresas estão avaliando genótipos em etapas intermediárias do programa de melhoramento, com base em dados genotípicos dos tratamentos e em modelos de predição genômica treinados, ou seja, utilizando a seleção genômica (Atanda et al., 2021; Beyene et al., 2021). Com a seleção genômica, consegue-se ajustar modelos de predição e selecionar indivíduos em gerações precoces com o intuito do avanço daqueles com maior potencial genético, sem necessidade de avaliação em campo, tendo-se como base o seu genótipo e informações fenotípicas de indivíduos geneticamente relacionados.

Na literatura, existem diversos modelos para a predição genômica, como RRBLUP, GBLUP, BayesA e BayesB. Os métodos RRBLUP e GBLUP assumem que todos os marcadores explicam quantidades iguais da variância genética (Meuwissen et al., 2001). Já os métodos BayesA e BayesB consideram que cada marcador tem um efeito distinto sob a variância genética (Meuwissen et al., 2001), sendo que cada modelo de predição assume características distintas, em relação à variância e à distribuição de probabilidade dos marcadores e, conseqüentemente, dependendo da arquitetura genética da características, esses modelos podem divergir quanto à acurácia de predição (Hayes et al., 2009; Grattapaglia; Resende, 2011; Resende et al., 2012). No presente conjunto de dados, a acurácia de predição média para a característica FUM foi 0,17 e 0,20 para os modelos GBLUP e BayesB, respectivamente, e para PG, a acurácia de predição média desses modelos foi 0,53 e 0,51, respectivamente (Figura 3).



**Figure 3.** Acurácia de predição genômica dos modelos BayesB e GBLUP para as características teor de fumonisina (FUM) e produtividade de grãos (PG).

Observa-se que, para a característica FUM, a acurácia preditiva para o modelo BayesB foi 18% maior do que aquela encontrada para o modelo GBLUP, ou seja, com o modelo BayesB foi possível se obter maior capacidade preditiva. Resultados similares foram encontrados por Holland et al. (2020), avaliando a característica FUM, em que os autores observaram maior capacidade preditiva em modelos bayesianos quando comparados ao modelo GBLUP. Esse resultado implica que os marcadores obtêm diferentes efeitos sob a variância genética aditiva (Holland et al., 2020). Para PG, a acurácia preditiva do modelo GBLUP foi superior, quando comparado à do modelo BayesB, que

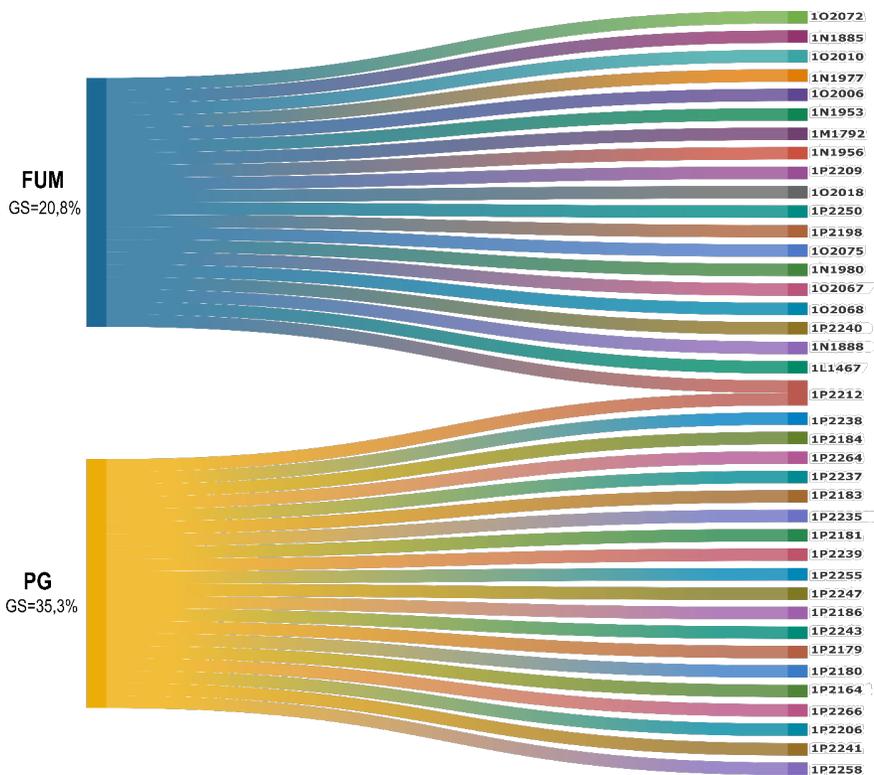
obteve maior amplitude nas estimativas da acurácia de predição ao longo das repetições dos conjuntos de híbridos preditos. Então, nesse caso específico, para a característica teor de fumonisina nos grãos (FUM), é recomendada a predição de indivíduos não realizados através do modelo BayesB, enquanto, para a característica produtividade de grãos (PG), o mais adequado é a adoção do modelo GBLUP.

No entanto, baixas acurácias foram encontradas em relação a outros trabalhos que avaliaram as mesmas características (Holland et al., 2020; Meher et al., 2022). Isso pode ter ocorrido em razão de a interação g versus a ter mascarado a variação genética presente, influenciando assim nas estimativas de herdabilidades e, conseqüentemente, nas acurácias de predição. No geral, há uma tendência de características com baixas herdabilidades obterem menores acurácias de predição, quando comparadas a características de alta herdabilidade (Combs; Bernardo, 2013). Uma alternativa para o aumento da acurácia de predição é a adição de covariáveis ambientais no modelo de predição genômica, estratégia que vem sendo amplamente estudada e com resultados promissores para a melhoria dos modelos de predição genômica (Jarquín et al., 2014; Costa-Neto et al., 2021).

Os ensaios de valor de cultivo e uso (VCUs) são exigências do Ministério da Agricultura e Pecuária (Mapa) para registro de novas cultivares. Esses ensaios têm o intuito de comprovar o valor agrônômico da cultivar candidata a ser lançada no mercado, em condições de cultivo (Silva Filho et al., 2015). Para avaliação desses ensaios, também é recomendada a utilização de modelos que considerem a inserção da matriz de parentesco genômica, pois a seleção do indivíduo irá contabilizar o seu genótipo e o seu fenótipo, ranqueando, com maior precisão, as cultivares com melhor performance, para avanço no programa.

Selecionando 20 híbridos superiores (8%) com base nos GEBVs, houve um ganho de 20,8% para a redução de FUM em grãos, e um aumento de 35,3% em PG (Figura 4). No entanto, somente o híbrido 1P2212 foi selecionado com menor FUM e maior PG. Silva et al. (2020), através de distâncias genéticas baseadas em marcadores SNPs, definiram 12 grupos distintos dentro do banco de variabilidade de linhagens do Programa de Melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo. Esses grupos têm grande importância para o

programa, pois as informações podem ser utilizadas para direcionamento de cruzamentos entre linhagens de milho tropical, geneticamente distintas, dentro ou entre grupos heteróticos para otimização da exploração da variabilidade genética (Silva et al., 2020). Em vista disso, é recomendada a utilização das linhagens parentais que deram origem ao híbrido 1P2212, que reúne alto potencial produtivo e o menor teor de fumonisinas nos grãos, para gerar nova variabilidade genética dentro de seus respectivos grupos heteróticos, visando à derivação de novas linhagens superiores, e também à realização de cruzamentos com novos testadores de grupos heteróticos complementares, com o objetivo de obter novos híbridos que reúnam essas características.



**Figura 4.** Híbridos selecionados com base nos GEBVs, para as características menor teor de fumonisina (FUM) e maior produtividade de grãos (PG), e ganhos com a seleção em cada caso.

## Conclusão

Para a predição de cruzamentos não realizados, é recomendado o modelo BayesB para a característica teor de fumonisinas em grãos e o modelo GBLUP para produtividade de grãos. A seleção dos 20 híbridos superiores, através dos GEBVs, resultou em 20,8% de ganho genético para redução nos teores de fumonisinas em grãos e 35,3% para produtividade de grãos, sendo que o híbrido 1P2212 apresentou elevado potencial produtivo e menor teor de fumonisinas nos grãos. Há potencial no germoplasma de milho da Embrapa Milho e Sorgo para desenvolvimento de cultivares com baixa síntese de fumonisinas nos grãos e alta produtividade, reunindo, assim, duas características de interesse agrônomo e para saúde humana e animal.

## Referências

ATANDA, S. A.; OLSEN, M.; BURGUEÑO, J.; CROSSA, J.; DZIDZIENYO, D.; BEYENE, Y.; GOWDA, M.; DREHER, K.; ZHANG, X.; PRASANNA, B. M.; TONGOONA, P.; DANQUAH, E. Y.; OLAOYE, G.; ROBBINS, K. R. Maximizing efficiency of genomic selection in CIMMYT's tropical maize breeding program. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 134, n. 1, p. 279-294, 2021, DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03696-9>.

BERNARDO, R. Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. **Crop Science**, v. 34, n. 1, p. 20-25, 1994. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1994.0011183X003400010003x>.

BEYENE, Y.; GOWDA, M.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; OLSEN, M.; ROBBINS, K. R.; BURGUEÑO, J.; PRASANNA, B. M.; CROSSA, J. Application of genomic selection at the early stage of breeding pipeline in tropical maize. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, article 685488, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.685488>.

BRADBURY, P. J.; ZHANG, Z.; KROON, D. E.; CASSTEVENS, T. M.; RAMDOSS, Y.; BUCKLER, E. S. TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. **Bioinformatics**, v. 23, n. 19, p. 2633-2635, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm308>.

BUTLER, D. G.; CULLIS, B. R.; GILMOUR, A. R.; GOGEL, B. J.; THOMPSON, R. **ASReml-R reference manual**: version 4. Hemel Hempstead: VSN International, 2018.

BUTOTO, E. N.; BREWER, J. C.; HOLLAND, J. B. Empirical comparison of genomic and phenotypic selection for resistance to Fusarium ear rot and fumonisin contamination in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 135, n. 8, p. 2799-2816, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04150-8>.

COMBS, E.; BERNARDO, R. Accuracy of genomewide selection for different traits with constant population size, heritability, and number of markers. **Plant Genome**, v. 6, n. 1, p. 1-7, 2013. DOI: <https://doi.org/10.3835/plantgenome2012.11.0030>.

CORRALES, J. D.; MUNILLA, S.; CANTET, R. J. C. Polynomial order selection in random regression models via penalizing adaptively the likelihood. **Journal of Animal Breeding Genetics**, v. 132, n. 4, p. 281-288, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1111/jbg.12130>.

COSTA-NETO, G.; CROSSA, J.; FRITSCHÉ-NETO, R. Enviromic assembly increases accuracy and reduces costs of the genomic prediction for yield plasticity in maize. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, article 717552, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.717552>.

CROSSA, J.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; CUEVAS, J.; MONTESINOS-LÓPEZ, O.; JARQUÍN, D.; CAMPOS, G. de los; BURGUEÑO, J.; GONZÁLEZ-CAMACHO, J. M.; PÉREZ-ELIZALDE, S.; BEYENE, Y.; DREISIGACKER, S.; SINGH, R.; ZHANG, X.; GOWDA, M.; ROORKIWAL, M.; RUTKOSKI, J.; VARSHNEY, R. K. Genomic selection in plant breeding : methods, models, and perspectives. **Trends in Plant Science**, v. 22, n. 11, p. 961-975, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.08.011>.

CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 11, n. 4, p. 381-393, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1198/108571106X154443>.

DIAS, K. O. das G.; GEZAN, S. A.; GUIMARÃES, C. T.; NAZARIAN, A.; SILVA, L. da C. e; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. de O.; ANONI, C. de O.; PÁDUA, J. M. V.; PINTO, M. de O.; NODA, R. W.; RIBEIRO, C. A. G.; MAGALHÃES, J. V. de; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, J. C. de; GUIMARÃES, L. J. M.; PASTINA, M. M. Improving accuracies of genomic predictions for drought tolerance in maize by joint modeling of additive and dominance effects in multi-environment trials. **Heredity**, v. 121, n. 1, p. 24-37, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41437-018-0053-6>.

ELSHIRE, R. J.; GLAUBITZ, J. C.; SUN, Q.; POLAND, J. A.; KAWAMOTO, K.; BUCKLER, E. S.; MITCHELL, S. E. A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. **PLoS ONE**, v. 6, n. 5, e19379, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0019379>.

GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D. V. Genomic selection in forest tree breeding. **Tree Genetics & Genomes**, v. 7, n. 2, p. 241-255, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11295-010-0328-4>.

HAYES, B. J.; BOWMAN, P. J.; CHAMBERLAIN, A. J.; GODDARD, M. E. Invited review: genomic selection in dairy cattle: progress and challenges. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 2, p. 433-443, 2009. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1646>.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975. DOI: <https://doi.org/10.2307/2529430>.

HOLLAND, J. B.; MARINO, T. P.; MANCHING, H. C.; WISSER, R. J. Genomic prediction for resistance to Fusarium ear rot and fumonisin contamination in maize. **Crop Science**, v. 60, n. 4, p. 1863-1875, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20163>.

JARQUÍN, D.; CROSSA, J.; LACAZE, X.; DU CHEYRON, P.; DAUCOURT, J.; LORGEOU, J.; PIRAUX, F.; GUERREIRO, L.; PÉREZ, P.; CALUS, M.; BURGUEÑO, J.; CAMPOS, G. de los. A reaction norm model for genomic selection using high-dimensional genomic and environmental data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 127, n. 3, p. 595-607, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2243-1>.

LI, H.; DURBIN, R. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. **Bioinformatics**, v. 25, n. 14, p. 1754-1760, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324>.

MEHER, P. K.; RUSTGI, S.; KUMAR, A. Performance of Bayesian and BLUP alphabets for genomic prediction: analysis, comparison and results. **Heredity**, v. 128, n. 6, p. 519-530, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41437-022-00539-9>.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, n. 4, p. 1819-1829, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>.

PÁDUA, J. M. V.; DIAS, K. O. das G.; PASTINA, M. M.; SOUZA, J. C. de; QUEIROZ, V. A. V.; COSTA, R. V. da; SILVA, M. B. P. da; RIBEIRO, C. A. G.; GUIMARÃES, C. T.; GEZAN, S. A.; GUIMARÃES, L. J. M. A multi-environment trials diallel analysis provides insights on the inheritance of fumonisin contamination resistance in tropical maize. **Euphytica**, v. 211, n. 3, p. 277-285, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-016-1722-2>.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971. DOI: <https://doi.org/10.2307/2334389>.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons, 1952. 390 p.

R CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Core Team, 2020.

RESENDE, J. F. R.; MUÑOZ, P.; RESENDE, M. D. V.; GARRICK, D. J.; FERNANDO, R. L.; DAVIS, J. M.; JOKELA, E. J.; MARTIN, T. A.; PETER, G. F.; KIRST, M. Accuracy of genomic selection methods in a standard data set of loblolly pine (*Pinus taeda* L.). **Genetics**, v. 190, n. 4, p. 1503-1510, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1534/genetics.111.137026>.

SAGHAI-MAROOF, M. A.; SOLIMAN, K. M.; JORGENSEN, R. A.; ALLARD, R. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. **Proceedings**

of the National Academy of Sciences of the United States of America, v. 81, n. 24, p. 8014-8018, 1984. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.81.24.8014>.

SILVA FILHO, J. L. da; MORELLO, C. de L.; SUASSUNA, N. D.; PEDROSA, M.; BEZERRA, W.; FARIAS, F. J. C.; LOPES, G. D. Ensaio de valor de cultivo e uso convencional do Programa de Melhoramento da Embrapa Algodão no Estado de Goiás. In: CONGRESSO BRASILEIRO DO ALGODÃO, 10., 2015, Foz do Iguaçu. **Resumos**. Brasília, DF: ABRAPA, 2015.

SILVA, K. J.; GUIMARÃES, C. T.; GUILHEN, J. H. S.; GUIMARÃES, P. E. de O.; PARENTONI, S. N.; TRINDADE, R. dos S.; OLIVEIRA, A. A. de; BERNARDINO, K. da C.; PINTO, M. de O.; DIAS, K. O. das G.; BERNARDES, C. de O.; DIAS, L. A. dos S.; GUIMARÃES, L. J. M.; PASTINA, M. M. High-density SNP-based genetic diversity and heterotic patterns of tropical maize breeding lines. **Crop Science**, v. 60, p. 779-787, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20018>.

TECHNOW, F.; SCHRAG, T. A.; SCHIPPRACK, W.; BAUER, E.; SIMIANER, H.; MELCHINGER, A. E. Genome properties and prospects of genomic prediction of hybrid performance in a breeding program of maize. **Genetics**, v. 197, n. 4, p. 1343-1355, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1534/genetics.114.165860>.

VANRADEN, P. M.; VAN TASSELL, C. P.; WIGGANS, G. R.; SONSTEGARD, T. S.; SCHNABEL, R. D.; SCHNABEL, R. D.; SCHENKEL, F. Reliability of genomic predictions for North American dairy bulls. **Journal of Dairy Science**, v. 91, p. 305, 2008. Suplemento.

Exemplares desta edição podem ser adquiridos na:

**Embrapa Milho e Sorgo**  
Rod. MG 424 Km 45  
Caixa Postal 151  
CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG  
Fone: (31) 3027-1100  
www.embrapa.br  
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

**1ª edição**  
Publicação digital (2023): PDF



Comitê Local de Publicações  
da Embrapa Milho e Sorgo

Presidente

*Maria Marta Pastina*

Secretária-Executiva

*Elena Charlotte Landau*

Membros

Cláudia Teixeira Guimarães, Mônica Matoso  
Campanha, Roberto dos Santos Trindade e  
Maria Cristina Dias Paes

Revisão de texto

*Antonio Claudio da Silva Barros*

Normalização bibliográfica

*Rosângela Lacerda de Castro (CRB 6/2749)*

Tratamento das ilustrações

*Márcio Augusto Pereira do Nascimento*

Projeto gráfico da coleção

*Carlos Eduardo Felice Barbeiro*

Editoração eletrônica

*Márcio Augusto Pereira do Nascimento*

Arte da capa

*Daniel Bini*

Fotos da capa

*Maria Marta Pastina*

CGPE 018205