

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM CICLOS AVANÇADOS DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS NA VARIEDADE DE MILHO BR 5028 SÃO FRANCISCO

*Hélio Wilson Lemos de Carvalho¹, Maria de Lourdes da Silva Leal¹,
Manoel Xavier dos Santos² e Evanildes Menezes de Souza¹*

¹Embrapa-Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros, Caixa Postal 44, 49001-970, Aracaju, Sergipe, Brasil;

²Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, Caixa Postal 152, CEP 35701-970, Sete Lagoas, MG.

No período de 1999 a 2001, a variedade de milho BR 5028 São Francisco foi submetida aos ciclos XIII, XIV e XV de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, no Nordeste brasileiro, visando obter estimativas de parâmetros genéticos, para posterior verificação do comportamento da variabilidade genética. As 196 progênies de cada ciclo foram avaliadas em blocos ao acaso, com duas repetições, realizando-se as recombinações das progênies selecionadas dentro do mesmo ano agrícola, de modo a se obter um ciclo por ano. As análises de variância conjuntas mostraram diferenças entre as progênies de cada ciclo, evidenciando-se a presença de variabilidade genética entre elas. Foram observados acréscimos da variabilidade genética à medida que se avançaram os ciclos de seleção. As altas magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos, associadas às altas médias de produtividades das progênies e ao ganho genético médio esperado com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, por ciclo de seleção, (15,18%), evidenciam o grande potencial da variedade em responder à seleção, o que permitirá a obtenção de ganhos para a produtividade de espigas com o desenvolver de novos ciclos de seleção.

Palavras-chave: Melhoramento, ganhos genéticos.

Genetic parameters estimates in advanced selection cycles among and within half sib families in the maize variety BR 5028 - S. Francisco. The maize variety BR 5028 - São Francisco were carried out to the selection cycles XIII, XIV, XV among and within half sib families during the years 1999 to 2001 in Brazilian Northeast region, in order to obtain estimates genetic parameters and to verify the behavior of the genetic variability. In each selection cycle 196 half sib families were evaluated in randomized complete block, with two replications/local and the selected families were recombined in the same year having a cycle/year. The combined analyses of variance showed differences among the families and was noted the presence of genetic variability among them. It was verified increments in the the genetic variability as they were moved forward the selection cycles. The association among the estimated high genetics parameters with high production means and with the estimated genetic gain per selection cycle (15,18%) showed the high genetic potential to select and to the obtaining gains for the productivity during the development of new cycles.

Key words: improvement, genetic gain.

Introdução

Cerca de três milhões de hectares do Nordeste brasileiro são destinados à cultura do milho, sendo grande parte desse total ocupado com variedades, as quais são exploradas, predominantemente, por pequenos e médios produtores rurais, que se caracterizam pela pouca disponibilidade de terras e de capital para investimento na produção. A baixa produtividade desse cereal na região, deve-se não só a condição climática desfavorável como, também, a redução na compra de insumo pelos pequenos proprietários rurais, ao manejo inadequado da cultura e insuficiência de sementes de variedades de melhor adaptação e portadoras de atributos agrônômicos desejáveis, tais como, menor porte de planta e de inserção da primeira espiga, tolerância ao acamamento e quebramento do colmo, bom empalhamento e de ciclos precoce e superprecoce. A utilização de variedades com essas características, a exemplo da variedade BR 5028 São Francisco, poderá propiciar melhorias substanciais nos sistemas de produção prevaletentes na região. Essa variedade vem apresentando ao longo dos anos em diversos ambientes do Nordeste brasileiro boa adaptabilidade e estabilidade de produção, conforme destacam Carvalho et al. (1999a, 2000a e 2001). Após ser submetida a doze ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos nessa região (Carvalho et al. 1994, 1998a e 2000b), a referida variedade ainda apresenta uma quantidade apreciável de variabilidade genética, o que possibilita a obtenção de ganhos, com vistas ao aumento da produtividade de espigas, com a continuidade do programa de melhoramento.

O método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos tem mostrado eficiência para aumentar a frequência de alelos favoráveis nas populações, permitindo também, a obtenção de ganhos de forma mais rápida, pela possibilidade de realização de um ciclo por ano. O referido método permite também estimar a variância genética aditiva na população base, através da análise de dados do teste de progênies, e, em consequência, verificar quais as chances de êxito na seleção. Vários trabalhos na literatura têm mostrado sua efetividade, ressaltando-se, que além de prestar-se ao melhoramento intrapopulacional, tem sido bastante utilizado para a estimação dos componentes da variância, sem permitir, contudo, a estimação da variância genética de dominância.

Ramalho (1977), em um levantamento das estimativas obtidas de trabalhos com progênies de meios-irmãos, realizados no Brasil, até 1976, envolvendo 30 avaliações, mostrou que os valores referentes à variância genética aditiva, do caráter peso de grãos, oscilaram de 41,0 (g/planta)² a 758,9 (g/planta)², com média de 420,0 (g/

planta)², e enfatiza que esta é a parte herdável da variância genética, a única aproveitável na seleção. Outro levantamento, englobando 58 avaliações de progênies de meios-irmãos, foi efetuado por Vencovsky et al. (1987), citados por Bigoto (1988), registrando-se para a variância genética aditiva uma amplitude de 41,0 (g/planta)² a 753,0 (g/planta)², com média de 309,0 (g/planta)². Deve-se ressaltar que as estimativas obtidas nesses levantamentos estão superestimadas, em razão de as progênies serem avaliadas em um local e não se pode isolar a variância genética da interação progênies x locais. Em um levantamento mais amplo relatado por Bigoto (1988), as médias das estimativas obtidas para a variância genética aditiva de diferentes populações de milho, para o caráter produção de grãos, em (g/planta)², variaram de 83,0 a 1.468,0 e o autor enfatiza que a maioria das populações utilizadas mostrou-se potencialmente promissora, mesmo aquelas em que as estimativas foram obtidas em apenas um local. No Nordeste brasileiro, a nível de local, os valores encontrados para as estimativas dessa variância oscilaram de 113,6 (g/planta)² (Carvalho et al. 1998b) a 2.583,2 (g/planta)² (Carvalho et al., 2000c). Nas avaliações realizadas na média de dois locais, os valores encontrados oscilaram de 34,0 (g/planta)² (Carvalho et al., 2000c) a 753,2 (g/planta)² (Carvalho et al., 1998a).

Assim sendo, o presente trabalho teve por objetivo obter estimativas de parâmetros genéticos na variedade de milho BR 5028 São Francisco, a fim de verificar o comportamento da variabilidade genética para a característica produção de espigas, no decorrer dos ciclos de seleção.

Material e Métodos

No início do ano agrícola de 1999, 196 progênies de meios-irmãos foram obtidas de um campo de recombinação com a variedade de milho BR 5028 São Francisco, obedecendo-se aos critérios de competitividade, acamamento e quebramento do colmo, altura de planta e de inserção da primeira espiga e coloração dos grãos. Essas progênies deram sequência ao programa de melhoramento em execução com essa variedade, desenvolvendo-se os ciclos XIII, XIV e XV de seleção, avaliando-se esses ciclos em dois locais (Municípios de Neópolis e Nossa Senhora das Dores, localizados no Estado de Sergipe). A variedade de milho de polinização aberta BR 5028 São Francisco apresenta porte baixo da planta e da espiga, ciclo precoce, tolerância ao acamamento e quebramento do colmo, bom

empalhamento e grãos semi-dentados com coloração amarelo-laranja.

Utilizou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, com duas repetições. As parcelas constaram de uma fileira de 5,0 m de comprimento, a espaços de 0,90 m e 0,40 m entre plantas dentro de fileiras. Todos os ensaios e campos de recombinação receberam uma adubação de N e P, com 80kg/ha de N e 80 kg/ha de P₂O₅, nas formas de uréia e superfosfato simples, respectivamente. Foi praticada a intensidade de seleção de 10% tanto entre quanto dentro de progênies, no mesmo ano agrícola, de modo a se obter uma geração/ano. As progênies selecionadas foram recombinadas em lotes isolados, por despendoamento, sendo as fileiras femininas (despendoadas) representadas pelas progênies selecionadas, e as masculinas pela mistura das progênies.

Não foi feita a correção para o estande em razão de as parcelas mostrarem número final de plantas bem próximo do ideal. Realizou-se, inicialmente, a análise de variância por local, obedecendo ao modelo em blocos ao acaso. Posteriormente, procedeu-se análise de variância conjunta, obedecendo ao critério de homogeneidade dos quadrados médios residuais. Os quadrados médios das análises de variância conjuntas foram ajustados para o nível de indivíduos, obtendo-se, assim, todas as estimativas nesse nível e expressas em (g/planta)², conforme Vencovsky (1978). As estimativas da variância aditiva (σ^2_A), da variância fenotípica nas próprias plantas (σ^2_F) e entre médias de progênies (σ^2_p), dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito nas médias de progênies (h^2_m) e de plantas (h^2) foram obtidas pelas seguintes expressões (Vencovsky e Barriga, 1992).

$$(\sigma^2_A) = 4 (\sigma^2_p)$$

$$(\sigma^2_F) = \sigma^2_p + \sigma^2_{pxl} + \sigma^2_e + \sigma^2_d$$

$$(\sigma^2_p) = \sigma^2_A + \sigma^2_e/r + \sigma^2_d/nr$$

$$h^2_m = \sigma^2_p / (\sigma^2_F) e,$$

$$h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_F$$

O índice de variação b foi determinado pela relação CVg/Cve, em que CVg = coeficiente de variação genotípico, e o Cve é o coeficiente ambiental.

O progresso esperado, quando se utiliza a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, dentro do mesmo ano agrícola, foi estimado pela fórmula:

$$Gs = K_1 \cdot \sigma^2_{p'} / (\sigma^2_F) + K_2 \cdot (3/8) \sigma^2_A / \sigma^2_d, \text{ em que,}$$

K_1 : diferencial de seleção padronizado, que depende da intensidade de seleção entre progênies = 10% (1,755);

K_2 : diferencial de seleção padronizado, que depende da intensidade de seleção dentro de progênies = 10% (1,755);

σ^2_d : desvio-padrão fenotípico dentro de progênies de meios-irmãos.

Para cálculo dos ganhos considerou-se $\sigma^2_d = 10\sigma^2_e$.

Resultados e Discussão

As análises de variância conjuntas revelaram diferenças significativas entre os locais, as progênies e interação progênies x locais (Tabela 1), o que denota a presença de variabilidade genética entre as progênies e comportamento inconsistente das progênies em face das oscilações ambientais. A importância dessa interação vem sendo observada em diversos trabalhos similares de melhoramento, com diversas populações de milho, entre eles, Pacheco (1987) com o ciclo I da população CMS-39, em dois locais; Carvalho et al. (1998a) com progênies dos ciclos VIII e IX, em dois locais, da variedade BR 5028 São Francisco; Carvalho et al. (2000f), com progênies dos ciclos IX e X da variedade BR 5011 Sertanejo, em dois locais; Carvalho et al. (2000c), com progênies dos ciclos III e IV da variedade BR 5033 Asa Branca, em dois locais; Carvalho et al. (2000d), utilizando progênies dos ciclos 0, I e II da população CMS 52 e Carvalho et al. (2000e), avaliando progênies dos ciclos 0, I e II da população CMS 453, em dois locais. Os coeficientes de variação ambiental oscilaram de 12,16% a 17,83%, revelando boa precisão dos ensaios (Scapim et al., 1995). Uma maior precisão dos ensaios de avaliação de progênies é desejável, uma vez que, à medida em que ela aumenta, melhor será a resposta e o progresso obtido por seleção.

As progênies avaliadas apresentaram produtividades médias de espigas de 5.841 kg/ha, com variação de 5.288 kg/ha, no ciclo XIII a 6.734 kg/ha, no ciclo XVI, o que evidencia alto potencial para a produtividade da variedade BR 5028 São Francisco (Tabela 2). Essas progênies produziram +4%, +10% e +20%, em relação à variedade testemunha BR 106, respectivamente, nos ciclos XIII, XIV e XV. Nesses respectivos ciclos, as progênies selecionadas superaram a testemunha BR 106 em 35%, 37% e 45%. A progênie mais produtiva apresentou acréscimos de 46% (ciclo XIII), 56% (ciclo XIV) e 58% (ciclo XV) em relação a variedade BR 106, mostrando, assim, que progênies mais produtivas foram obtidas no decorrer dos ciclos de seleção e evidencia,

Tabela 1. Quadrados médios das análises de variância conjuntas (g/planta), médias de produção (g/planta) e coeficientes de variação. Ciclos XIII, XIV e XV, realizados nos Municípios de Neópolis e Nossa Senhora das Dores, Estado de Sergipe, no decorrer dos anos agrícolas de 1999, 2000 e 2001.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Ciclo XIII 1999	Ciclo XIV 2000	Ciclo XV 2001
Local (L)	1(2) ^a	473211,72**	257031,10**	235140,63**
Progênes (P)	195	635,11**	903,17**	1422,36**
Interação (PxL)	195 (390) ^a	351,43**	538,43**	741,71**
Erro efetivo médio	390 (585) ^a	205,84	159,14	319,44
Médias		105,13	103,76	126,65
C.V.(%)		17,83	12,16	14,11

**Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

^a Refere-se aos graus de liberdade do ciclo XV, realizados em três locais.

Tabela 2. Comparação das produtividades médias das progênes avaliadas e selecionadas nos ciclos XIII, XIV e XV de seleção com a testemunha BR 106.

Ciclo	Materiais	Produtividades médias (kg/ha)	Porcentagem em relação à testemunha
XIII	BR 106	5060	100
	Progênes avaliadas	5288	104
	Progênes selecionadas	6812	135
	Amplitude de variação	3294 a 7381	
XIV	BR 106	5023	100
	Progênes avaliadas	5503	110
	Progênes selecionadas	6898	137
	Amplitude de variação	3283 a 7843	
XV	BR 106	5600	100
	Progênes avaliadas	6734	120
	Progênes selecionadas	8120	145
	Amplitude de variação	4637 a 8848	

mais uma vez, o potencial para a produtividade da variedade em estudo. Vale ressaltar, que os standes médios observados foram de 21,88 plantas/parcela, no ciclo XIII; 23,07 plantas/parcela, no ciclo XIV e 23,13 plantas/parcela, no ciclo XV, correspondendo a 50.299 plantas/ha, 53.034 plantas/ha e 53.172 plantas/ha, estando próximo do estande ideal (55.555 plantas/ha).

As estimativas dos parâmetros genéticos estão na Tabela 3, ressaltando-se que as avaliações das progênes

foram realizadas em dois locais, tornando as estimativas obtidas menos influenciadas pelo componente da interação progênes x locais, à semelhança do ocorrido em outros trabalhos de melhoramento (Pacheco, 1987; Carvalho et al. 2000c e 2000d). Para Hallauer e Miranda Filho (1988) a avaliação de progênes em mais de um local melhora a eficiência do processo seletivo e possibilita a obtenção de estimativas mais consistentes dos componentes da variância. Observa-se, na Tabela 3, que houve acréscimo

Tabela 3. Estimativas obtidas referentes à variância genética entre progênies (σ_p^2), variância genética aditiva (σ_A^2), variância de interação progênies x locais (σ_{pxl}^2), coeficiente de herdabilidade no sentido restrito de médias de progênies (h_m^2), e quanto à seleção massal (h^2), coeficiente de variação genética (C.Vg), índices de variação (b) e ganhos genéticos entre e dentro de progênies de meios-irmãos (Gs), considerando o caráter peso de espigas, para a variedade de milho BR 5028- São Francisco, em três ciclos de seleção. Região Nordeste do Brasil, 1999 a 2001.

Ciclos	σ_p^2	σ_A^2	σ_{pxl}^2	h_m^2	h^2	C.Vg	b	Gs entre		Gs dentro	
	(g/planta) ²			(%)				g/planta	%	g/planta	%
XIII	70,92	283,68	72,79	44,67	16,74	8,01	0,59	9,88	9,39	3,27	3,77
XIV	91,18	364,72	189,64	40,38	24,27	9,20	0,75	10,65	10,26	7,20	6,94
XV	113,44	453,76	211,35	47,85	16,31	8,41	0,60	12,93	10,21	6,30	4,98

da variabilidade genética no decorrer dos ciclos XIII, XIV e XV de seleção. Incrementos na variabilidade genética no desenvolver de ciclos de seleção têm sido relatados por Segovia (1976), Sawazaki (1979) e Carvalho et al. (2000e). Para o primeiro autor, o aumento da variabilidade observada a partir do ciclo IV de seleção com a variedade Centralmex pode ter ocorrido em razão, principalmente, do maior número de progênies selecionadas e recombinadas em cada ciclo. Para Sawazaki (1979), os acréscimos constatados nos ciclos XI, XII e XIII, com progênies da variedade IAC Maia deveu-se à introgressão de algumas linhagens. No entanto, o incremento verificado no ciclo VII, supõe-se, segundo o autor, que foi provocado pela liberação de razoável quantidade de variabilidade genética potencial. Para Mather (1943), citado por Sawazaki (1979), a variabilidade potencial se encontra oculta e se liberta parcialmente no decorrer das gerações. Carvalho et al. (2000e) supõem que o acréscimo verificado do ciclo I para o ciclo II com progênies de meios irmãos da população CMS 453 tenha ocorrido em consequência da liberação de parte da variabilidade genética potencial.

Sabe-se que, quando se pratica seleção em um determinado material, espera-se que ocorra redução na variabilidade genética, o que, segundo Silva e Lonquist (1968), citados por Bigoto (1988), é função da frequência gênica da população, grau de dominância, intensidade de seleção e número de progênies selecionadas para a formação da nova população. Para Weibel e Lonquist (1967) ocorre uma redução inicial na variabilidade com a seleção e a partir do primeiro ciclo, é utilizada a variabilidade latente, presente dentro de blocos poligênicos e que vai sendo liberada gradativamente mediante permuta genética. Moll e Stuber (1974), citados por Bigoto (1988), verificaram que alguns trabalhos reportados na literatura, não apresentaram uma queda significativa na variabilidade

genética. Concordando com essa afirmação, Hallauer (1981) relatando os resultados obtidos em seis programas de seleção nos Estados Unidos, enfatizou que em nenhum deles ocorreu uma diminuição da variância genética aditiva com o avanço dos ciclos de seleção. No tocante ao aumento da variabilidade constatada com o desenvolver dos ciclos XIII, XIV e XV de seleção no presente estudo, supõe-se que o mesmo tenha ocorrido em consequência da liberação de parte da variabilidade genética potencial.

A variância genética aditiva é o componente de grande importância porque ela explica as variações fenotípicas e o ganho esperado com a seleção, sendo responsável pela resposta da população à seleção. As estimativas obtidas para essa variância foram de 283,68 (g/planta)², no ciclo XIII, 364,72 (g/planta)², no ciclo XIV e 453,76 (g/planta)², no ciclo XV, sendo de magnitudes superiores àquelas relatadas por Carvalho et al. (1999b, 2000e e 2000d), também obtidas na média de dois locais. As magnitudes das estimativas dessa variância evidenciam o potencial dessa variedade na continuidade do programa de melhoramento e, segundo Paterniani (1968), é do máximo interesse que essa variância permaneça tão alta quanto possível, para permitir progressos substanciais por seleção. As estimativas da variância da interação progênies x locais, nos ciclos XIII, XIV e XV foram 3%, 72% e 86% maiores que as respectivas estimativas das variâncias genéticas entre progênies, o que evidencia divergência de comportamento das progênies entre os locais, principalmente nos ciclos XIV e XV. Quando se objetiva selecionar materiais genéticos para ambientes mais amplos deve-se realizar as avaliações em mais de um local, em razão de a seleção efetuada em um só local poder superestimar o ganho pela interação genótipos x ambientes.

Ainda na Tabela 3 observa-se que os valores dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito com

médias de progênies (h_m^2) foram de 44,67%, no ciclo XIII, 40,38% no ciclo XIV e 47,85 no ciclo XV, superando os valores médios reportados nos levantamentos realizados por Ramalho (1977) e Vencovsky et al. (1987), citados por Bigoto (1988). Deve-se considerar que as estimativas obtidas por esses autores devem estar superestimadas em razão de as avaliações das progênies serem realizadas em um local. Nota-se também, nessa Tabela 3, que as estimativas de h_m^2 superaram os valores expressos para a herdabilidade a nível de plantas individuais (h^2), os quais foram de 16,74%, no ciclo XIII, 24,27%, no ciclo XIV e 16,31%, no ciclo XV, o que denota que a seleção entre progênies de meios-irmãos deve ser mais eficiente que a seleção individual para o presente caso, e essa evidência está de acordo com Sawazaki (1979), Bigoto (1988), Carvalho et al. (2000c, 2000d e 2000e).

As estimativas dos coeficientes de variação genética foram de 8,01%, no ciclo XIII, 9,20 %, no ciclo XIV e 8,41%, no ciclo XV, e elas indicam a quantidade de variabilidade genética entre progênies, em relação às médias populacionais e refletem boa variação entre as progênies em todos os ciclos de seleção. Comparando-se a variabilidade genética dos diferentes ciclos, através dos índices de variação b, constatou-se que o ciclo XIV forneceu uma situação mais favorável para a seleção. Os resultados obtidos com os índices b superaram aqueles apresentados por Segovia (1976), Santos e Napolini Filho (1986) e Carvalho et al. (1994).

Os ganhos estimados com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram de 9,39% e 3,77%, totalizando 13,16%, no ciclo XIII; 10,26% e 6,94%, totalizando 17,20%, no ciclo XIV e 10,21% e 4,98%, totalizando 15,19%, no ciclo XV, sendo o ganho médio por ciclo de 15,18%, e foram de magnitudes superiores em relação àqueles relatados por Carvalho et al., (2000b), nos ciclos X, XI e XII, com progênies de meios-irmãos da variedade São Francisco, e também, superaram os obtidos nos ciclos XI, XII e XIII, com progênies de meios-irmãos da variedade Sertanejo (Carvalho et al. 1999b). Tais valores expressam juntamente com as altas magnitudes dos demais parâmetros genéticos e as altas médias de produtividades de espigas das progênies, a variabilidade presente na variedade BR 5028 São Francisco.

Santos e Napolini Filho (1986) têm relatado progressos genéticos esperados com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, em vários trabalhos da literatura, sendo, porém, um ciclo completado a cada dois anos (Webel e Lonquist, 1967; Paterniani, 1968; Segovia, 1976; Compton e Bahadur, 1977; Aguillar Moran, 1984). As magnitudes obtidas no

presente trabalho concordam com as obtidas pelos autores acima mencionados. Entretanto, deve-se destacar a sua superioridade quando são feitas comparações de um ano para dois anos e o fato também, de as estimativas do presente trabalho serem obtidas na média de dois locais, estando menos influenciadas pela interação progênies x locais. Vale ressaltar que os ganhos obtidos com a seleção entre progênies superaram aqueles encontrados com a seleção dentro de progênies, evidenciando uma maior eficiência com a seleção entre progênies, o que é concordante com os relatos de Santos e Napolini Filho (1986). Considerando a variabilidade detectada a partir das estimativas dos parâmetros genéticos e o fato de essa variedade apresentar alto potencial para a produtividade, acredita-se que substanciais progressos poderão advir com a continuidade do programa de melhoramento.

Conclusões

1. As magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos indicam que a variedade BR 5028 São Francisco possui alta variabilidade genética, o que dá perspectivas de ganhos subsequentes para produção de espigas com o desenvolver de novos ciclos de seleção.
2. O ganho médio esperado com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos é de 15,18%.
3. A magnitude de interação progênies x locais evidencia a importância de se avaliar as progênies em mais de um local, por melhorar a eficiência do processo seletivo e obter estimativas mais consistentes dos componentes da variância.
4. Após a realização de quinze ciclos de seleção, a variedade BR 5028 São Francisco ainda apresenta uma quantidade apreciável de variabilidade genética.

Literatura Citada

- AGUILLAR MORAN, J. F. 1984. Avaliação do potencial de linhagens e respectivos testadores obtidas de duas populações de milho (*Zea mays* L.). Dissertação de Mestrado. Piracicaba, ESALQ. 118p.
- BIGOTO, C. A. 1988. Estudo da população ESALQ-PB I de milho (*Zea mays* L.) em cinco ciclos de seleção recorrente. Dissertação de Mestrado. Piracicaba, ESALQ. 122p.

- CARVALHO, H. W. L. de.; et al. 1994. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho BR 5028- São Francisco no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 29(11): 1727-1733.
- CARVALHO, H. W. L. de.; et al. 1998a. Melhoramento genético da variedade de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 33(4): 441-448.
- CARVALHO, H. W. L. de .; et al. 1998b. Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho BR 5011 Sertanejo no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 35(5): 713-720.
- CARVALHO, H. W. L. de.; et al. 1999a. Adaptabilidade e estabilidade de produção de cultivares de milho no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 34(9): 1581-1591.
- CARVALHO, H. W. L de.; et al. 1999b. Estimativas de parâmetros genéticos na variedade de milho BR 5011-Sertanejo no Nordeste brasileiro. *Agrotrópica (Brasil)* 11(3): 141-146.
- CARVALHO, H. W. L. de.; et al. 2000a. Estabilidade de cultivares de milho em três ecossistemas do Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 35(9): 1773-1781.
- CARVALHO, H. W. L de.; et al. 2000b. Estimativas de parâmetros genéticos na variedade de milho BR 5028 São Francisco no Nordeste brasileiro. *Agrotrópica (Brasil)* 12(1): 15-20.
- CARVALHO, H. W. L. de.; et al. 2000c. Melhoramento genético da cultivar de milho BR 5033-Asa Branca no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 35(7): 1417-1425.
- CARVALHO, H. W. L de.; et al. 2000d. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS 52. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 35(8): 1621-1628.
- CARVALHO, H. W. L de.; et al. 2000e. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS 453 no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 35(8): 1577-1584.
- CARVALHO, H. W .L. de.; et al. 2000f. Potencial genético da cultivar de milho BR 5011-Sertanejo nos Tabuleiros Costeiros do Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 35(6): 1169-1176.
- CARVALHO, H. W. L. de.; et al. 2001. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares e híbridos de milho no Nordeste brasileiro no ano agrícola de 1998. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 36(4): 637-644.
- COMPTON, W.A.; BAHADUR, K. 1977. Ten cycles of progress from modified ear-to-row selection in corn. *Crop Science* 17: 378-380.
- GARDNER, C. O. 1961. An evolution of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. *Crop Science* 1: 241-245.
- HALLAUER, A. R. 1981. Selection and breeding methods. In: Frey, K, J. (Ed.). *Plant breeding*. Ames, Iowa State University Press. pp.3-55.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. 1988. *Quantitative genetics in maize breeding*. 2. Ed. Ames, Iowa, State University Press. 468p.
- PACHECO, C. A. P. 1987. Avaliação de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS 39 em diferentes condições de ambiente - 2º de seleção. *Dissertação de Mestrado*. Lavras, ESAL. 109p.
- PATERNIANI, E. 1968. Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.). *Dissertação de Mestrado*. Piracicaba, ESALQ. 92p.
- RAMALHO, M. A. P. 1977. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. *Dissertação de Mestrado*. Piracicaba, ESALQ. 122p.
- SANTOS, M. X. dos.; NASPOLINI FILHO. W. 1986. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) Dentado Composto Nordeste. Ribeirão Preto. *Revista Brasileira de Genética* 9(2): 307-3019.
- SAWAZAKI, E. 1979. Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para a produção de grãos no milho IAC Maia. *Dissertação de Mestrado*. Piracicaba, ESALQ. 99p.
- SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. 1995. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 30(5): 683-686.
- SEGOVIA, R. T. 1976. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Tese de Doutorado. Piracicaba, ESALQ. 98p.
- VENCOVSKY, R. 1978. Herança quantitativa. In: Paterniani, E. (Ed.). *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. Piracicaba, ESALQ. pp.122-201.

- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética. 496p.
- WEBEL, O. D.; LONQUIST, J. H. 1967. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). *Crop Science* 7: 651-655.