

## Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe<sup>(1)</sup>

Hélio Wilson Lemos de Carvalho<sup>(2)</sup>, Maria de Lourdes da Silva Leal<sup>(2)</sup>, Manoel Xavier dos Santos<sup>(3)</sup> e Evanildes Menezes de Souza<sup>(2)</sup>

**Resumo** – No período de 1999 a 2001, a população de milho CPATC-3 foi submetida a três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, em dois municípios de Sergipe, visando obter estimativas de parâmetros genéticos, para posterior verificação do comportamento da variabilidade genética em relação ao peso de espiga. Em cada ciclo foram avaliadas 196 progênies de meios-irmãos, em blocos ao acaso, com duas repetições, com recombinação das progênies superiores dentro do mesmo ano agrícola, de modo a se obter um ciclo/ano. Foram observadas diferenças altamente significativas entre as progênies que podem ser obtidas da população-base, em todos os ciclos de seleção, o que evidencia a presença de variabilidade genética entre elas. As magnitudes dos parâmetros genéticos mostraram que a população CPATC-3 possui variabilidade genética suficiente, a qual fornece perspectivas de aumentos subsequentes de produção de espigas que, associadas ao bom rendimento apresentado, tornam essa variedade importante alternativa para a agricultura nordestina.

**Termos para indexação:** *Zea mays*, população vegetal, variação genética, melhoramento vegetal.

### Genetic parameters estimates in the maize population CPATC-3 in two locals of Sergipe State, Brazil

**Abstract** – From 1999 to 2001, the maize population CPATC-3 was submitted to three selection cycles among and within half sib families in two sites of Sergipe State in order to obtain genetic parameters estimates and to verify the behavior of the genetic variability for ear weight. In each selection cycle, 196 half sib families were evaluated in a completely randomized block design with two replications per local and the recombination of the best families within the same agricultural year was made. The results showed highly significant differences among the families from the base population and for all selection cycles, evidencing the genetic variability presence for ear weight. The genetic parameters estimates showed that the maize population CPATC-3 presents genetic variability for increasing ear weight and offers good perspectives to continue the breeding program.

**Index terms:** *Zea mays*, plant population, genetic variation, plant breeding.

### Introdução

A seleção de variedades adaptadas e portadoras de atributos agrônômicos desejáveis reveste-se de grande importância para o Nordeste brasileiro, onde a maioria dos produtores de milho têm capital limitado e não podem investir em tecnologias de produ-

ção. Nesse contexto, justifica-se o desenvolvimento de um programa de melhoramento voltado para a obtenção de variedades, que podem provocar melhorias substanciais nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais, predominantes na região.

Utiliza-se o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos por sua eficiência na obtenção de progressos mais rápidos e pela possibilidade de realização de um ciclo por ano. A análise dos dados do teste de progênie permite estimar a variância genética aditiva na população base e, em consequência, verificar quais as chances de êxito na seleção e quais alterações podem ocorrer na variabilidade genética, no desenvolvimento de sucessivos ciclos de seleção.

<sup>(1)</sup> Aceito para publicação em 10 de outubro de 2002.

<sup>(2)</sup> Embrapa-Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros, Av. Beira-Mar, 3250, Caixa Postal 44, CEP 49001-970 Aracaju, SE. E-mail: helio@cpatc.embrapa.br, lurdinha@cpatc.embrapa.br, eva@cpatc.embrapa.br

<sup>(3)</sup> Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, Caixa Postal 152, CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG. E-mail: xavier@cnpmis.embrapa.br

A eficiência desse método de seleção tem sido comprovada em diversos trabalhos (Paterniani, 1967, 1968; Webel & Lonnquist, 1967; Carvalho et al. 2000c, 2000d), quanto às magnitudes dos parâmetros genéticos, especialmente, a variância genética aditiva e os ganhos esperados por seleção para a produtividade de grãos. Assim, Ramalho (1977), em um levantamento realizado no Brasil até o ano de 1976, envolvendo trinta trabalhos, relatou um valor médio para a variância genética aditiva de  $320,0 \text{ (g/planta)}^2$ , com intervalo de variação de  $41,0$  a  $758,0 \text{ (g/planta)}^2$ , e enfatizou ser esta a parte herdável da variância genética e a única aproveitável na seleção. Miranda Filho (1985) e Vencovsky (1988), citados por Packer (1998), relataram valores médios para essa variância de  $306,0 \text{ (g/planta)}^2$  em 45 populações brasileiras e,  $309,0 \text{ (g/planta)}^2$  em 58 populações brasileiras, respectivamente. Hallauer & Miranda Filho (1988) mostraram um valor médio de  $469,0 \text{ (g/planta)}^2$ , em 99 populações norte-americanas. A maioria dessas estimativas foi obtida em um só local, sofrendo influências da interação progênes x locais. No Nordeste brasileiro, onde várias populações têm sido submetidas a diversos ciclos de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos, as estimativas da variância genética aditiva obtidas nos locais de cultivo têm sido mais expressivas, a exemplo daquelas encontradas nos ciclos original [ $2.583,2 \text{ (g/planta)}^2$ ], I [ $1.539,6 \text{ (g/planta)}^2$ ] e II [ $1.119,2 \text{ (g/planta)}^2$ ] com progênes da variedade BR 5033 (Carvalho et al., 2000d) e, nos ciclos VI [ $854,0 \text{ (g/planta)}^2$ ] e VII [ $865,0 \text{ (g/planta)}^2$ ] com progênes da variedade Sertanejo (Carvalho et al., 2000c). Valores menos expressivos, encontrados na média de dois locais, foram registrados nos ciclos VIII [ $188,0 \text{ (g/planta)}^2$ ] e X [ $171,0 \text{ (g/planta)}^2$ ] com progênes da variedade Sertanejo (Carvalho et al., 2000c); nos III [ $42,1 \text{ (g/planta)}^2$ ] e [ $34,0 \text{ (g/planta)}^2$ ], com progênes dos ciclos I [ $133,2 \text{ (g/planta)}^2$ ] e II [ $134,8 \text{ (g/planta)}^2$ ], da população CMS 52 (Carvalho et al., 2000b) e com progênes do ciclo I [ $103,38 \text{ (g/planta)}^2$ ], da população CMS 453 (Carvalho et al., 2000a).

O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3, em dois locais de Sergipe, a fim de verificar o comportamento da variabilidade genética em relação à característica peso de espigas e à eficiência

do método de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos.

## Material e Métodos

No ano agrícola de 1998, a variedade de milho BR 5011 Sertanejo, de ciclo semitardio e porte normal foi cruzada com a variedade BR 5028 São Francisco, de ciclo precoce e porte baixo de planta e de inserção da primeira espiga. Desse cruzamento resultou a geração  $F_1$  que recebeu a denominação de CPATC-3 e tem a maioria das características mais semelhantes à variedade BR 5011 Sertanejo. É um material mais heterogêneo do que qualquer um dos pais, fato que o torna mais adequado para a seleção. Nesse mesmo ano agrícola, foi praticado um ciclo de seleção massal simples nessa população, em que foram obtidas 196 progênes de meios-irmãos, com base em boas características agrônômicas de altura de planta e de espiga, resistência ao acamamento e quebraamento do colmo, prolificidade, empalhamento, tipo e coloração de grãos e disposição das fileiras na espiga. A seguir, foram realizados três ciclos de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos, no decorrer dos anos agrícolas de 1999 (ciclo original), 2000 (ciclo I) e 2001 (ciclo II), nos municípios de Nossa Senhora das Dores e Neópolis, no Estado de Sergipe.

Utilizou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, com duas repetições. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0 m de comprimento, espaçadas de 0,90 m e 0,40 m entre covas dentro das fileiras. Após o desbaste, foram mantidas duas plantas por cova. Após a realização dos ensaios, foi praticada uma intensidade de seleção de 10% entre progênes. As progênes selecionadas foram recombinadas em lote isolado por despendoamento, onde foram selecionadas 196 novas progênes, correspondendo à intensidade de seleção de 10% dentro de progênes, no mesmo ano agrícola. Todos os ensaios e campos de recombinação receberam 80 kg/ha de N e 100 kg/ha de  $P_2O_5$ , na forma de uréia e superfosfato simples, respectivamente. Todo o P e um terço do N foram aplicados por ocasião do plantio no fundo dos sulcos, e o restante do N foi aplicado em cobertura, na quarta semana após o plantio. Na colheita, o peso de espigas de progênie foi verificado e ajustado para 15% de umidade. Não foi feita a correção para o estande em razão das 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 indivi-

duos, obtendo-se, assim, todas as estimativas nesse nível e expressas em (g/planta)<sup>2</sup>, conforme Vencovsky (1978). As estimativas da variância aditiva ( $\sigma^2_A$ ), da variância fenotípica nas próprias plantas ( $\sigma^2_F$ ) e entre médias de progênies ( $\sigma^2_{Fp}$ ), 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 & Barriga, 1992):

$(\sigma^2_A) = 4 (\sigma^2_p)$ : variância genética aditiva;

$(\sigma^2_F) = \sigma^2_p + \sigma^2_{pxl} + \sigma^2_e + \sigma^2_d$ : variância fenotípica das plantas;

$(\sigma^2_{Fp}) = \sigma^2_p + \sigma^2_e/r + \sigma^2_d/nr$ : variância fenotípica das médias de famílias;

$h^2_m = \sigma^2_p/(\sigma^2_{Fp})$ : herdabilidade no sentido restrito considerando as médias de progênies;

$h^2 = \sigma^2_A/\sigma^2_F$ : herdabilidade no sentido restrito das plantas.

O índice de variação (b) foi determinado pela relação  $CVg/Cve$ , em que  $CVg$  é o coeficiente de variação genotípico, e  $Cve$  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:

$$Gs = [K_1 \cdot \sigma^2_p/(\sigma^2_F)] + [K_2 \cdot (3/8) \sigma^2_A/\sigma_d],$$

em que,  $K_1$  é o diferencial de seleção standardizado, que depende da intensidade de seleção entre progênies = 10% (1,755);  $K_2$  é o diferencial de seleção standardizado, que depende da intensidade de seleção dentro de progênies = 10% (1,755);  $\sigma^2_F$  é o desvio-padrão fenotípico entre médias de progênies de meios-irmãos;  $\sigma_d$  é o desvio-padrão fenotípico dentro de progênies de meios-irmãos.

Para cálculo dos ganhos considerou-se  $\sigma^2_d = 10\sigma^2_e$  (Gardner, 1961).

## Resultados e Discussão

As análises de variância conjuntas revelaram diferenças significativas entre as progênies, em todos os ciclos de seleção, o que evidencia a presença de variabilidade genética entre elas, quanto ao peso de espigas (Tabela 1). Foram detectadas também, nesses ciclos de seleção, evidências de interação progênies x locais, o que revela comportamento diferenciado das progênies em face das oscilações ambientais. A importância da interação progênies x locais vem sendo avaliada em trabalhos similares de melhoramento em outros locais do Nordeste brasileiro (Carvalho et al., 2000b, 2000c, 2000d). Os coeficientes de variação obtidos foram de 12,17%, no ciclo original, 10,07%, no ciclo I e 12,35%, no ciclo II, considerados como médios, em relação ao peso de espigas (Scapim et al., 1995), conferindo boa precisão aos ensaios, e desse modo permitindo a obtenção de melhor resposta à seleção.

As produtividades médias obtidas com as 196 progênies foram de 6.914 kg/ha, no ciclo original, 6.314 kg/ha, no ciclo I e 7.807 kg/ha, no ciclo II (Tabela 2). As progênies selecionadas produziram, respectivamente, 8.087 kg/ha, 7.761 kg/ha e 9.104 kg/ha, nos ciclos original, I e II. Esses valores atestam o alto potencial em relação à produtividade da população CPATC-3. As progênies avaliadas produziram 9%, 13% e 16% a mais que a testemunha BR 106, nos ciclos original, I e II, respectivamente. Nos respectivos ciclos de seleção, as progênies selecionadas superaram a variedade BR 106 em 28%, 39% e 36%. Tomando-se o ciclo original

**Tabela 1.** Quadrados médios das análises de variância conjunta de pesos de espiga, em (g/planta)<sup>2</sup>, médias de produtividades (g/planta) e coeficiente de variação (%), nos ciclos original (1999), I (2000) e II (2001), da população de milho CPATC-3, nos municípios de Neópolis e Nossa Senhora das Dores, no Estado de Sergipe.

Fonte de variação	GL	Quadrados médios		
		Ciclo original	Ciclo I	Ciclo II
Locais (L)	1	148.903,19**	75.106,82**	227.484,44**
Progênies (P)	195	757,22**	989,87**	829,63**
Interação (PxL)	195	454,16**	508,85**	496,04**
Erro efetivo médio	390	260,09	138,27	338,32
Médias		132,51	116,72	148,88
CV (%)		12,17	10,07	12,35

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

como 100, a produção do ciclo I sofreu uma queda de 9% e o ciclo II, um acréscimo de 13%. A superioridade do ciclo II em relação ao ciclo original pode ser observada na produtividade da testemunha BR 106 e nas progênies que atingiram valores de até 10.029 kg/ha.

As estimativas dos parâmetros genéticos encontrados nos três ciclos de seleção foram obtidas na média de dois locais e, portanto, não foram influenciadas pela interação progênies x locais (Tabela 3). Hallauer & Miranda Filho (1988) enfatizam que a avaliação de progênies em mais de um local melhora a eficiência do processo seletivo e permite a obtenção de estimativas mais consistentes dos componentes da variância. Houve acréscimo da variabilidade genética no ciclo I em relação ao ciclo original. Isto não é esperado, pois resultados relatados por diversos autores têm mostrado redução do ciclo original para o ciclo I, utilizando esse tipo de progênie (Webel & Lonquist, 1967; Carvalho et al., 2000c). Ramalho (1977) ressalta que essa redução foi resultante da utilização máxima da variabilidade livre no ciclo original.

**Tabela 2.** Produtividade média da testemunha BR 106 e das progênies avaliadas e selecionadas da população de milho CPATC-3 nos ciclos de seleção original, I e II e porcentagens médias das progênies avaliadas e selecionadas em relação à testemunha nos municípios de Neópolis e Nossa Senhora das Dores, Sergipe, 1999 a 2001.

Material	Produtividade média (kg/ha)	Porcentagem em relação à testemunha
Ciclo original		
BR 106	6.320	100
Progênies avaliadas	6.914	109
Progênies selecionadas	8.087	128
Amplitude de variação	4.519 a 9.390	
Ciclo I		
BR 106	5.582	100
Progênies avaliadas	6.314	113
Progênies selecionadas	7.761	139
Amplitude de variação	4.381 a 8.875	
Ciclo II		
BR 106	6.706	100
Progênies avaliadas	7.807	116
Progênies selecionadas	9.104	136
Amplitude de variação	5.710 a 10.029	

No melhoramento de populações de polinização aberta, a variância genética aditiva contribui significativamente na resposta à seleção da população. Vários trabalhos (Paterniani, 1967; Webel & Lonquist, 1967; Ramalho, 1977; Hallauer & Miranda Filho, 1988; Packer, 1998) relatam, nessas populações, a existência da variância genética aditiva, a qual é a principal componente da variação genética do caráter produtividade de grãos. As magnitudes obtidas em relação a essa variância nos ciclos original, I e II (Tabela 3) estão dentro dos limites relatados por Ramalho (1977) e Vencovsky (1988), citado por Packer (1998). No entanto, a maioria das estimativas relatadas nesses levantamentos estão superestimadas, em razão das avaliações das progênies serem realizadas em um só local, onde não se pôde isolar a variância genética da interação genótipo x ambiente. Os valores das estimativas da variância genética aditiva relatadas no presente trabalho foram concordantes com as estimativas obtidas em trabalhos similares de melhoramento realizados em outros locais do Nordeste brasileiro, com avaliações das progênies realizadas em dois locais (Carvalho et al., 2000b, 2000c, 2000d) e ressaltam a grande variabilidade genética presente na população CPATC-3. As estimativas das variâncias das interações progênies x locais (Tabela 3) mostraram a mesma tendência observada nos outros parâmetros genéticos, e o valor mais alto detectado no ciclo I. Quando se pretende obter materiais genéticos para ambientes mais amplos, torna-se necessário efetuar as avaliações desses materiais em mais de um local. Tal procedimento possibilita a obtenção de estimativas mais consistentes dos componentes da variância. A magnitude dessa interação é dependente do tipo de material ensaiado e das condições de ambientes conforme Vencovsky (1987), citado por Bigoto (1988).

Os valores da herdabilidade devem ser computados na base do tipo da unidade de seleção que é usada para estimar o ganho esperado. Como no presente trabalho a unidade de seleção foi a média de progênies, as magnitudes encontradas dos coeficientes de herdabilidade oscilaram de 40,02% a 48,59% (Tabela 3) e são compatíveis com os valores encontrados por Carvalho et al. (2000a, 2000b) e superiores aos relatados por Carvalho et al. (2000c),

todos relativos à média de dois locais. Em todos esses casos, os autores reportaram ganhos no aumento de produtividade, à semelhança do ocorrido no presente caso (Tabela 3). Os coeficientes de herdabilidade registrados com a seleção massal ( $h^2$ ) foram inferiores em relação aos obtidos com as médias das progênes, sugerindo que a seleção com progênes de meios-irmãos é mais eficiente que a seleção massal, o que está de acordo com Carvalho et al. (2000c, 2000d).

As estimativas obtidas dos coeficientes de variação genética e dos índices  $b$  mostraram as mudanças ocorridas na variabilidade genética da população CPATC-3 no decorrer dos três ciclos de seleção (Tabela 3). Os valores dos coeficientes de variação genética refletem maior variação entre as progênes no ciclo I do que entre as progênes nos ciclos original e II. Os índices  $b$  mostraram as mesmas tendências registradas com relação aos coeficientes de variação genética, e suas magnitudes revelaram que o ciclo II forneceu uma situação mais favorável para a seleção ( $b = 1,09$ ). Embora o índice de variação  $b$  possa ser usado na comparação da variabilidade genética, a finalidade principal desse componente, segundo Vencovsky & Barriga (1992), é indicar se os materiais genéticos em questão, numa dada fase de avaliação, se prestam à seleção. De acordo com esses autores, quando o coeficiente atinge o valor 1,0 ou mais, na experimentação com progênes de meios-irmãos, indica uma situação mais favorável para a seleção.

Os ganhos estimados com a seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos foram de 7,30% e 3,55%, no ciclo original; 11,48% e 8,68%, no ciclo I; e 6,82% e 3,04%, no ciclo II, respectivamente. Na média dos três ciclos obteve-se um ganho estimado de 13,62%, sendo da mesma magnitude dos registrados por Carvalho et al. (2000a, 2000b), na média dos ciclos original, I e II de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos, com as populações BR 5028 São Francisco, CMS 453 e CMS 52, respectivamente. Estas magnitudes foram também obtidas na média de dois locais.

Nas condições do presente trabalho, um ciclo de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos com sementes remanescentes foi completado em um ano, em razão das progênes serem avaliadas na época do inverno, e a recombinação ser realizada no período seco, com irrigação. Vários trabalhos têm relatado progressos genéticos esperados com a seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos, sendo, porém, um ciclo completado em dois anos (Webel & Lonnquist, 1967; Paterniani, 1968). Os resultados obtidos no presente trabalho, além de serem compatíveis com os encontrados pelos autores acima mencionados, são superiores, quando são feitas comparações de um ano para dois anos, e as estimativas foram obtidas na média de dois locais, estando, assim, menos influenciadas pela interação progênes x locais. Os ganhos estimados pela seleção entre progênes foram superiores em relação aos registrados pela seleção massal. Na média dos três

**Tabela 3.** Estimativas obtidas referentes às variâncias genéticas entre progênes ( $\sigma_p^2$ ), aditiva ( $\sigma_A^2$ ) e da interação progênes x locais ( $\sigma_{pxl}^2$ ), coeficiente de herdabilidade no sentido restrito com médias de progênes ( $h_m^2$ ), em relação à seleção massal ( $h^2$ ) e de variação genética (CVg), índice  $b$  e ganhos genéticos entre e dentro de progênes de meios-irmãos (Gs), considerando o caráter peso de espigas, na população de milho CPATC-3, nos municípios de Neópolis e Nossa Senhora das Dores, 1999 a 2001<sup>(1)</sup>.

$\sigma_p^2$	$\sigma_A^2$	$\sigma_{pxl}^2$	$h_m^2$	$h^2$	CVg	$b$	Gs entre		Gs dentro	
							g/planta	%	g/planta	%
Ciclo original										
75,76	303,04	97,05	40,02	14,03	6,56	0,53	9,67	7,30	4,70	3,55
Ciclo I										
120,25	481,02	185,29	48,59	34,94	10,96	1,09	13,40	11,48	10,14	8,68
Ciclo II										
83,39	333,56	78,96	40,20	12,12	6,13	0,50	10,16	6,82	4,53	3,04

<sup>(1)</sup>Nos cálculos dos ganhos considerou-se a relação  $\sigma_d^2 = 10\sigma_e^2$ , conforme Gardner (1961).

ciclos, constatou-se um ganho médio estimado pela seleção entre progênies de 8,53% e pela seleção massal, de 5,09%, o que evidencia uma maior contribuição na seleção entre progênies de meios-irmãos. Considerando a variabilidade genética detectada a partir das estimativas dos parâmetros genéticos e o fato de essa população apresentar alto potencial em relação à produtividade, acredita-se que há possibilidades de se obter respostas à seleção quanto à produtividade e à adaptação, com o desenvolvimento de novos ciclos de seleção.

### Conclusões

1. A população CPATC-3 apresenta alto potencial de produtividade.
2. O ganho médio estimado com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos é de 13,62% para a produtividade de grãos.
3. A seleção deve ser realizada em mais de um local.
4. A população CPATC-3 apresenta variabilidade genética relevante em programas de melhoramento com vistas ao aumento da produtividade.

### Referências

- BIGOTO, C. A. **Estudo da população ESALQ-PB I de milho (*Zea mays* L.) em cinco ciclos de seleção recorrente**. 1988. 122 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1988.
- CARVALHO, H. W. L. de; GUIMARÃES, P. E. de O.; LEAL, M. de L. da S.; CARVALHO, P. C. L. de; SANTOS, M. X. dos. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS 453 no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1577-1584, ago. 2000a.
- CARVALHO, H. W. L. de; LEAL, M. de L. da S.; GUIMARÃES, P. E. de O.; SANTOS, M. X. dos; CARVALHO, P. C. L. de. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS 52. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1621-1628, ago. 2000b.
- CARVALHO, H. W. L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos; PACHECO, C. A. P. Potencial genético da cultivar de milho BR 5011-Sertanejo nos tabuleiros costeiros do Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 6, p. 1169-1176, jun. 2000c.
- CARVALHO, H. W. L. de; SANTOS, M. X. dos; LEAL, M. de L. da S.; CARVALHO, P. C. L. de. Melhoramento genético da cultivar de milho BR 5033-Asa Branca no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 7, p. 1417-1425, jul. 2000d.
- GARDNER, C. O. An evolution of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**, Madison, v. 1, p. 241-245, 1961.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd. ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.
- PACKER, D. **Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.)**. 1998. 100 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1998.
- PATERNIANI, E. **Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.)**. 1968. 92 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1968.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 7, n. 3, p. 212-216, 1967.
- RAMALHO, M. A. P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas**. 1977. 122 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1977.
- SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, maio 1995.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Piracicaba: Esalq, 1978. p. 122-201.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.
- WEBEL, O. D.; LONNQUIST, J. H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 7, p. 651-655, 1967.