

# ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM DOIS CICLOS DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS NA POPULAÇÃO DE MILHO CMS 453, DE ALTA QUALIDADE PROTÉICA

Hélio Wilson Lemos de Carvalho, Maria de Lourdes da Silva Leal<sup>1</sup>,  
Cleso Antônio Patto Pacheco ; Manoel Xavier dos Santos,

**RESUMO:** Dois ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram praticados na população de milho CMS 453, no decorrer dos anos agrícolas de 1998 e 1999, no intuito de se obter estimativas de parâmetros genéticos, para posterior verificação da variabilidade genética. As 196 progênies de cada ciclo foram avaliadas em látice simples 14x14, com duas repetições, realizando-se as recombinações das progênies selecionadas dentro do mesmo ano agrícola, de modo a se obter um ciclo/ano. As magnitudes dos parâmetros genéticos associados às altas médias de produtividades de espigas das progênies evidenciaram a variabilidade genética presente na população após a realização do ciclo V de seleção o que evidencia o grande potencial da população em responder à seleção para aumento de produtividade de espigas, o que permitirá à obtenção de um material melhor adaptado às condições edofoclimáticas do Nordeste brasileiro. Os teores de triptofano e lisina, na média de dois ciclos de seleção, foram de 0,83% e 4,0%, respectivamente, conferindo alta qualidade protéica à população CMS 453.

**Palavras-chave:** melhoramento genético, ganhos genéticos, variação genética, métodos de melhoramento.

GENETIC PARAMETERS ESTIMATES IN TWO SELECTION CYCLES AMONG  
AND WITHIN HALF SIB FAMILIES IN THE QUALITY PROTEIN (QPM)  
POPULATION CMS 453

**ABSTRACT:** In the agricultural years 1998/1999 two selection cycles among and within half sib families were carried out in the maize population CMS 453 with the objective of obtaining genetic parameters estimates in order to verify the genetic variability. From each selection cycle 196 half sib families were evaluated in a simple lattice 14 x 14 with two replication and the plot was formed by one row with 5m. The selected families were recombined in the same season obtaining one cycle/year. The magnitudes of the genetic parameters associated with high productivity of the families showed genetic variability in the population after the fifth selection cycle. This shows the potential of the population in answering to the selection for increasing ear production allowing to obtain a better material adapted to the edafo-climate conditions of the Brazilian Northeast region. In the average of two selection cycles the tryptophan and lysine content in the protein were of 0,83% and 4,0%, respectively, showing quality protein of the population CMS 453.

**Key-words:** maize breeding, genetic gain, genetic variation, breeding methods.

<sup>1</sup>Eng. Agr., M. Sc., Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar 3250, C.P. 44, CEP 49001-970, Aracaju/SE.

<sup>2</sup>Eng. Agr., Ph. D., Embrapa Milho e Sorgo, Rod. MG 424, Km 65, Caixa Postal 151, CEP 35701-970, Sete Lagoas/MG.

## INTRODUÇÃO

A utilização de cultivares de milho de alta qualidade protéica em regiões onde a população de baixa renda apresenta graves problemas de desnutrição provocada, basicamente, por um "déficit" protéico, é de fundamental importância, pela sua utilização na suplementação da dieta alimentar, em programas de combate à fome e à miséria e na formulação de rações mais baratas para animais monogástricos, como suínos, aves, peixes e equídeos, os quais aproveitam melhor o maior valor biológico da proteína do milho de alta qualidade protéica. A produção de milho no Nordeste brasileiro é de 2,9 milhões de toneladas (Anuário Estatístico do Brasil, 1999), que fornecem cerca de 261.000 toneladas de proteína, de baixo valor biológico, por apresentarem baixos teores dos aminoácidos essenciais como triptofano e lisina. PACHECO *et al.* (1999) ressaltam que o grão de milho possui de 8% a 9% de proteínas, distribuídas no endosperma (cerca de 80%) e no embrião (cerca de 20%) e que a forma de proteína predominante no embrião é a de não-zeínas (60% de albuminas), proteínas estruturais de alto valor biológico enquanto que no endosperma predominam as zeínas (60% de prolamina), proteína de reserva que tem baixo valor biológico devido ao desequilíbrio de aminoácidos essenciais provocado pelo alto teor de leucina e pela deficiência de lisina e triptofano, resultando em milhos de menor qualidade protéica.

No entanto, após à descoberta do mutante opaco-2, constatou-se que os genótipos contendo o referido gene apresentavam grãos com 50% a mais de lisina e triptofano, aumentando o valor biológico da proteína do milho de cerca de 60% para 90% da proteína do leite. Contudo, os genótipos contendo o referido gene não foram bem aceitos pelos agricultores em face da sua aparência opaca e textura farinácea, o que resulta em menor densidade dos grãos, menor produtividade e maior susceptibilidade a pragas, doenças e danos mecânicos (MERTZ, 1994, citado por PACHECO *et al.*, 1999). No entanto, trabalhos realizados por Vasal *et al.* (1980), citados por MAGNAVACA *et al.* (1988) conseguiram superar os problemas associados ao opaco-2 por meio de introdução de genes modificadores de endosperma e seleção contínua para grãos vítreos e maior densidade. PACHECO *et al.* (1999) ressaltam também que o aumento dos teores de lisina e triptofano nos milhos de

alta qualidade protéica é explicado pela redução da fração zeína e pelo aumento da fração não-zeína das proteínas do endosperma.

Diversas populações denominadas "Quality Protein Maize" - QPM foram então desenvolvidas no Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT). MAGNAVACA *et al.* (1988) interessados em verificar o comportamento desses novos genótipos em diferentes regiões produtivas do milho no Brasil, precederam a avaliação de 23 populações - QPM em seis locais, no ano agrícola de 1984, concluindo que essas populações mostraram alta produtividade média de espigas, com possibilidade de serem utilizadas em cruzamentos para obtenção de variedades de alta qualidade protéica. Dessa forma, o programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo desenvolveu novas variedades a partir dessas populações introduzidas e criou novas populações pelo cruzamento de populações elites do CIMMYT com populações elites comuns da Embrapa Milho e Sorgo, (GUIMARÃES *et al.*, 1994). Variedades, tais como, BR 451 e BR 473, e o híbrido duplo BR 2121, após apresentarem bons rendimentos de grãos e teores similares de proteínas, revelaram a qualidade protéica dos genótipos QPM com teores de lisina e triptofano quase 50% mais elevados em comparação com os milhos comuns (PACHECO *et al.* 1999).

A presença de variabilidade genética é condição necessária para se obter sucesso com a seleção. O método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos tem sido eficiente para detectar a presença de variabilidade genética em populações de milho, conforme assinalado em diversos trabalhos após sucessivos ciclos de seleção (PATERNIANI, 1968; SAWAZAKI, 1979; SEGOVIA, 1976; SANTOS *et al.*, 1986; CARVALHO *et al.*, 1994, 1995 1998 a, 1998 b). A grande vantagem desse método é a possibilidade de obtenção de variância genética aditiva, tendo em vista os valiosos subsídios que fornece ao melhorista, uma vez que permite verificar quais as chances de êxito na seleção e quais as alterações que podem ocorrer na variabilidade genética, no decorrer dos sucessivos ciclos de seleção.

Assim sendo, este trabalho teve por objetivo estimar os parâmetros genéticos na população de milho CMS 453, de alta qualidade protéica, após a realização

de dois ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, a fim de se verificar o comportamento da variabilidade genética para o caráter peso de espiga.

## MATERIAL E MÉTODOS

Após a realização dos ciclos original, I e II de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos (CARVALHO *et al.*, 1996, 1998 c e 1998 d) desenvolveram-se os ciclos III e IV de seleção na população de milho CMS 453, de alta qualidade genética. O ciclo III foi obtido no ano agrícola de 1998, nos municípios de Neópolis e Umbaúba, e o ciclo IV, no ano agrícola de 1999, nos municípios de Neópolis e Nossa Senhora das Dores. Esses municípios estão localizados nos tabuleiros costeiros do Estado de Sergipe. Nas áreas experimentais, os solos eram do tipo Latossolo Vermelho-Amarelo (Nossa Senhora das Dores e Umbaúba) e aluvial (Neópolis). As temperaturas anuais médias giram em torno de 26°C nessas localidades, as quais estão compreendidas entre os paralelos 10°16' (S) e 12°22' (S) e meridianos 36°51' (W) e 37°40' (W), com altitudes de 7m (Neópolis), 109m (Umbaúba) e 200m (Nossa Senhora das Dores). Os plantios dos ensaios foram realizados na primeira quinzena do mês de maio de cada ano agrícola. Os índices pluviométricos (mm) ocorridos durante o período experimental, em 1998, foram de 805,0mm (Neópolis) e 1.309,0mm (Umbaúba). Em 1999 esses valores foram de 878,0mm (Neópolis) e 848,5mm (Nossa Senhora das Dores).

Em cada um desses ciclos foram avaliadas 196 progênies de meios-irmãos, em látice simples 14x14, com duas repetições. As parcelas foram constituídas por uma fileira de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,20 m e 0,20 m entre covas dentro das fileiras, correspondendo a uma população de 55.555 plantas/ha. A testemunha intercalar, representada pela variedade BR 106, foi colocada sistematicamente dentro de cada sub-bloco, totalizando 14 parcelas por repetição. Após a realização dos ensaios, selecionou-se 40 progênies de melhores rendimentos de grãos, na média dos dois locais e dentro de cada ciclo de seleção. Nessas progênies determinaram-se os teores de proteína bruta e dos aminoácidos triptofano e lisina. As determinações químicas nos grãos foram realizadas nos laboratórios da Embrapa Milho e Sorgo. Os teores de proteína bruta foram determinados pelo método de Kjedahl. As determinações de triptofano e lisina foram

feitas conforme método apresentado por VILLEGAS *et al.* (1984) e HERNANDES & BATES (1969), respectivamente. Os valores dessas determinações mostraram que vinte progênies de meios-irmãos associaram maiores teores de proteína bruta, triptofano e lisina a bons rendimentos de espigas, correspondendo a uma intensidade de seleção de 10% entre as progênies. Completou-se, então, cada ciclo, pela seleção das vinte progênies, as quais foram recombinadas em lote isolado por despendoamento, sendo as fileiras femininas (despendoadas) representadas pelas progênies selecionadas, e as masculinas representadas pela mistura das mesmas. Foram selecionadas 196 novas progênies, correspondendo a uma intensidade de seleção 20% dentro das progênies. Realizaram-se as recombinações dentro do mesmo ano agrícola, na época do período seco (novembro, dezembro e janeiro), com irrigação, o que facilitou a obtenção de uma geração/ano. As fileiras femininas tiveram 12,5 m de comprimento. Dentro delas utilizou-se a densidade de 0,5 m entre covas colocando-se duas sementes/cova, totalizando 50 plantas/fileira.

Neste trabalho considerou-se apenas os dados de peso de espigas, corrigidos para kg/ha a 15% de umidade. Foi realizada a análise de variância por local, obedecendo ao esquema em látice. Após a análise de variância por local, realizou-se a análise de variância conjunta, a partir das médias ajustadas de tratamentos, obedecendo aos critérios de homogeneidade dos quadrados médios residuais. Os componentes da variância e os parâmetros genéticos foram estimados conforme método apresentado por VENCOVSKY (1978), com base nas esperanças matemáticas dos quadrados médios para blocos casualizados, utilizando-se os quadrados médios de tratamentos ajustados e o erro efetivo do látice, como proposto por VIANNA & SILVA (1978) e adotado por PACHECO (1987).

## RESULTADO E DISCUSSÃO

As análises de variância revelaram diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) entre as médias de progênies, dentro dos ciclos de seleção III e IV, o que evidencia a presença de variabilidade genética entre elas (Tabela I). A interação progênies x locais foi também significativa ( $P < 0,01$ ), nesses ciclos de seleção, o que mostra comportamento inconsistente das progênies em face das variações ambientais. Interações

**Tabela I.** Quadrados médios das análises de variância conjunta (g/planta), médias de produção de espigas (g/planta) e coeficientes de variação. Ciclo III (Neópolis e Umbaúba, 1998). Ciclo IV (Neópolis e N. Sra. das Dores, 1999)

Fonte de variação	Graus de liberdade	Quadrados médios	
		Ciclo III	Ciclo IV
Progênes (P)	195	717,49**	409,34**
Interação (P x L)	195	532,04**	299,42**
Erro efetivo médio	390	99,41	165,29
Médias (g/planta)		122,7	109,7
C.V. (%)		8,1	11,7

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

significativas, na região, têm sido detectadas em trabalhos similares de melhoramento (CARVALHO *et al.*, 1994, 1995, 1998 a, 1998 b). Os coeficientes de variação estão de acordo com os relatados na literatura, conferindo boa precisão aos experimentos, conforme critérios adotados por SCAPIM, *et al.* (1995). Uma maior precisão nos ensaios de avaliação é bastante desejável, uma vez que à medida em que ela aumenta, melhor sua resposta e o progresso obtido por seleção.

As produtividades médias de espigas das progênes avaliadas e selecionadas, no ciclo III, superaram as produtividades obtidas com a variedade testemunha BR 106, em 12% e 24%, respectivamente

(Tabela II). No ciclo IV esses acréscimos foram de 14% e 34%, respectivamente. Reportando-se aos ciclos original, I e II (CARVALHO *et al.* 1996, 1998 e 1998 d) os acréscimos obtidos nas progênes avaliadas em relação à testemunha, foram de -1,6% e +8,4%, evidenciando que progênes cada vez mais produtivas foram sendo obtidas nos ciclos subsequentes de seleção, especialmente, nos ciclos III e IV, onde houve maior acréscimo de produtividade em relação a variedade testemunha BR 106, a qual, tem se destacado em diversos trabalhos no Nordeste brasileiro (CARDOSO *et al.* 1997, Monteiro *et al.* 1998 e CARVALHO *et al.* 1999).

**Tabela II.** Comparação das produtividades médias das progênes avaliadas e selecionadas nos ciclos III e IV de seleção com a testemunha BR 106. Sergipe, Região Nordeste do Brasil, 1998 e 1999

Ciclo	Materiais	Produtividade	Porcentagem em relação a testemunha
III	BR 106	5540	100
	Progênes avaliadas	6233	112
	Progênes selecionadas	6894	124
IV	BR 106	4800	100
	Progênes avaliadas	5491	114
	Progênes selecionadas	6450	134

Tabela III Estimativas dos parâmetros genéticos obtidas nos ciclos III e IV de seleção entre progênies de meios-irmãos na população CMS-453. Sergipe, Região Nordeste do Brasil, 1998 e 1999

Ciclo	$\sigma^2_p$	$\sigma^2_A$	$\sigma^2_{pxl}$	$h^2_m$	$h^2$	C.Vg	b	Gs* entre		Gs dentro	
	(g/planta) <sup>2</sup>			%				g/planta	%	g/planta	%
III	46,3	185,	216,3	25,8	18,2	5,5	0,	3,3	2,7	3,7	3,0
		2					7				
IV	27,5	110,	67,1	26,9	8,2	4,8	0,	5,1	4,7	1,7	1,6
		0					4				

\* Para cálculo dos ganhos consideram-se  $s2d=s2e$

As estimativas dos parâmetros genéticos constam na Tabela III, onde é observado uma redução da variabilidade genética do ciclo III para o ciclo IV. Reduções significativas têm sido detectadas em trabalhos similares, do ciclo original para o ciclo I de melhoramento, utilizando esse tipo de progênie (SANTOS *et al.* 1986; PACHECO, 1987; CARVALHO *et al.* 1995, 1998 a e 1998 b). Isto, segundo RAMALHO (1977), é devido à fixação de grande parte de genes maiores, como resultado da seleção inicial. Ressalta-se também que as estimativas encontradas nesses dois ciclos de seleção estão menos influenciados pelo componente da interação progênies local, por serem as progênies desses ciclos de seleção avaliadas em dois locais, permitindo, conseqüentemente, à obtenção de estimativas mais consistentes dos componentes da variância.

A variância genética aditiva explica as variações fenotípicas e o ganho esperado com a seleção. As magnitudes das estimativas dessa variância nos ciclos III e IV foram coerentes com aquelas relatadas por PACHECO (1987), CARVALHO *et al.* (1994 e 1995) e estão dentro dos limites do levantamento realizado por RAMALHO (1977), com populações brasileiras de milho, evidenciando a variabilidade genética presente na população CMS 453.

As magnitudes dos coeficientes de herdabilidade, no sentido restrito para médias de progênies de meios-irmãos ( $h^2_m$ ), nos dois ciclos de seleção, foram mais elevados que os valores expressos para indivíduos ( $h^2$ ) (Tabela III), o que evidencia que a seleção entre progênies de meios-irmãos deve ser mais eficiente que

a seleção individual, para o presente caso, e concorda com os resultados obtidos por CARVALHO *et al.* (1994, 1995 e 1998 a).

Os coeficientes de variações genéticas encontradas mostraram boa variação entre as progênies e estão de acordo com os apresentados por PACHECO (1987), CARVALHO *et al.* (1994, 1995, 1998 a e 1998 b), obtidas em avaliações realizadas em dois e três locais. Os índices b seguem as mesmas tendências registradas para os coeficientes de variações genética e suas magnitudes expressaram também a variabilidade apresentada pela população, sendo os valores encontrados concordantes com aqueles obtidos por CARVALHO *et al.* (1995, 1998 a e 1998 b), também na média de dois locais.

As estimativas obtidas dos progressos genéticos esperados entre e dentro de progênies de meios-irmãos foram de 2,7% e 3,0%, totalizando 5,7% no ciclo III e, 4,7% e 1,6% totalizando 6,3% para o ciclo IV. Na média dos dois ciclos obteve-se um ganho esperado 6,7%, sendo da mesma magnitude daqueles relatados por SANTOS & NASPOLINI (1986), CARVALHO *et al.* (1995 e 198 a), em ciclos mais avançados de seleção. Essas estimativas mostraram também o potencial genético da população CMS 453 em responder à seleção para aumento da produtividade de espigas. Convém salientar que, neste trabalho, um ciclo de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos com sementes remanescentes foi completado em um ano, fazendo-se as avaliações das progênies na época das chuvas e, a recombinação das unidades selecionadas no período seco, com o uso da irrigação. SANTOS & NASPOLINI (1986) assinalaram que na

literatura há inúmeros trabalhos relatando os progressos genéticos esperados com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos e uso de sementes remanescentes, sendo, porém, um ciclo completado em dois anos. Os resultados obtidos neste trabalho foram relativamente concordantes com aqueles encontrados nos referidos trabalhos, devendo-se destacar a sua superioridade quando são feitas comparações de um ano para dois anos.

Os teores médios de triptofano e lisina na proteína e proteína bruta foram de 0,84, 4,08 e 9,54%, no ciclo III e, 0,82, 0,36 e 9,39 no ciclo IV, sendo semelhantes àqueles teores observados nas variedades BR 473 e BR 451, também de alta qualidade protéica (PACHECO *et al.*, 1999), o que evidencia a alta qualidade protéica da população CMS 453. Associando-se então, o bom potencial para a produtividade das progênies da população CMS 453, às magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos e, à alta qualidade protéica, nota-se que há possibilidade de se obter respostas à seleção para aumento da produtividade mantendo-se em níveis satisfatórios, os teores de triptofano e lisina, com o desenvolver de novos ciclos de seleção.

PACHECO *et al.* (1999) enfatizam que com a crescente participação e aumento de oferta de sementes e conseqüente produção de grãos de milho de alta qualidade protéica, há uma grande possibilidade da sociedade vir a investir mais na sua utilização e se beneficiar de suas vantagens nutricionais.

## CONCLUSÕES

A população CMS 453 associa o alto potencial para a produtividade com variabilidade genética, o que permite à obtenção de ganhos para aumento da produtividade de espigas, constituindo-se em uma boa opção para um programa de melhoramento que tem como propósito o lançamento de um genótipo de alta qualidade protéica a curto prazo.

O ganho médio esperado com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos é de 6,7%.

Os teores de triptofano e lisina na proteína conferem alta qualidade protéica à população CMS

453, tornando-a de grande utilidade para populações carentes do Nordeste brasileiro, os quais poderão usufruir das vantagens nutricionais desse materiais.

As magnitudes dos parâmetros genéticos obtidos (variância genética entre progênies, variância genética aditiva, coeficientes herdabilidade e coeficiente de variação genética, índice b) evidenciam a variabilidade genética presente na população CMS-453.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CARDOSO, M.J.; CARVALHO, H.W.L. de; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Estado do Piauí no biênio 1993/94. *Revista Científica Rural*, Bagé, v.2, n.1, p. 35-44, 1997.
- CARVALHO, H.W.L. de; GUIMARÃES, P.E. de O.; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos; CARVALHO, P.C.L. de. **Ciclo I de seleção na população de milho CMS 453 nos tabuleiros costeiros do Nordeste brasileiro.** Aracaju: Embrapa/CPATC, 1998 c. 7p. (Embrapa/CPATC. Pesquisa em Andamento, 39).
- CARVALHO, H.W.L. de; GUIMARÃES, P.E. de O.; SANTOS, M.X. dos; CARVALHO, P.C.L. de. **Potencial genético da população de milho (*Zea mays* L.) CMS 453 para fins de melhoramento nos tabuleiros costeiros do Nordeste brasileiro.** Aracaju: Embrapa/CPATC. 1996. 8p. (Embrapa/CPATC. Pesquisa em Andamento, 7).
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos; GUIMARÃES, P.E. de O. **Ciclo II de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS 453.** Aracaju: Embrapa/CPATC. 1998 d. 5p. (Embrapa/CPATC. Pesquisa em Andamento, 48).

- CARVALHO, H.W.L. de; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos; GAMA, E.E.G. e; MAGNAVACA, R. 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**, Brasília, v.29, n.11, p. 1727-1733, 1994.
- CARVALHO, H.W.L. de; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos; GAMA, E.E.G. e; MAGNAVACA, R. Potencial genético da população de milho (*Zea mays* L. 'CMS 33') para fins de melhoramento no Nordeste brasileiro. **Ciência e Prática**, Lavras, v.19, n.1, p. 37-42, 1955.
- CARVALHO, H.W.L. de; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos.; GAMA, E.E.G. e; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho BR 5011 no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.5, p.713-720, 1998 b.
- CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S.; PACHECO, C.A.P. Melhoramento genético na variedade de milho BR 5028 - São Francisco no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.44, p.441-448, 1998 a.
- CARVALHO, H.W.L. de; SANTOS, M.X. dos; LEAL, M. de L. da S.; PACHECO, C.A.P.; CARDOSO, M.J.; MONTEIRO, A.A.T. Adaptabilidade e estabilidade de produção de cultivares de milho no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.9, p.1581-1591, 1999.
- GUIMARÃES, P.E.; PARENTONI, S.N.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos; GAMA, E.E.G.; SILVA, A.E.; MAGNAVACA, R.; VASCONCELOS, M.J.V.; FERNANDES, F.T. Metodologia prática e rápida de obtenção de novas populações QPM com 25% de genótipos normais elites. **RELATÓRIO TÉCNICO ANUAL**. Sete Lagoas: EMBRAPA/CNPMS, p. 222-223, 1994.
- HERNANDEZ, H.H.; BATES, S.L. A modified method for rapid tryptophan analysis in maizes. **CIMMYT. Res. Bal.** n.13, 1969.
- IBGE. Rio de Janeiro. **Anuário Estatístico do Brasil**, v.56, 1999.
- MAGNAVACA, R.; PAIVA, E.; WINKLER, E.I.; CARVALHO, H.W.L. de; SILVA FILHO, M. de C.; PEIXOTO, M.I.V.V.D. Avaliação de populações de milho de alta qualidade protéica. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.23, n.11, p. 1263-1268, 1988.
- MONTEIRO, A.A.T.; CARVALHO, H.W.L. de; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos; ANTERO NETO, J.F.; LEAL, M. de L. da S. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Estado do Ceará. **Revista Científica Rural**, Bagé, v.3, n.2, p. 01-10, 1998.
- PACHECO, C.A.P. Avaliação de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambientes - 2o ciclo de seleção. Lavras: ESAL, 1987. 100p. **Dissertação de Mestrado**.
- PACHECO, C.A.P.; GUIMARÃES, P.E.; PARENTONI, S.N.; LOPES, M.A.; SANTOS, M.X. dos; GAMA, E.E.G.; VASCONCELOS, M.J.V.; CORREIA, L.A.; MEIRELLES, W.F. O desenvolvimento de milho de alta qualidade nutricional no Brasil. In: REUNION LATINOAMERICANA DEL MAIZ, 28o, 1999, Sete Lagoas, MG. Memórias ... Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo/CIMMYT, 1999. p. 13-25.
- PATERNIANI, E. Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP. 1968. 92p. **Dissertação de Mestrado**.
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não-endógamas. Piracicaba, ESALQ/USP, 1977. 122p. **Dissertação de Mestrado**.

- SANTOS, M.X. dos; NASPOLINI FILHO, W. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) Dentado Composto Nordeste. **Revista Brasileira de Genética**, v.9, n.2, p. 307-319, 1986.
- SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P. de; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p. 683-686, 1995.
- SAWAZAKI, E. Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para a produção de grãos no milho IAC-Maia. Piracicaba: ESALQ/USP, 1979. 99p. **Dissertação de Mestrado**.
- SEGOVIA, R.T. **Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) Centralmex.** Piracicaba: ESALQ/USP, 1976. 98p. Tese de Doutorado.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Ed). **Melhoramento e produção de milho no Brasil.** Piracicaba: USP-ESALQ, 1978. Cap.5, p.122-201.
- VIANNA, R.T.; SILVA, J.C. Comparação de três métodos de análise de variância em experimentos em "látices" em milho (*Zea mays* L.). **Experientiae**, Viçosa, v.84, p.21-41, 1978.
- VILLEGAS, E.; ORTEGA, E.J.; BAUER, R. **Chemical methods used CIMMYT for determining protein quality in cereal grains** CIMMYT, México, D.F. 1984.