

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO DE ESPIGAS NA POPULAÇÃO DE MILHO "FLINT COMPOSTO NORDESTE"¹

MANOEL XAVIER DOS SANTOS e VALDEMAR NASPOLINI FILHO²

RESUMO - Durante os anos de 1974/75, 1975/76, 1976/77 e 1977/78, foram realizados três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos com a população de milho (*Zea mays* L.) Flint Composto Nordeste, no intuito de obter estimativas de parâmetros genéticos para peso de espigas e verificar a variabilidade genética desta população. Em cada ano, a avaliação de 500 famílias foi feita em cinco experimentos, obedecendo ao delineamento látice simples duplicado 10 x 10, com uma repetição por local. A variabilidade genética, expressa pela magnitude da variância genética aditiva, sofreu um decréscimo do ciclo original para o ciclo I, permanecendo mais ou menos constante nos subsequentes ciclos de seleção. Esta tendência também foi observada nos coeficientes de variação genéticos. O progresso genético médio esperado por ciclo foi de 6,16% e o ganho médio observado foi de 5,09%. O bom desempenho produtivo mostrado pela população foi um indicador da existência de suficiente variabilidade genética, recomendando-se, porém, para os próximos ciclos, uma intensidade de seleção mais forte entre famílias.

Termos para indexação: *Zea mays*, variabilidade genética, cultivares, produção.

GENETIC PARAMETERS ESTIMATES FOR EAR WEIGHT IN "FLINT COMPOSTO NORDESTE" MAIZE POPULATION

ABSTRACT - In the years of 1974/75, 1975/76, 1976/77, 1977/78, three cycles of selection among and within half-sib families were realized with Flint Composto Nordeste maize population, in order to obtain genetic parameters estimates for ear weight and to verify its genetic variability. Five trials, 10 x 10 duplicated simple lattices, with one replication per location, were performed. Genetic variability, expressed as the magnitude of the additive genetic variance decreased from cycle 0 to cycle I, standing almost constant for the following cycles selection. Similar trend was observed for the magnitudes of the genetic coefficient of variation. Mean expected genetic gain per cycle was 6,16% and the mean observed gain was 5,09%. The favorable yield performance shown by the population was an indicative of enough genetic variability. It is advisable, however, to use higher selection intensities for selection among families in the next cycles.

Index terms: *Zea mays*, genetic variability, varieties, production.

INTRODUÇÃO

A exploração de milho no Nordeste é feita nos mais diversificados ambientes, variando desde regiões áridas até regiões úmidas. Tem-se observado, porém, que, ano após ano, há um aumento de área cultivada, enquanto a produtividade tem permanecido mais ou menos constante (Banco do Nordeste do Brasil 1971). Atribui-se tal fato ao cultivo de variedades antigas e sem melhoramento específico para a região, bem como à falta de adaptação das cultivares introduzidas.

O baixo rendimento deste cereal constitui uma preocupação dos melhoristas regionais, que estão tentando elevar a produtividade através da substituição de populações com ampla base genética. Isto adveio dos resultados experimentais mostrados por Miranda & Costa (1972), que encontraram materiais de ampla base genética, superiores às tradicionais cultivares da região.

Estas evidências ressaltaram a necessidade do aproveitamento de populações que exibissem ampla variabilidade genética, tais como os compostos, uma vez que, além da possibilidade de seleção para os mais variados caracteres, há a maior probabilidade de adaptação às condições ambientais da região.

Sabendo-se que o método de seleção e a população a serem utilizados no melhoramento depen-

¹ Aceito para publicação em 15 de abril de 1986.

² Eng. - Agr., M.Sc., EMBRAPA/Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), Caixa Postal 151, CEP 35700 Sete Lagoas, MG.

dem da variabilidade genética presente, é de fundamental importância a estimação de parâmetros genéticos que sejam indicativos da presença ou ausência desta variabilidade. Vários métodos têm sido utilizados para detecção desta variabilidade, destacando-se os delineamentos genético-estatísticos I, II e III, propostos por Comstock & Robinson (1948, 1952). Estes delineamentos envolvem diversos tipos de progênies, de modo que a variância genética e a variância de dominância podem ser estimadas.

No entanto, devido às facilidades de condução e associado aos programas de melhoramento, tem sido bastante utilizado o método "espiga por fileira modificado" (Lonnquist 1964) ou, como também é conhecido, "seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos" (Paterniani 1967). Este método, apesar de não possibilitar a estimação da variância genética dominante, tem sido bastante utilizado tanto no Brasil quanto no exterior. Sua grande vantagem, porém, é a possibilidade da obtenção da 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.

Uma série de trabalhos americanos (Webel & Lonnquist 1967, Sentz 1971, Darrah et al. 1972, Compton & Bahadur 1977) e brasileiros (Paterniani 1967, 1968, Zinsly 1969, Geraldi 1977, Lima 1977, Crisóstomo 1978, Sawazaki 1979, Aguillar Morán 1984), mostrou a existência de variabilidade genética após os ciclos de seleção e os ganhos que foram obtidos com o uso deste método.

O presente trabalho teve por objetivo obter estimativas de parâmetros genéticos para a característica peso de espigas na população Flint Composto Nordeste, e posterior verificação do comportamento da variabilidade genética.

MATERIAL E MÉTODOS

A população Flint Composto foi sintetizada no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ), a partir da combinação de populações introduzidas do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT), estando

representada predominantemente por germoplasmas das raças Cuba, Colômbia e América Central, de grãos duros e coloração laranja. Caracteriza-se por apresentar plantas relativamente altas, ciclo tardio e boa produtividade. Foi introduzida na região Nordeste em 1972, onde foram realizados três ciclos de seleção massal, passando, então, a ser chamada Flint Composto Nordeste - MIII.

Em 1974, iniciou-se o programa de melhoramento, através do método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos com sementes remanescentes (SEDFMI), sendo duas gerações completadas em um ano. Desta forma, nos anos agrícolas de 1974/75, 1975/76, 1976/77 e 1977/78, foram realizados três ciclos de seleção, obtendo-se, então, o Flint Composto Nordeste - MIII - HS III.

Foram avaliadas, em cada ciclo, 500 famílias de meios-irmãos em cinco experimentos, látice simples duplicado 10 x 10, com uma repetição por local. A avaliação destas famílias foi feita, preferencialmente, sob a dependência de chuvas, todavia, dependendo das condições climáticas do ano, tornou-se necessário o uso da irrigação, para o completo desenvolvimento da cultura. A parcela foi constituída por uma fileira de 10 m de comprimento; o espaço utilizado foi de 1 m entre fileiras e 0,40 m entre plantas dentro de fileiras. Foram plantadas três sementes por cova, efetuando-se o desbaste, quinze dias após o plantio, para duas plantas por cova. Três testemunhas, representadas pelo híbrido duplo AG-152 e cultivares Centralmex e Azteca, foram incluídas sistematicamente no início, meio e final de cada experimento. As famílias selecionadas, com base na média do peso de espigas dos quatro locais, foram sempre recombinadas no mesmo ano em que as famílias foram avaliadas, na época do período seco (out/nov/dez), com irrigação.

As análises em látice, de cada experimento, foram realizadas no computador IBM130 do Departamento de Matemática da ESALQ/USP, de acordo com o procedimento proposto por Cochran & Cox (1957). A análise agrupada (pooled) dos cinco experimentos foi feita obtendo-se o somatório das somas de quadrados para tratamentos e para o erro intrabloc, dividindo-se pelos respectivos somatórios dos graus de liberdade. Estes cálculos conduziram aos quadrados médios para famílias de meios-irmãos e para o erro intrabloc. A Tabela 1 mostra o esquema da análise agrupada, juntamente com as esperanças matemáticas dos quadrados médios ao nível de médias de parcelas.

A obtenção e interpretação dos componentes genéticos das esperanças dos quadrados médios foram feitas de acordo com a metodologia relatada por Vencovsky (1978). As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidos da seguinte maneira:

$\hat{\sigma}_p^2 = (Q_1 - Q_2)/t$: variância genética entre famílias de meios irmãos;

$\hat{\sigma}_e^2 = n(Q_2)/(n + 10)$: variância do erro ambiental entre parcelas,

TABELA 1. Esquema da análise de variância agrupada (pooled), segundo o delineamento em látice, com as esperanças dos quadrados médios [E(QM)] ao nível de médias de parcelas.

FV	GL	QM	[E(QM)]	F
Famílias ajustadas	g ₁	Q ₁	$\sigma^2 + r\sigma_p^2$	Q ₁ /Q ₂
Erro intrablocos	g ₂	Q ₂	σ^2	-

Q₁ = quadrado médio das famílias ajustadas (agrupada);

Q₂ = quadrado médio do erro intrablocos (agrupada);

σ_p^2 = estimativa da variância genética entre famílias de meios-irmãos;

r = número de repetições.

sendo:

$\sigma_d^2 = 10 \sigma_e^2$: variância fenotípica dentro de famílias;

r = número de repetições;

n = número de plantas por parcela (n = 50).

Uma vez que os componentes σ_d^2 e σ_e^2 estão englobados no resíduo intrablocos ($\sigma^2 = \sigma_d^2/n + \sigma_e^2$), e tendo em vista que não foi possível obtê-los separadamente, considerou-se a relação $\sigma_d^2 = 10 \sigma_e^2$, conforme sugestão de Gardner (1961).

Em seguida, foram obtidas as estimativas:

$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_p^2$: variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$: variância fenotípica ao nível de plantas;

$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2/r + \hat{\sigma}_d^2/nr = QMP/r$: variância fenotípica entre médias de famílias;

$\hat{h}^2\% = \hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_F^2 \times 100$: herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas;

$\hat{h}_x^2\% = \hat{\sigma}_p^2/\hat{\sigma}_F^2 \times 100$: herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de famílias.

A partir destas estimativas, foram obtidos os seguintes parâmetros:

a) coeficiente de variação genético: $CVg = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\bar{x}} \times 100$, sendo \bar{x} = médias da população;

b) coeficiente de variação experimental: $CVe = \frac{\sqrt{Q_2}}{\bar{x}} \times 100$;

c) índice de variação b: $b = CVg/CVe$.

Os progressos genéticos esperados foram obtidos conforme as expressões dadas por Vencovsky (1978):

$$\Delta g = k' \frac{(1/4) \hat{\sigma}_A^2}{\sigma_F} + k'' \frac{3/8 (\hat{\sigma}_A^2)}{\sigma_d}, \text{ sendo:}$$

Δg = progresso genético esperado com SEDFMI, com sementes remanescentes;

k' = diferencial de seleção estandarizado, correspondendo à intensidade de seleção de 20% (k' = 1,2998);

k'' = diferencial de seleção estandarizado, correspondendo à intensidade de seleção de 10% (k'' = 1,755);

σ_F = desvio padrão fenotípico entre médias de famílias de meios-irmãos;

σ_d = desvio padrão fenotípico dentro de famílias de meios-irmãos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para cada ciclo de seleção, as produtividades médias das famílias avaliadas, das testemunhas e das amostras selecionadas são mostradas na Tabela 2. Tomando-se, para cada ciclo, a produtividade média das testemunhas como sendo 100%, pode-se perceber que as famílias avaliadas apresentaram médias mais baixas no ciclo original, I e II, enquanto que no ciclo III a média foi mais elevada. Se, entretanto, for levado em consideração que as testemunhas utilizadas foram milho pertencentes ao grupo dos dentados (moles), estes resultados eram esperados nos ciclos iniciais de melhoramento, haja vista que as famílias avaliadas estão incluídas no grupo dos milhos Flint (duros), cujo potencial produtivo tem se mostrado inferior ao do grupo dos dentados (Suarez Lezcano 1976).

A Tabela 3 evidencia os resultados obtidos com a análise de variância agrupada, mostrando que, em cada ciclo de seleção, houve significância a 1% de probabilidade para a variação entre famílias de meios-irmãos.

Com relação aos coeficientes de variação experimental, pode-se ainda observar, na Tabela 3, que a amplitude de variação foi de 17,56% a 29,60%, estando classificados como de precisão média a baixa, conforme o critério adotado por Gomes (1976).

TABELA 2. Produtividade média das famílias avaliadas (N), das amostras selecionadas (N') e das testemunhas nos diferentes ciclos de seleção no milho Flint Composto Nordeste (Ne), com as respectivas produções relativas da população, em relação à média das testemunhas.

Ciclos	População			Amostra selecionada	
	N	kg/ha	Produção relativa testemunhas (%)	N'	kg/ha
Flint Comp. Ne-MIII, original	500	2.515	93,08	160	3.516
Testemunhas	-	2.702	100,00	-	-
Flint Comp. Ne-MIII - HS I	500	4.000	92,94	123	4.340
Testemunhas	-	4.304	100,00	-	-
Flint Comp. Ne-MIII - HS II	500	3.999	90,70	104	4.680
Testemunhas	-	4.409	100,00	-	-
Flint Comp. Ne-MIII - HS III	500	3.884	108,35	150	4.503
Testemunhas	-	3.585	100,00	-	-

* Média das populações Centralmex, Azteca e do híbrido Ag-152.

TABELA 3. Valores e significância dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas (pooled), coeficientes de variação genético (CVg), experimental (CVe) e índices de variação b, referentes à característica peso de espigas (g/pl)², nos diferentes ciclos de seleção da população Flint Composto Nordeste.

FV	GL	Ciclo 0 (74/75)	Ciclo I (75/76)	Ciclo II (76/77)	Ciclo III (77/78)
		QM	QM	QM	QM
Repetições	15	2.110,3810	1.254,5403	1.998,9443	749,3788
Famílias ajustadas	495	322,2915**	465,1072**	448,6176**	253,9896**
Erro intrablocos	1.305	221,6554	390,4576	371,0717	185,9775
CVg %		9,97	5,40	5,50	5,30
CVe %		29,60	19,76	24,08	17,56
b		0,33	0,27	0,23	0,30

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

Maior precisão nos ensaios de avaliação de famílias é altamente desejável, uma vez que, quanto mais precisamente forem avaliadas, melhor será a resposta e o progresso obtido pela seleção. No entanto, no esquema de melhoramento utilizado, a variabilidade genética dentro de famílias e as interações genótipo x ambiente contribuem

para a elevação do coeficiente de variação (Paterniani 1968). Por outro lado, além das interações genótipo x local e genótipo x local x ano não serem estimadas, devido à utilização de uma repetição por local, deve-se ainda ressaltar que, dentro de cada ano e de um local para outro, houve diferenças de solos e de precipitação. Isto pode expli-

car os valores relativamente altos encontrados nos coeficientes de variação experimental no ciclo original e II de seleção.

As estimativas obtidas para os coeficientes de variação genética e para os índices de variação b , podem também ser vistas na Tabela 3, verificando-se as mudanças ocorridas na variabilidade genética da população, no decorrer dos ciclos de seleção.

Para o coeficiente de variação genética, a estimativa obtida no ciclo original (9,97%) foi superior ou equivalente aos valores encontrados por Webel & Lonnquist (1967), Paterniani (1968), Silva (1969), Zinsly (1969), Crisóstomo (1978) e Sawazaki (1979), que também trabalharam com populações de ampla base genética.

Com relação às estimativas obtidas para a variância genética aditiva, pode-se observar na Tabela 4 que houve redução de 26% do ciclo original ao ciclo I, permanecendo mais ou menos constante nos demais ciclos. Resultados desta natureza foram também mostrados por Paterniani (1967, 1968), Webel & Lonnquist (1967), Pommer et al. (1976) e Lima (1977), evidenciando que a mais drástica redução da variabilidade genética

ocorreu do ciclo original para o ciclo I. Isto, segundo Webel & Lonnquist (1967), é devido à fixação de grande parte de genes maiores, como resultado da seleção inicial.

Comparando-se a variabilidade genética dos diferentes ciclos, através dos índices de variação b (Vencovsky 1978), verificou-se que praticamente não ocorreu nenhuma alteração, estando os valores encontrados de acordo com os apresentados por Silva (1969), Cunha (1976) e Segovia (1976).

Para o coeficiente de herdabilidade ao nível de plantas individuais (Tabela 4), as estimativas obtidas variaram de 2,07% a 4,89%, valores estes similares aos apresentados por Segovia (1976), e inferiores aos relatados por Paterniani (1967, 1968), Cunha (1976) e Lima (1977).

Segundo Dudley & Moll (1969), os valores da herdabilidade devem ser computados na base do tipo da unidade de seleção que é usada para estimar o progresso esperado. Como no presente caso a unidade de seleção foi a média de famílias, pode-se averiguar, na Tabela 4, que as estimativas obtidas para os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias variaram de 16,04% a 31,22%.

TABELA 4. Estimativas obtidas para a variância genética entre famílias (σ_p^2), variância genética aditiva (σ_A^2), variância do erro entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica dentro de parcelas (σ_d^2), variância fenotípicas entre plantas (σ_P^2) e entre médias de famílias (σ_F^2), em gramas/planta², coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais (h^2) e ao nível de médias de famílias (h_x^2) em percentagem, referentes aos diferentes ciclos de seleção da população Flint Composto Nordeste e à característica peso de espigas.

	Ciclo 0 (74/75)	Ciclo I (75/76)	Ciclo II (76/77)	Ciclo III (77/78)
σ_p^2	25,1590	18,6624	19,3865	17,0030
σ_A^2	100,6360	74,6500	77,5460	68,0120
σ_e^2	184,7128	325,3813	309,2264	154,9812
σ_d^2	1.847,1280	3.253,8130	3.092,2640	1.549,8120
σ_P^2	2.056,9998	3.597,8567	3.420,8769	1.721,7962
σ_F^2	80,5729	116,2768	112,1544	63,4974
h^2 %	4,89	2,07	2,27	3,95
h_x^2 %	31,22	16,04	17,28	26,77

TABELA 5. Estimativas dos progressos genéticos esperados para os três ciclos de seleção do milho Flint Composto Nordeste, em g/planta e em percentagem, considerando a característica peso de espigas e o processo de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos com sementes remanescentes (duas gerações por ano), com os valores percentuais correspondentes à seleção entre e dentro de famílias, em relação ao progresso genético total.

Ciclos	Progresso genético esperado			
	g/planta	Total (%)	Entre (%)	Dentro (%)
0 (1974/75)	5,46	10,85	7,79 (71,30)*	3,06 (28,20)
I (1975/76)	3,30	4,10	3,04 (74,15)	1,06 (25,85)
II (1976/77)	3,45	4,35	3,20 (73,56)	1,15 (26,44)
III (1977/78)	4,13	5,32	3,84 (72,18)	1,48 (27,82)

* Os valores entre parênteses representam os ganhos em percentagem, em relação ao progresso genético total.

Apesar de terem sido estes valores relativamente baixos, em comparação com resultados encontrados na literatura (Sawazaki 1979, Rissi 1980, Lordelo 1982) para populações já melhoradas, a variabilidade genética existente foi capaz de proporcionar ganhos no aumento da produtividade, conforme pode ser visto na Tabela 3.

Na Tabela 5 são apresentadas as estimativas obtidas para os progressos genéticos esperados, podendo-se observar que os valores estiveram compreendidos entre 3,30 e 5,46 gramas/planta, que expressos em percentagem correspondem a 4,10% e 10,85%. Convém salientar que, no presente trabalho, um ciclo de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos com sementes remanescentes foi completado em um ano, uma vez que na região Nordeste há a possibilidade de avaliar as famílias na época do inverno, enquanto que a recombinação é feita no período seco, com irrigação. Pode-se, assim, verificar que o progresso genético médio esperado por ano foi de 6,16%, enquanto que o progresso médio observado, em relação à média das testemunhas, foi de 5,09%.

Inúmeros trabalhos relatam progressos genéticos esperados com a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos com uso de sementes remanescentes, sendo, porém, um ciclo completado em dois anos (Webel & Lonquist 1967, Paterniani 1968, Segovia 1976, Compton & Bahadur 1977, Miranda Filho 1977, 1979, Aguillar Morán 1984). Os resultados obtidos no presente estudo foram relativamente concordantes com os

encontrados pelos autores acima mencionados, devendo-se, no entanto, destacar a sua superioridade quando são feitas comparações entre os ganhos médios obtidos em um ano com os ganhos médios obtidos em dois anos.

Na Tabela 5, pode-se também verificar que a seleção entre famílias de meios-irmãos foi mais eficiente que a seleção massal dentro de famílias, uma vez que a contribuição média para o progresso genético esperado foi, respectivamente, de 72,92% e 27,08%, o que concorda com os resultados apresentados por Cunha (1976), Suarez Lezcano (1976), Winkler (1977), Lima (1977) e Crisóstomo (1978).

Espera-se, desta maneira, que maiores progressos possam ser obtidos com a aplicação de uma intensidade de seleção mais forte entre do que dentro de famílias de meios-irmãos, concordando com os resultados teóricos obtidos por Ramalho (1977).

CONCLUSÕES

1. A variabilidade genética, expressa pela magnitude da variância genética aditiva e pelo coeficiente de variação genética, sofreu decréscimo do ciclo original para o ciclo I, permanecendo mais ou menos constante nos subseqüentes ciclos de seleção.

2. O progresso genético médio esperado por ciclo de seleção (duas gerações por ano) foi de 6,16%, enquanto que o progresso médio obser-

vado foi de 5,09%, mostrando a possibilidade de conseguir ganhos com a continuidade do programa de melhoramento.

3. Sugere-se, para os próximos ciclos, a aplicação de uma intensidade de seleção mais forte entre as famílias, para que maiores progressos possam ser obtidos.

REFERÊNCIAS

- AGUILLAR MORÁN, J.F. Avaliação do potencial de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1984. 118p. Tese Mestrado.
- BANCO DO NORDESTE DO BRASIL. Departamento de Estudos Econômicos do Nordeste, Fortaleza, CE. Perspectivas de desenvolvimento do Nordeste até 1980. Fortaleza, 1971. v.3, t.2, p.75-84.
- COCHRAN, W.G. & COX, G.M. Experimental designs. New York, J. Wiley, 1957. 611p.
- COMPTON, W.A. & BAHADUR, K. Ten cycles of progress from modified ear to row selection in corn. *Crop Sci.*, 17:378-80, 1977.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations. *Biometrics*, 4: 254-6, 1948.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: HETEROSIS. Ames, Iowa State Coll. Press, 1952. p.494-516.
- CRISÓSTOMO, J.R. Estimação de parâmetros genéticos visando seleção em dois compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1978. 71p. Tese Mestrado.
- CUNHA, M.A. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) ESALQ-HV-1. Piracicaba, ESALQ, 1976. 84p. Tese Doutorado.
- DARRAH, L.L.; EBERHART, S.A. & PENNY, L.H. A maize breeding methods study in Kenya. *Crop Sci.*, 12:605-8, 1972.
- DUDLEY, J.W. & MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. *Crop Sci.*, 9:257-62, 1969.
- GARDNER, C.O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. *Crop Sci.*, 1:241-5, 1961.
- GERALDI, I. Estimação de parâmetros genéticos para caracteres de pendão de milho e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, ESALQ, 1977. 103p. Tese Mestrado.
- GOMES, F.P. Curso de estatística experimental. São Paulo, Nobel, 1976. 430p.
- LIMA, M. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-VD-2. Piracicaba, ESALQ, 1977. 71p. Tese Mestrado.
- LONNQUIST, J.H. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize population. *Crop Sci.*, 4:227-8, 1964.
- LORDELO, J.A. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-E e Piranão VF-1. Piracicaba, ESALQ, 1982. 62p. Tese Mestrado.
- MIRANDA, P. & COSTA, S.N. Competição de cultivares de milho no Nordeste 1969-1970-1971. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO, 9., Recife, PE, 1972, Anais. Recife, s.ed., 1972. p.171-84.
- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios-irmãos do segundo ciclo de seleção da população ESALQ-PB1 de milho. *Relat. ci. Inst. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz*, 13:149-58, 1979.
- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios-irmãos na população ESALQ-PB1. *Relat. ci. Inst. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz*, 11:90-4, 1977.
- PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1968. 92p. Tese Professor Titular.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, 7:212-6, 1967.
- POMMER, C.V.; MIRANDA, L.T.; MIRANDA, L.C.E. & SAWAZAKI, E. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho IAC-1 opaco 2. *Bragantia*, 36:197-205, 1976.
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não-endógamas. Piracicaba, ESALQ, 1977. 122p. Tese Doutorado.
- RISSI, R. Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão. Piracicaba, ESALQ, 1980. 87p. Tese Mestrado.
- SAWAZAKI, E. Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para produção de grãos de milho IAC-Maya. Piracicaba, ESALQ, 1979. 99p. Tese Mestrado.
- SEGOVIA, R.T. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ, 1976. 98p. Tese Doutorado.
- SENTZ, J.C. Genetic variances in a synthetic variety of maize estimated by two mating designs. *Crop Sci.*, 11:234-8, 1971.
- SILVA, J. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Catet Colômbia Composto. Piracicaba, ESALQ, 1969. 74p. Tese Mestrado.
- SUAREZ LEZCANO, R. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) Composto Flint Branco. Piracicaba, ESALQ, 1976. 52p. Tese Mestrado.

- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba, ESALQ, 1978. p.122-201.
- WEBEL, O.D. & LONNQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, 7:651-5, 1967.
- WINKLER, E.I.G. *Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (Zea mays L.) Composto Dentado Branco*. Piracicaba, ESALQ, 1977. 54p. Tese Mestrado.
- ZINSLY, J.R. *Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em milho (Zea mays L.)*. Piracicaba, ESALQ, 1969. 89p. Tese Doutorado.