

# ANÁLISE QUANTITATIVA DA SELEÇÃO ENVOLVENDO PROGÊNIES DE MILHO (*ZEA MAYS* L.) EM SOLOS SOB CERRADO E FÉRTIL.

## I. PROGRESSOS GENÉTICOS<sup>1</sup>

MARCOS DEON VILELA DE RESENDE<sup>2</sup>, CLAUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR<sup>3</sup>  
ELTO EUGÊNIO GOMES E GAMA e RICARDO MAGNAVACA<sup>4</sup>

**RESUMO** - Este trabalho relata resultados da avaliação de progênies de meios-irmãos da variedade de milho BR 108 em solos sob cerrado e fértil. As magnitudes das estimativas das variâncias genética aditiva mostraram que a variabilidade genética no cerrado, quanto ao caráter peso de espigas, apresentou-se baixa em relação à verificada no fértil, enquanto que no tocante a índice de espigas mostrou-se nula. As magnitudes das estimativas da interação progênies x ambiente apresentaram-se desprezíveis em relação a altura da planta e da espiga, a dias para florescimento e a índice de espigas, mas mostrou-se elevada para peso de espigas, revelando baixa correlação entre médias de progênies nos dois ambientes. Os ganhos genéticos revelaram que no tocante a peso de espigas a seleção indireta (seleção em um ambiente e resposta em outro) apresenta baixa eficiência. Quanto ao cerrado, a seleção na média dos ambientes ou no próprio, conduz a melhores resultados, enquanto no tocante à produtividade média, em ambos ambientes, a melhor situação é a seleção baseada na média, ou no fértil quando da impossibilidade de utilização dos dois ambientes. No que diz respeito à altura da planta e da espiga e a dias para florescimento, a seleção pode ser realizada em qualquer dos ambientes, ao passo que no tocante a índice de espigas a seleção torna-se possível apenas no ambiente fértil.

Termos para indexação: interação genótipo x ambiente, parâmetros genéticos, solos ácidos, resposta à seleção.

## QUANTITATIVE ANALYSIS OF THE SELECTION INVOLVING PROGENIES OF MAIZE (*ZEA MAYS* L.) IN SOILS UNDER "CERRADO" AND FERTILE.

### I. GENETIC GAINS

**ABSTRACT** - This paper reports results from the evaluation of half-sib progenies of the maize variety BR 108 in soils under "cerrado" and fertile. Estimates of the additive genetic variance showed that the genetic variability in the "cerrado" for ear weight was smaller than that in the fertile soil. The genetic variability in the "cerrado" was null for prolificacy. Estimates of the genotype x environment interaction were negligible for plant and ear height, days tasseling and prolificacy. Genotype x environment interaction was high for ear weight, with low genetic correlation between progeny means at the two environments. The genetic gains showed that for ear weight the indirect (selection in one environment and response in another) presents low efficiency. Aiming to obtain gains in the "cerrado", the selection must be practised in the "cerrado" or in the average of the two environments. To enhance the mean productivity the best alternative is to select on the average of the two environments or on the fertile when is not possible to test the progenies in the two environments. For plant and ear height and days to tasseling, the selection can be practised in any environment. For prolificacy, selection is possible only in the fertile soils.

Index terms: genotype x environment interaction, genetic parameters, acid soils, selection response.

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 6 de agosto de 1996.

<sup>2</sup> Eng. Agr., M.Sc., Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Florestas (CNPFL), Caixa Postal 319, CEP 83411-000 Curitiba, PR.

<sup>3</sup> Eng. Agr., Ph.D., Prof., Dep. de Genética, ESALQ/USP, Caixa Postal 83, CEP 13418-900 Piracicaba, SP.

<sup>4</sup> Eng. Agr., Ph.D., Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), Caixa Postal 151, CEP 35700-000 Sete Lagoas, MG.

## INTRODUÇÃO

Dentre os vários processos de seleção empregados no melhoramento do milho, a seleção recorrente é o principal, uma vez que leva a obtenção de variedades melhoradas e é complementar ao método dos híbridos, pois o aumento da frequência dos

alelos favoráveis nas populações conduz também ao melhoramento de híbridos. A seleção recorrente conduzida em solos férteis (não-ácidos) tem sido amplamente utilizada no Brasil (Paterniani, 1967, 1968; Miranda et al., 1977; Sawazaki, 1979; Pommer & Geraldi, 1983; Paterniani & Miranda Filho, 1987; Canton, 1988).

Por outro lado, programas de seleção recorrente incluindo avaliação de progênes em solos ácidos raramente têm sido conduzidos. Napolini Filho et al. (1980) avaliaram progênes de meios-irmãos da população de milho CMS 14, simultaneamente em solo com fertilidade média e baixa saturação de Al, e em solo com alta saturação de Al e baixos níveis de P, Ca e Mg, sob cerrado. Constataram que em relação ao caráter produção de grãos, o progresso esperado com seleção em solos sob cerrado mostrou-se três vezes menor que no solo com baixa saturação de Al. Aguiar (1986) avaliou progênes de meios-irmãos da população CMS 39 em três locais: Lavras (solo não-ácido), Ijaci (solo não-ácido) e Sete Lagoas (solo ácido), e verificou que o progresso com seleção para produção de grãos no solo ácido correpondeu a 77% dos progressos verificados nos solos não-ácidos, e que dentre 40 progênes selecionadas, na média dos três locais, apenas uma fazia parte das superiores nos três locais isoladamente.

Do aqui exposto, verifica-se que os trabalhos realizados com seleção recorrente em solos sob cerrado, no Brasil, têm sido incipientes, tornando-se necessário estudos mais detalhados a esse respeito. Baseando-se nestes antecedentes os objetivos do presente trabalho foram: a) estimação dos componentes de variância genética intrapopulacional, envolvendo progênes de meios-irmãos da variedade BR 108 avaliadas em solo ácido e não-ácido; b) obter informações sobre a variabilidade genética do material no tocante a cinco caracteres, nos dois ambientes; c) verificar as magnitudes dos componentes da variação progênes x ambientes e relacionar suas implicações nos processos de seleção; d) avaliar as magnitudes de progressos diretos e indiretos com seleção envolvendo os dois ambientes.

## MATERIAL E MÉTODOS

No presente trabalho, utilizaram-se 200 progênes de meios irmãos obtidas da variedade de milho BR 108, do

Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS) da Embrapa.

Estas progênes foram avaliadas em dois ambientes contrastantes, solo fértil (não-ácido) e sob cerrado (ácido), localizados na área experimental do CNPMS, no município de Sete Lagoas, MG, no ano agrícola de 1986/1987. O solo sob vegetação de cerrado apresenta pH em torno de 5,0, e nível tóxico de Al, principalmente na camada subsuperficial, enquanto que o solo denominado fértil apresenta pH em torno de 6,0 e não apresenta Al (Resende, 1989).

As 200 progênes de meios irmãos foram divididas em dois grupos e avaliadas em dois experimentos por ambiente, com delineamento em látice 10 x 10, duas repetições e testemunhas (híbrido duplo XL 670 e híbrido intervarietal BR 301) intercalares. As parcelas constituíram-se de uma única linha de 5,0 m de comprimento, com espaçamento de 1,0 m entre linhas, e 0,20 m entre covas, perfazendo-se 25 plantas por parcela.

Foram tomados e analisados dados dos seguintes caracteres: dias para florescimento masculino, altura da planta, altura da espiga, índice de espigas (número de espigas/número de plantas por parcela) e peso das espigas despalhadas. Para os caracteres peso das espigas, altura da planta e da espiga, tomaram-se dados individuais de cinco plantas por parcela, os quais foram utilizados para cálculo dos quadrados médios dentro de progênes. Os dados de peso das espigas despalhadas foram corrigidos para estande ideal de 25 plantas por parcela, pelo método de covariância (Steel & Torrie, 1960). Em decorrência desta correção, as análises referentes a tal caráter sofreram perda de um grau de liberdade no resíduo.

A análise de variância referente aos cinco caracteres foi realizada de maneira usual, segundo o delineamento em látice (Cochran & Cox, 1957), de cada um dos quatro experimentos.

Das análises individuais de cada experimento foram tomados os quadrados médios de tratamentos ajustados e o erro efetivo, os quais foram ponderados para reunir em uma só análise as 200 progênes avaliadas em cada ambiente e obterem-se as análises de variância agrupadas por ambiente. Para tais análises, a obtenção e interpretação dos componentes genéticos das esperanças dos quadrados médios e a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos foram realizados segundo o método relatado por Vencovsky (1987).

Utilizando-se médias de progênes ajustadas, foram realizadas análises de variância conjuntas dos dois ambientes, nos experimentos que possuíam as mesmas 100 progênes. Posteriormente, para reunir as 200 progênes em uma só análise, as análises conjuntas mencionadas anteriormente foram agrupadas.

Para realizar tais análises, foram utilizados o erro efetivo médio - considerando os quatro experimentos - e os quadrados médios de progênies e da interação progênies x ambientes, os quais foram multiplicados pelo número de repetições (2), uma vez que foram obtidos utilizando-se médias de progênies. A obtenção e interpretação dos componentes genéticos das esperanças dos quadrados médios e a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos foram realizados considerando-se o modelo misto, no qual os efeitos dos ambientes são fixos.

A decomposição da interação progênies x ambientes, em parte simples e complexa, foi realizada conforme Vencovsky (1987), porém com um ajuste, por tratar-se de modelo misto (Resende, 1989). Os desvios-padrões e as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram calculados conforme Vello & Vencovsky (1974).

Os progressos esperados com seleção entre médias de progênies de meios-irmãos, relativos a cada caráter, em cada uma das situações, foram calculados mediante o emprego das expressões apresentadas a seguir.

As seguintes situações foram consideradas:

a. Progressos diretos - Seleção em um ambiente e progresso no mesmo ambiente:

$$(G_{s(i/i)}) = \frac{K}{\hat{\sigma}_{\bar{F}_i}} \left(\frac{1}{4}\right) \cdot \hat{\sigma}_{A_i}^2$$

onde:

$K$  = diferencial de seleção standardizado;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}_i}$  = estimativa do desvio-padrão fenotípico entre médias de progênies no ambiente  $i$ ;

$\hat{\sigma}_{A_i}^2$  = estimativa da variância genética aditiva entre progênies no ambiente  $i$ .

b. Progressos indiretos - Seleção em um ambiente e progresso em outro ambiente:

$$(G_{s(i/j)}) = \frac{K}{\hat{\sigma}_{\bar{F}_j}} \left(\frac{1}{4}\right) (\hat{\sigma}_A^2 - \hat{\sigma}_{A_i}^2)_{ij}$$

onde:

$(\hat{\sigma}_A^2 - \hat{\sigma}_{A_i}^2)_{ij}$  = estimativa da covariância genética entre médias de progênies nos ambientes  $i$  e  $j$ ;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}_j}$  = estimativa do desvio-padrão fenotípico entre médias de progênies no ambiente  $j$ .

c. Seleção em um ambiente e progresso na média dos ambientes:

$$(G_{s(i/i)}) = \frac{K}{2\hat{\sigma}_{\bar{F}_i}} \left(\frac{1}{4}\right) \left[ (\hat{\sigma}_A^2 - \hat{\sigma}_{A_i}^2)_{ij} + \hat{\sigma}_{A_i}^2 \right]$$

d. Seleção baseada na média dos ambientes e progresso em ambientes individuais:

$$(G_{s(j/ij)}) = \frac{K}{2\hat{\sigma}_{\bar{F}_{ij}}} \left(\frac{1}{4}\right) \left[ (\hat{\sigma}_A^2 - \hat{\sigma}_{A_i}^2)_{ij} + \hat{\sigma}_{A_j}^2 \right]$$

onde:

$\hat{\sigma}_{A_j}^2$  = estimativa da variância genética aditiva entre progênies no ambiente  $j$ ;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{ij}}$  = estimativa do desvio-padrão fenotípico entre médias de progênies nos ambientes  $i$  e  $j$ , a qual é obtida a partir da análise de variância conjunta.

e. Seleção baseada na média dos ambientes e progresso na média dos ambientes:

$$(G_{s(ij/ij)}) = \frac{K}{4\hat{\sigma}_{\bar{F}_{ij}}} \left(\frac{1}{4}\right) \left[ 2(\hat{\sigma}_A^2 - \hat{\sigma}_{A_i}^2)_{ij} + \hat{\sigma}_{A_i}^2 + \hat{\sigma}_{A_j}^2 \right] = \frac{K}{\hat{\sigma}_{\bar{F}_{ij}}} \left(\frac{1}{4}\right) \cdot \hat{\sigma}_{A_{ij}}^2$$

onde:

$\hat{\sigma}_{A_{ij}}^2$  = estimativa da variância genética aditiva entre progênies nos ambientes  $i$  e  $j$ , a qual é obtida da análise de variância conjunta.

Considerando os casos em que se avalia o progresso médio nos dois ambientes, o progresso observado em cada um dos ambientes individualmente pode ser obtido observando-se o que compõe cada um desses progressos médios, pelas relações apresentadas a seguir:

$$G_{s(ij/j)} = \frac{1}{2} (G_{s(j/j)} + G_{s(i/j)})$$

$$G_{s(ij/i)} = \frac{1}{2} (G_{s(i/i)} + G_{s(j/i)})$$

$$G_{s(ij/ij)} = \frac{1}{2} (G_{s(i/ij)} + G_{s(j/ij)})$$

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### Parâmetros genéticos e fenotípicos e interações genótipo x ambiente

#### Peso de espigas

As significâncias dos quadrados médios (teste F) nas análises de variância agrupadas por ambiente e

conjunta envolvendo os dois ambientes mostraram a existência de variabilidade genética entre progênies para o caráter peso de espigas em todas as situações. Vale ressaltar, porém, que no cerrado detectou-se significância apenas ao nível de 10% de probabilidade, o que indica a menor variabilidade genética expressa em tal ambiente, uma vez que não ocorreram problemas de experimentação em ambos ambientes, e o quadrado médio do resíduo do solo ácido foi inferior ao do solo fértil.

As estimativas da variância genética aditiva, relativas a peso das espigas, foram 179,9745; 392,7868 (Tabela 1) e 205,6576 (gramas/planta)<sup>2</sup> (Tabela 2) no cerrado, no fértil, e nos ambientes em conjunto, respectivamente. Comparando-se estas estimativas com as obtidas por Aguiar (1986) quando avaliou progênies de meios-irmãos simultaneamente em solos férteis ( $\sigma_A^2 = 750,00$  e 450,40) e sob cerrado ( $\sigma_A^2 = 118,42$ ), verifica-se que a estimativa obtida no cerrado é superior à obtida por Aguiar (1986) no mesmo ambiente, e a obtida no fértil, inferior às obtidas pelo mesmo autor, no mesmo ambiente. No entanto, o mesmo padrão de comportamento foi

verificado no presente trabalho, uma vez que a estimativa da variância genética aditiva no fértil apresentou-se superior à do cerrado.

A estimativa da variância genética aditiva apresentada no cerrado corresponde a 45,82% da apresentada no ambiente fértil, o que indica a reduzida variabilidade genética do material quando submetido a solo ácido. Apesar da variabilidade genética muito superior constatada no solo fértil pela população utilizada por Aguiar (1986) em relação à verificada nesta avaliação para o mesmo ambiente, a redução da variabilidade quando o material foi avaliado no cerrado foi muito mais drástica do que no presente trabalho. Isto sugere que todas as populações, as quais são constituídas de uma mistura de genótipos, independentemente da magnitude da variância genética, relativa ao caráter peso das espigas, tendem a apresentar este mesmo tipo de comportamento quando submetidas a solos ácidos. Conforme relataram Napolini Filho et al. (1980), a adaptação às condições de alta acidez do solo conferida pela tolerância ao Al certamente é o fator preponderante para expressão da variabilidade

**TABELA 1.** Estimativas da variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), variância do erro ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância fenotípica entre e dentro de parcelas ( $\hat{\sigma}_d^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variâncias fenotípicas entre plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), e entre médias de progênies ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas ( $\hat{h}_x^2$ ) e ao nível de médias de progênies ( $\hat{h}_x^2$ ) e relação  $\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2$ , juntamente com seus respectivos desvios padrões, para três caracteres nos dois ambientes (cerrado e fértil).

Variável	Cerrado			Solo fértil		
	Peso das espigas (gramas/planta) <sup>2</sup>	Altura da planta (centímetros/planta) <sup>2</sup>	Altura da espiga (centímetros/planta) <sup>2</sup>	Peso das espigas (gramas/planta) <sup>2</sup>	Altura da planta (centímetros/planta) <sup>2</sup>	Altura da espiga (centímetro/planta) <sup>2</sup>
$\hat{\sigma}_p^2$	44,9936 ± 30,2506	48,9287 ± 13,3290	23,5103 ± 6,2290	98,1967 ± 40,9843	49,1422 ± 10,8061	45,1896 ± 9,5285
$\hat{\sigma}_e^2$	269,4107 ± 43,4178	105,8915 ± 14,1674	42,7900 ± 6,5516	368,0257 ± 52,3185	42,8542 ± 10,3411	36,2267 ± 8,8577
$\hat{\sigma}_d^2$	2314,2515 ± 81,7701	111,0158 ± 3,9226	81,5383 ± 2,8810	2091,5243 ± 73,9004	247,2107 ± 3,7348	214,0259 ± 7,5622
$\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2$	8,5901	1,0484	1,9055	5,6831	5,7686	5,9080
$\hat{\sigma}_A^2$	179,9745 ± 121,0026	195,7147 ± 53,3158	94,0414 ± 24,9161	392,7868 ± 163,937	196,5689 ± 43,2248	180,7584 ± 38,1141
$\hat{\sigma}_F^2$	2628,6558	265,8359	147,8386	2557,7466	339,2071	295,4421
$\hat{\sigma}_F^2$	225,9840	112,9760	53,0592	324,0400	95,2904	84,7055
$\hat{h}_x^2$	0,06847 ± 0,0460	0,7362 ± 0,1876	0,6361 ± 0,1586	0,1536 ± 0,0637	0,5795 ± 0,1180	0,6118 ± 0,1193
$\hat{h}_x^2$	0,1991 ± 0,1197	0,4331 ± 0,0845	0,4431 ± 0,0830	0,3030 ± 0,1042	0,5157 ± 0,0722	0,5335 ± 0,0695

**TABELA 2.** Estimativas da variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), variância residual ( $\hat{\sigma}^2$ ), variância da interação dos efeitos de progênies com ambientes ( $\hat{\sigma}_{pl}^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variâncias da interação dos efeitos aditivos com ambientes ( $\hat{\sigma}_{Al}^2$ ), variância fenotípica entre médias de progênies ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), herdabilidades no sentido restrito ao nível de médias de ( $\hat{h}_X^2$ ), obtidas a partir das análises de variância conjuntas envolvendo os dois ambientes juntamente com seus respectivos desvios padrões, em relação a cinco caracteres.

Variável	Peso das espigas (gramas/planta) <sup>2</sup>	Altura da planta (centímetros) <sup>2</sup>	Altura da espiga (centímetros) <sup>2</sup>	Dias para florescimento (dias) <sup>2</sup>	Índice de espigas (nº espigas/planta) <sup>2</sup>
$\hat{\sigma}_p^2$	51,4144 ± 17,2835	46,0925 ± 7,6738	28,4800 ± 4,7703	2,1575 ± 0,3267	0,0006 ± 0,0003
$\hat{\sigma}^2$	406,8337 ± 32,0630	110,1955 ± 6,6312	69,0647 ± 5,4096	4,0476 ± 0,3170	0,0085 ± 0,0007
$\hat{\sigma}_{pl}^2$	20,1376 ± 14,5848	2,9431 ± 3,3755	5,8706 ± 2,6799	0,2562 ± 0,1495	0,0003 ± 0,0003
$\hat{\sigma}_A^2$	205,6576 ± 69,1339	184,3701 ± 30,6951	113,9201 ± 19,0814	8,6298 ± 1,3068	0,0024 ± 0,0013
$\hat{\sigma}_{Al}^2$	80,5506 ± 58,3393	11,7725 ± 14,9419	23,4824 ± 10,7198	1,0246 ± 0,5982	0,0011 ± 0,0012
$\hat{\sigma}_F^2$	153,1228	73,6414	45,7462	3,1694	0,0027
$\hat{h}_X^2$	0,2043 ± 0,1125	0,5859 ± 0,0586	0,4942 ± 0,0715	0,5999 ± 0,0566	0,1193 ± 0,1246

genética relativa ao caráter peso das espigas, nesses ambientes. O caráter produção de grãos é caracterizado por ser muito influenciado pelas condições ambientais, uma vez que a expressão final do caráter depende de condições ideais ao desenvolvimento da planta desde a germinação. Uma vez que a presença do Al tóxico prejudica todo o desenvolvimento da planta, somente a adaptação a essas condições permitirá a expressão de todo o potencial genotípico dos materiais para produção de grãos.

A estimativa obtida para a variância da interação progênies x ambientes foi de 20,1376 (gramas/planta)<sup>2</sup> (Tabela 3) o que corresponde a 44,76; 20,51 e 39,17% da estimativa da variância genética entre progênies no cerrado, no fértil, e em ambientes em conjunto, respectivamente, o que evidencia a superestimação destas respectivas estimativas isoladas. A estimativa da variância da interação foi decomposta em parte simples e parte complexa, tendo-se constatado que a parte simples correspondeu a 12,71%, e a parte complexa, a 87,29% (Tabela 3). Isto indica que a interação ocorreu, em parte, devido à mudança de variabilidade do material de um

ambiente para outro (interação simples), e principalmente devido à relativamente baixa correlação entre médias de progênies nos dois ambientes ( $r_A$ ), cuja estimativa correspondeu a 0,47 (Tabela 3), contribuindo para a ocorrência da interação complexa. A ocorrência de interação complexa nesta magnitude indica que um único programa pode não atender simultaneamente os dois ambientes, uma vez que há inversão na ordem das progênies de um ambiente para outro, sendo necessário então programas em separado, para cada ambiente ou avaliação simultânea nos dois ambientes.

Estes resultados indicam que a interação genótipos x ambientes referente ao caráter peso das espigas quando se consideram solos ácidos e não-ácidos é de grande magnitude e em grande parte complexa, e que se não for manipulada corretamente pode conduzir a resultados indesejáveis nos programas de melhoramento. Aguiar (1986), utilizando solos ácidos e não-ácidos, também obteve estimativas da variância da interação progênies x ambientes de grande magnitude (75,19% da estimativa da variância genética entre progênies).

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas foram de 6,85 e 15,36%, no cerrado e no fértil, respectivamente (Tabela 1). A relação  $\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2$  correspondeu a 8,59 e 5,68 em relação ao cerrado e ao fértil respectivamente, o que evidencia a maior heterogeneidade ambiental dentro de parcelas em relação a entre parcelas, no cerrado.

No que diz respeito aos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de progênies, foram obtidas as estimativas: 19,91; 30,30 e 20,43%, respectivamente, no tocante ao cerrado, ao fértil e à média dos ambientes (Tabela 1). Verifica-se, portanto, que a herdabilidade ao nível de médias de progênies de meios-irmãos corresponde a, aproximadamente, três e duas vezes a herdabilidade ao nível de plantas, respectivamente, no cerrado e no fértil. A herdabilidade ao nível de médias obtida no fértil apresentou-se aproximadamente 33% superior à obtida no cerrado, a qual mostrou-se inferior também à obtida na média dos ambientes.

Concluiu-se, então, que para o caráter peso de espigas há necessidade de utilizarem-se esquemas mais sofisticados de seleção e técnicas experimentais adequadas visando diminuir as variações ambientais, e conseqüentemente, aumentar as herdabilidades e conseguir progressos substanciais com

seleção. No cerrado, ficou demonstrado que a seleção massal baseada em plantas individuais terá pouca efetividade, em virtude do baixíssimo coeficiente de herdabilidade ao nível de plantas, o que concorda com o obtido por Aguiar (1986).

Os erros associados às estimativas apresentaram-se aceitáveis, sendo, entretanto, bastante superiores (proporcionalmente às estimativas) no cerrado, onde se observou também maior coeficiente de variação experimental. Isto sugere a necessidade de maiores cuidados experimentais em tal ambiente.

#### Altura da planta

As estimativas da variância genética aditiva foram de 195,7147; 196,5689 (Tabela 1) e 184,3701 (centímetros/planta)<sup>2</sup> (Tabela 2) relativas ao cerrado, ao fértil e à média dos ambientes, respectivamente. Observa-se que a variabilidade genética manteve-se praticamente constante de um ambiente para outro, reduzindo-se um pouco na média dos ambientes.

O quadrado médio da interação progênies x ambiente mostrou-se não-significativo, o que indica que não houve mudanças significativas no comportamento das progênies de um ambiente para outro. A ausência de interação indica que um programa de seleção pode ser realizado opcionalmente em qualquer

**TABELA 3.** Estimativa da covariância genética  $(\hat{\sigma}_p^2 - \hat{\sigma}_{pl}^2)_{cf}$  e correlação genética aditiva ( $r_{Acf}$ ) entre as médias de progênies nos ambientes cerrado e fértil, interação progênies x ambientes ( $\hat{\sigma}_{pl}^2$ ) e seu desdobramento em parte simples e complexa quanto aos caracteres peso de espigas (gramas/planta)<sup>2</sup>, altura da planta (centímetros)<sup>2</sup>, altura da espiga (centímetro)<sup>2</sup>, dias para florescimento (dias)<sup>2</sup> e índice de espigas (n° de espigas/planta)<sup>2</sup>.

Caráter	$(\hat{\sigma}_p^2 - \hat{\sigma}_{pl}^2)_{cf}$	$(r_{Acf})$	$\hat{\sigma}_{pl}^2$		
			Simplex (%)	Complexa (%)	Total (%)
Peso de espigas	31,2768	0,4705	2,5600 (12,71)	17,5777(87,29)	20,1376(100)
Altura da planta	43,1494	0,8800	0,0001 (0,02)	2,9431(99,998)	2,9431(100)
Altura da espiga	22,6094	0,6937	0,8777(14,95)	4,9929(85,05)	5,8706(100)
Dias para florescimento	1,9013	0,8237	0,0526(20,53)	0,2036(79,47)	0,2562(100)
Índice de espigas	0,0003	0,4338	0,0001(22,92)	0,0002(77,08)	0,0003(100)

dos ambientes, atendendo satisfatoriamente aos dois ambientes. A estimativa da variância da interação progênes x ambientes correspondeu a 2,9431 (centímetros/planta)<sup>2</sup> (Tabela 3) e seu desdobramento em parte simples e complexa revelou que a mesma é praticamente toda complexa (99,99%), já que não houve mudança de variabilidade de um ambiente para outro. No entanto, vale lembrar que essa interação é ínfima, não-significativa, e que a correlação genética aditiva entre médias de progênes nos dois ambientes é alta ( $r_A = 0,88$ ) (Tabela 3).

As estimativas da herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas foram 73,62 e 57,95%, respectivamente, no que tange ao cerrado e ao fértil (Tabela 1). Por outro lado, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de progênes foram de 43,31; 51,57 (Tabela 1) e 58,59% (Tabela 2), respectivamente, no tocante ao cerrado, ao fértil e à média dos ambientes.

Dos resultados apresentados, verifica-se que no que diz respeito ao caráter altura da planta, a seleção massal é a mais indicada, em virtude das altas herdabilidades apresentadas ao nível de plantas, o que concorda com Vera & Crane (1970), Acosta & Crane (1972), Souza Júnior (1983) e Souza Júnior & Miranda Filho (1989). Uma vez que a interação progênes x ambiente se mostrou não-significativa, e que as magnitudes da variância genética não diferem, a seleção pode ser praticada em qualquer dos ambientes, conduzindo a bons resultados.

#### Altura da espiga

As estimativas de variância genética aditiva foram de 94,0414; 180,7584 (Tabela 1) e 113,9201 (centímetros/planta)<sup>2</sup> (Tabela 2) no tocante ao cerrado, ao fértil e à média dos ambientes, respectivamente. Observa-se que a variabilidade genética apresentada no cerrado corresponde a, aproximadamente, 52% da verificada no fértil.

O quadrado médio da interação progênes x ambientes, embora pequeno em relação ao quadrado médio do resíduo, apresentou significância ao nível de 5% de probabilidade. A estimativa da variância da interação progênes x ambientes obtida foi de 5,8706 (centímetros/planta)<sup>2</sup> (Tabela 3) e sua decomposição revelou que 14,95% é devida à

mudança de variabilidade genética do material de um ambiente para outro (parte simples), e 85,05% corresponde à parte complexa. O coeficiente de correlação genética aditiva de progênes nos dois ambientes ( $r_A$ ) corresponde a 0,6937. Assim sendo, a maior participação da interação complexa no total da estimativa da interação não pode ser explicada somente pela falta de correlação genética entre progênes nos dois ambientes, mas também pode ser atribuída às magnitudes das variâncias genéticas em cada local, que nessas circunstâncias contribuíram para o alto valor da interação complexa. É importante ressaltar que a interação, embora significativa, é de pequena magnitude, o que não deve impor que seja efetuada seleção especificamente para cada ambiente.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas foram de 63,61 e 61,18% no cerrado e no fértil, respectivamente (Tabela 1). Quanto aos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias encontraram-se: 44,31; 53,35 (Tabela 1) e 49,42 (Tabela 2) em relação ao cerrado, ao fértil e à média dos ambientes, respectivamente.

Em relação a este caráter, quantidades consideráveis da variação fenotípica total devem-se à variância genética aditiva, e, como o sucesso da seleção depende da magnitude relativa entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica, a seleção massal deve conduzir a bons resultados, conforme relatado por Vera & Crane (1970), Acosta & Crane (1972), Souza Júnior (1983) e Souza Júnior & Miranda Filho (1989), e que pode ser confirmado pelo alto coeficiente de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas observado.

A baixa magnitude da variância da interação progênes x ambientes e as herdabilidades similares obtidas em relação aos dois ambientes permite a escolha opcional de qualquer dos ambientes para a seleção.

#### Dias para florescimento masculino

As estimativas da variância genética aditiva foram de 12,4716; 6,8356 (Tabela 4) e 8,6298 (dias/planta)<sup>2</sup> (Tabela 2) em relação ao cerrado, ao fértil e à média dos ambientes respectivamente. Verifica-se, portanto, que a variabilidade genética apresentada no cerrado foi muito superior à apresentada

no fértil, e também superior à apresentada na média dos ambientes. Segundo Wooley et al. (1962), El-Lakany & Russell (1971), Troyer & Brown (1972, 1976), Buren et al. (1974), o número de dias para florescimento pode sofrer grandes alterações, em decorrência de influências do ambiente, ocorrendo retardamentos e adiantamentos no florescimento em função de pequenas variações ambientais. Assim sendo, o solo sob cerrado, por ser mais variável e heterogêneo, pode ter conduzido à maior variação do número de dias para florescimento que no solo fértil.

**TABELA 4.** Estimativas da variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), variância residual ( $\hat{\sigma}^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variâncias fenotípicas entre médias de progênies ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e herdabilidades no sentido restrito ao nível de médias de progênies ( $\hat{h}_{\bar{x}}^2$ ), juntamente com seus respectivos desvios padrões, para dois caracteres nos dois ambientes (cerrado e fértil).

Variável	Dias para florescimento (dias) <sup>2</sup>	Índice de espigas (nº de espigas/planta) <sup>2</sup>
Cerrado		
$\hat{\sigma}_p^2$	3,1179 ± 0,6747	0,00042 ± 0,0006
$\hat{\sigma}^2$	5,7000 ± 0,6295	0,0079 ± 0,0009
$\hat{\sigma}_A^2$	12,4716 ± 2,6988	0,0017 ± 0,0025
$\hat{\sigma}_F^2$	5,9679	0,0044
$\hat{h}_{\bar{x}}^2$	0,5225 ± 0,0712	0,0965 ± 0,1346
Fértil		
$\hat{\sigma}_p^2$	1,7089 ± 0,3193	0,0013 ± 0,0008
$\hat{\sigma}^2$	2,3952 ± 0,2645	0,0090 ± 0,0010
$\hat{\sigma}_A^2$	6,8356 ± 1,2773	0,0053 ± 0,0031
$\hat{\sigma}_F^2$	2,9065	0,0058
$\hat{h}_{\bar{x}}^2$	0,5880 ± 0,0614	0,2281 ± 0,1150

A variância de tal interação corresponde a 0,2562 (Tabela 3), e seu desdobramento em parte simples e complexa revelou que 20,53% decorre da mudança da variabilidade genética do material de um ambiente para outro, e 79,47% decorre, em parte, de uma pequena falta de correlação entre médias de progênies nos ambientes. É importante ressaltar que a estimativa da variância da interação é de baixíssima magnitude e que a correlação genética aditiva entre médias de progênies, nos dois ambientes, é relativamente alta, correspondendo a 0,82. Assim sendo, a presença desta interação não implica a realização de programas de seleção em cada ambiente, quanto a este caráter.

Os coeficientes de herdabilidade, no sentido restrito ao nível de médias, foram de: 52,25; 58,80 (Tabela 4) e 59,99% (Tabela 2), respectivamente no tocante ao cerrado, ao fértil e à média dos ambientes. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade obtidas concordam com os dados da literatura, os quais confirmam que a herdabilidade deste caráter é relativamente alta (Giesbrecht, 1960; Lonquist et al., 1966; Obilana & Hallauer, 1974; Troyer & Brown, 1976; Bonaparte, 1977; Mock, 1977; Rood & Major, 1980; Smith et al., 1982; Sampaio, 1986). Assim sendo, do ponto de vista prático, vale ressaltar que a utilização de métodos simples de seleção, como a seleção massal, deve conduzir a bons resultados, fato este comprovado por Troyer & Brown (1972, 1976) em pesquisas dirigidas para maior precocidade de florescimento em populações sintéticas de milho. Quanto ao ambiente ideal para seleção, em virtude da baixa interação progênies x ambientes apresentada, e dos coeficientes de herdabilidade similares nos dois ambientes, qualquer dos ambientes poderá ser utilizado.

#### Índice de espigas

As estimativas da variância genética aditiva foram de 0,0017; 0,0053 (Tabela 4) e 0,0024 (espigas/planta)<sup>2</sup> (Tabela 2) no cerrado, no fértil e na média dos ambientes, respectivamente. A estimativa referente ao cerrado é englobada pelo seu desvio-padrão, podendo, assim, ser igual a zero.

A variabilidade genética, aproximadamente nula no cerrado, revela o drástico efeito dos solos ácidos

sobre a prolificidade, concordando com Gardner (1969) e Smith et al. (1982), que relatam que sob condições de estresse a expressão de prolificidade raramente ocorre, e com Motto & Moll (1983), que relatam que a frequência de espigas secundárias aumenta sensivelmente com o aumento do nível de fertilidade do solo.

O quadrado médio da interação progênes x ambientes mostrou-se não-significativo, o que indica que a seleção referente a este caráter deve ser realizada no fértil, conduzindo a resultados desejáveis em ambos ambientes. A estimativa da variância da interação corresponde a 0,0003 (Tabela 3) a qual é englobada por seu desvio-padrão, o que indica que o valor paramétrico pode ser igual a zero. O desdobramento da estimativa da interação em parte simples e complexa revelou que 22,93% dessa estimativa decorre da mudança de variabilidade genética do material de um ambiente para outro, e 77,07% decorre, em parte, da baixa correlação genética entre médias de progênes de um ambiente para outro. No entanto, além de esta interação ser não-significativa, a baixa correlação entre médias de progênes, nos dois ambientes ( $r = 0,43$ ), deveu-se à variação genética praticamente nula observada no cerrado, o que concorreu para uma baixa covariação genética entre médias, nos dois ambientes.

Os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias corresponderam a 9,65; 22,81 (Tabela 4) e 11,93% (Tabela 2) respectivamente, no cerrado, no fértil e na média dos ambientes. No cerrado e na média dos ambientes, as estimativas obtidas apresentaram os respectivos desvios-padrões superiores a elas revelando baixa precisão.

Segundo Harris et al. (1976), a produção múltipla de espigas ajusta-se à descrição de um caráter umbral, pois os efeitos genéticos e de ambiente a ela associados parecem respeitar uma distribuição contínua, enquanto sua expressão fenotípica tem distribuição discreta. Tais caracteres são, geralmente muito influenciados pelo ambiente (Brewbaker, 1969), situação, esta, verificada claramente quanto à prolificidade, haja vista a ampla variação apresentada por estimativas relativas à sua herdabilidade, compreendendo valores entre 0% (Hallauer, 1974) e 100% (Hallauer & Troyer, 1972). No presente tra-

balho, verificou-se que a expressão da prolificidade foi amplamente dependente das condições ambientais, tornando-se possível a seleção apenas no ambiente fértil.

A seleção massal relativa a este caráter, baseada em plantas individuais, tem-se mostrado satisfatória para aumentar a expressão do caráter quando se dispõe de variabilidade genética suficiente (Lonnquist, 1967; Arboleda-Rivera & Compton, 1974; Mareck & Gardner, 1979; Paterniani, 1980; Segóvia Segóvia, 1983; Coors & Mardones, 1989), sendo então o método mais indicado.

### Progressos genéticos com seleção para o caráter peso de espigas

Na Tabela 5 encontram-se os progressos genéticos esperados com seleção ( $G_i$ ) em valor absoluto e em percentagem da média, bem como as médias ( $m$ ) dos ambientes onde se referem os progressos. Foram considerados 10% de intensidade de seleção ( $K = 1,755$ ), e seleção truncada.

Em relação ao caráter peso de espigas, os progressos diretos (seleção e progresso em um mesmo ambiente) foram de 5,25 e 9,75 g por planta, que correspondem a 3,84 e 4,73% para o cerrado e para o fértil, respectivamente. Verifica-se que o progresso obtido no cerrado foi bastante inferior, correspondendo a 81,18% do observado no fértil, o que concorda com os resultados obtidos por Aguiar (1986).

Os progressos indiretos (seleção em um ambiente e progresso em outro) foram de 3,05 e 3,65 g por planta, que correspondem a 2,23 e 1,80% para seleção efetuada no fértil e no cerrado, respectivamente. A seleção indireta conduz a melhores resultados quando realizada no fértil, uma vez que a média no cerrado é bastante inferior.

Quanto à resposta média nos dois ambientes, os progressos foram de 6,31, 4,45 e 7,29 g por planta, que correspondem a 3,72; 2,62 e 4,30% para seleção efetuada no fértil, no cerrado e na média dos ambientes, respectivamente. A seleção baseada na média dos ambientes leva a maior progresso médio nos dois ambientes, e neste caso o progresso verificado no cerrado é de 5,41 g por planta (3,95%),

e no fértil é de 9,18 g por planta (4,54%). Na impossibilidade de utilizarem-se os dois ambientes para seleção, a escolha recai sobre o fértil, que conduzirá a um ganho de 2,23% no cerrado e a 4,73% no próprio. Se a seleção for efetuada no cerrado, haverá um progresso de 3,84% no cerrado, e de 1,80% no fértil.

Dos resultados apresentados conclui-se que a seleção direta no próprio ambiente ácido (cerrado) conduz a melhores progressos no mesmo, do que a seleção indireta praticada no ambiente não-ácido (fértil). Trabalhando com milho, Arboleda-Rivera & Compton (1974) relataram que a eficiência da seleção indireta para produção de grãos em ambientes com estresse revelou-se três vezes inferior à eficiência da seleção direta no próprio ambiente, e Ceccarelli & Grando (1989), trabalhando com cevada (*Hordeum vulgare*), constataram que a efi-

ciência da seleção indireta (seleção sob condições favoráveis e progresso no ambiente com estresse) mostrou-se bastante inferior à seleção direta no próprio ambiente de estresse. De maneira geral, a baixa eficiência da seleção indireta parece ser uma constante quando se consideram ambientes contrastantes (efeitos fixos).

Verificou-se que a seleção baseada na média dos ambientes leva a maior progresso no ambiente ácido do que a seleção no próprio. Isto geralmente tende a acontecer, graças ao aproveitamento da maior variabilidade genética expressa no fértil, e do menor desvio-padrão fenotípico observado na média dos ambientes. Essa situação é a mais indicada para uma seleção especificamente dirigida para o cerrado (solo ácido). No entanto, caso não seja possível a utilização dos dois ambientes, a seleção deve ser realizada no próprio solo ácido.

Quanto ao ambiente não-ácido, a seleção conduzida nele leva a maiores progressos, e a seleção baseada na média não reduz drasticamente a produção em tal ambiente. Já a seleção realizada no ambiente ácido afeta seriamente o progresso no ambiente não-ácido. Segundo Rosielle & Hamblin (1981), a seleção praticada no ambiente com estresse só conduz a bons progressos no ambiente sem estresse quando a variabilidade genética do material no ambiente com estresse for superior à verificada no ambiente sem estresse e se as produções nos dois ambientes apresentarem correlação positiva e alta. E isto parece não ocorrer quando se consideram solos ácidos e não-ácidos.

A escolha dos ambientes para seleção vai depender, primariamente, das circunstâncias do programa de melhoramento. Se for imperativo que produções sejam aumentadas nos solos ácidos, a opção mais indicada é a seleção baseada na média dos ambientes. No entanto, na possibilidade de utilização de apenas um dos ambientes, a escolha deve recair sobre o cerrado. Se o objetivo é o melhoramento para produtividade média em ambos os ambientes, a melhor opção evidentemente é a seleção baseada na média; mas na impossibilidade de utilização dos dois ambientes, o ambiente não-ácido deve ser escolhido, e neste caso vale ressaltar que os progressos esperados no ambiente ácido serão muito baixos.

**TABELA 5.** Progressos genéticos esperados (Gs)<sup>1</sup> com seleção entre médias de progênies de meios-irmãos e médias (m) dos ambientes onde se referem os progressos quanto a três caracteres, considerando-se várias situações: Gs(c/f): seleção no ambiente fértil (f) e progresso no cerrado (c), e seleção e progresso no ambiente c para f=c; Gs(cf/c): seleção no ambiente c e progresso na média dos ambientes c e f; Gs(cf/f): seleção na média dos ambientes e progresso na média dos ambientes; Gs(c/cf): seleção na média dos ambientes e progresso no ambiente c.

Progresso com seleção	Peso das espigas (gramas/planta)		
	m	Gs/ciclo	Gs/ciclo (%)
Gs(c/c)	136,82	5,25	3,84
Gs(f/f)	202,40	9,57	4,73
Gs(c/f)	136,82	3,05	2,23
Gs(f/c)	202,40	3,65	1,80
Gs(cf/f)	169,61	6,31	3,72
Gs(cf/c)	169,61	4,45	2,62
Gs(cf/cf)	169,61	7,29	4,30
Gs(c/cf)	136,82	5,41	3,95
Gs(f/cf)	202,40	9,18	4,54

<sup>1</sup> Considerou-se a mesma intensidade de seleção (10%) e seleção truncada.

Assim sendo, se solos ácidos e não-ácidos são igualmente frequentes em determinada região para onde se dirigirá o programa de melhoramento, a seleção para maiores progressos em solos ácidos deverá ser considerada interessante, e a inclusão de um ambiente ácido para avaliação, obrigatório.

Estas considerações poderão ser extrapoladas para outras populações que sejam constituídas por uma mistura de genótipos e não tenham sido submetidas à seleção com vistas a tolerância ao Al, sendo da maior importância em programas de seleção recorrente e primeiros estágios de seleção onde o melhorista moverá a média da população em uma direção específica.

#### **Seleção com vistas aos caracteres altura da planta, altura da espiga, índice de espigas e dias para florescimento masculino**

Com vistas aos caracteres altura da planta, altura da espiga e dias para florescimento, deve ser praticada seleção massal por ocasião da obtenção e recombinação das progênes, em função da alta herdabilidade desses caracteres, conforme já descrito anteriormente. Quanto ao ambiente ideal para seleção, tanto o cerrado quanto o fértil são adequados em função da ausência de interação genótipo x ambiente envolvendo esses caracteres.

Com relação ao caráter índice de espigas, indica-se a seleção massal por ocasião da obtenção e recombinação das progênes, já que a expressão fenotípica do caráter apresenta distribuição discreta. Na literatura, a definição do ambiente ideal para a seleção de plantas prolíficas é um pouco controversa. Arboleda-Rivera & Compton (1974) sugerem a identificação de genótipos com esta característica sob condições de déficit hídrico, com base na pressuposição de que materiais assim selecionados tendem a apresentar maior número de espigas quando cultivados em ambientes favoráveis. Smith et al. (1982) recomendam que a seleção com vistas à prolificidade deve ser conduzida sob baixa densidade de plantio, evitando-se, assim, condições de estresse, de forma a favorecer a expressão do caráter. Alguns autores indicam que a seleção com

vistas à prolificidade deve ser conduzida sob baixas densidades de plantio e níveis ótimos de fertilidade (Moll & Kamprath, 1977; Anderson et al., 1984; Singh et al., 1986), fato esse confirmado por Coors & Mardones (1989).

Os resultados do presente trabalho confirmam que a seleção somente é possível no ambiente sem estresse, o que está conforme a maioria dos relatos da literatura. Assim sendo, a seleção massal deverá ser praticada no fértil, e, caso o programa seja conduzido exclusivamente no cerrado, o emprego de uma densidade de plantio mais baixa para forçar a expressão de prolificidade pode ser uma alternativa para os primeiros ciclos de seleção.

#### **CONCLUSÕES**

1. Quanto aos caracteres peso das espigas e altura da espiga, a variabilidade genética no cerrado apresenta-se baixa em relação à verificada no solo fértil.
2. Quanto a índice de espigas, a variabilidade no cerrado mostra-se praticamente nula.
3. A interação progênes x ambientes apresenta-se elevada quanto ao caráter peso das espigas, e não-significativa quanto a altura da planta, índice de espigas, altura da espiga e dias para florescimento.
4. Os progressos genéticos com seleção revelam que a seleção indireta apresenta baixa eficiência quanto ao caráter peso das espigas.
5. Visando à obtenção de ganhos genéticos no cerrado, recomenda-se a seleção com base na média dos dois ambientes.
6. Visando à obtenção de ganhos genéticos no ambiente fértil, a seleção deve ser realizada com base na avaliação no próprio ambiente fértil.
7. Recomenda-se a inclusão de um solo ácido para avaliação dos materiais genéticos, quando o objetivo é aumentar a produtividade média nos dois tipos de ambientes.
8. Quanto aos caracteres altura da planta e da espiga, dias para florescimento e índice de espigas, a seleção massal, no ambiente fértil, por ocasião da recombinação e obtenção das progênes, é o método de melhoramento mais eficiente.

## REFERÊNCIAS

- ACOSTA, A.N.; CRANE, P.L. Further selection for lower ear height in maize. *Crop Science*, Madison, v.12, p.165-167, 1972.
- AGUIAR, P.A. de. Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente. Lavras: Escola Superior de Agricultura de Lavras, 1986. 68p. Tese de Mestrado.
- ANDERSON, E.L.; KAMPRATH, E.J.; MOLL, R.H. Nitrogen fertility effects on accumulation, remobilization, and partitioning of N and dry matter in corn genotypes differing in prolificacy. *Agronomy Journal*, Madison, v.76, p.397-404, 1984.
- ARBOLEDA-RIVERA, F.; COMPTON, W.A. Differential response of maize (*Zea mays* L.) to mass selection in diverse selection environments. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v.44, p.77-81, 1974.
- BONAPARTE, E.E.N.A. Diallel analysis of leaf number and duration to mid-silk in maize. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, Ottawa, v.19, p.251-258, 1977.
- BREWBAKER, J.L. Genética na agricultura. São Paulo: Polígono, 1969. 217p.
- BUREN, L.L.; MOCK, J.J.; ANDERSON, I.C. Morphological and physiological traits in maize associated with tolerance to high plant density. *Crop Science*, Madison, v.14, p.26-29, 1974.
- CANTON, T. Avaliação de oito ciclos de seleção recorrente na população de milho (*Zea mays* L.) SUWAN DMR. Piracicaba: ESALQ-USP, 1988. 112p. Tese de Mestrado.
- CECCARELLI, S.; GRANDO, S. Efficiency of empirical selection under stress conditions in barley. *Journal of Genetics & Breeding*, Roma, v.43, p.25-31, 1989.
- COCHRAN, W.G.; COX, G.M. *Experimental designs*. 2.ed. New York: J. Wiley & Sons, 1957. 611p.
- COORS, J.G.; MARDONES, M.C. Twelve cycles of mass selection for prolificacy in maize. I. Direct and correlated responses. *Crop Science*, Madison, v.29, p.262-266, 1989.
- EL-LAKANY, M.A.; RUSSELL, W.A. Relationships of maize characters with yield in testcrosses of inbreds at different densities. *Crop Science*, Madison, v.11, p.698-701, 1971.
- GARDNER, C.O. Genetic variation in irradiated and control populations of corn after ten cycles of mass selection for high grain yield. In: GARDNER, C.O. (Ed.). *Induced mutations in plants*. Vienna: International Atomic Energy Agency, 1969. p.469-477.
- GIESBRECHT, J. The inheritance of time of silking and pollen shedding in maize. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, Ottawa, v.1, p.329-338, 1960.
- HALLAUER, A.R. Heritability of prolificacy in maize. *The Journal of Heredity*, Washington, v.65, p.163-168, 1974.
- HALLAUER, A.R.; TROYER, A.F. Prolific corn hybrids and minimizing risk of stress. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY-RESEARCH CONFERENCE, 27., Chicago, 1972. *Proceedings...* Washington: American Seed Trade Association, 1972. p.140-158.
- HARRIS, R.E.; MOLL, R.H.; STUBER, C.W. Control and inheritance of prolificacy in maize. *Crop Science*, Madison, v.16, p.843-850, 1976.
- LONNQUIST, J.H. Mass selection for prolificacy in maize. *Der Züchter*, Berlin, v.37, p.185-188, 1967.
- LONNQUIST, J.H.; COTA, A.O.; GARDNER, C.O. Effect of mass selection and thermal neutron irradiation on genetic variances in a variety of corn (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, v.6, p.330-332, 1966.
- MARECK, J.H.; GARDNER, C.O. Responses to mass selection in maize and stability of resulting populations. *Crop Science*, Madison, v.19, p.779-783, 1979.
- MIRANDA, L.T.; MIRANDA, L.E.C. de; POMMER, C.V.; SAWAZAKI, E. Oito ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho IAC-1. *Bragantia*, Campinas, v.36, p.187-196, 1977.
- MOCK, J.J. Breeding maize to convert solar energy into food more efficiently. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 32., 1977, Chicago. *Proceedings...* Washington: American Seed Trade Association, 1977. p.32-46.
- MOLL, R.H.; KAMPRATH, E.J. Effect of population density upon agronomic traits associated with genetic increases in yield of *Zea mays* L. *Agronomy Journal*, Madison, v.69, p.81-84, 1977.
- MOTTO, M.; MOLL, R.H. Prolificacy in maize: a review. *Maydica*, Bergamo, v.28, p.53-76, 1983.
- NASPOLINI FILHO, V.; VIANA, R.T.; GAMA, E.E.G.; VENCOSKY, R. Comportamento de progênies de milho sob condições de solo normal e de cerrado.

- In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 13., 1980, Londrina. Anais... Londrina: IAPAR, 1980. p.18.
- OBILANA, A.T.; HALLAUER, A.R. Estimation of variability of quantitative traits in BSSS by using unselected maize lines. *Crop Science*, Madison, v.14, p.99-103, 1974.
- PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ-USP, 1968. 92p. Tese de Cátedra.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, v.7, p.212-216, 1967.
- PATERNIANI, E. Seleção massal com controle biparental para prolificidade em milho. *Relatório Científico do Departamento de Genética*. ESALQ, Piracicaba, v.14, p.69-76, 1980.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoria de populações. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Eds.). *Melhoramento e produção de milho*. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, cap.6, p.217-274.
- POMMER, C.V.; GERALDI, I.O. Selection among and within half sib families in two maize opaque populations. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.6, p.461-472, 1983.
- RESENDE, M.D.V. de. Seleção de genótipos de milho (*Zea mays* L.) em solos contrastantes. Piracicaba: ESALQ-USP, 1989. 212p. Tese de Mestrado.
- ROOD, B.; MAJOR, J. Diallel analysis of flowering-time in corn (*Zea mays* L.) using a corn heat unit transformation. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, Ottawa, v.22, p.633-640, 1980.
- ROSIELLE, A.A.; HAMBLIN, J. Theoretical aspects of selection for yield in stress and non-stress environments. *Crop Science*, Madison, v.21, p.943-946, 1981.
- SAMPAIO, N.F. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (*Zea mays* L.). ESALQ-PB-4 e ESALQ-PB-5. Piracicaba: ESALQ-USP, 1986. 106p. Tese de Mestrado.
- SAWAZAKI, E. Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção de grãos no milho IAC Maya. Piracicaba: ESALQ-USP, 1979. 99p. Tese de Mestrado.
- SEGÓVIA SEGÓVIA, V.F. Avaliação da seleção massal em ambos os sexos para prolificidade em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ-USP, 1983. 91p. Tese de Mestrado.
- SINGH, M.; KHEHRA, A.S.; DHILLON, B.S. Direct and correlated response to recurrent full-sib selection for prolificacy in maize. *Crop Science*, Madison, v.26, p.275-278, 1986.
- SMITH, C.S.; MOCK, J.J.; CROSBIE, T.M. Variability for morphological and physiological traits associated with barrenness and grain yield in the maize population, Iowa Upright Leaf Synthetic  $\neq$  1. *Crop Science*, Madison, v.22, p.828-832, 1982.
- SOUZA JÚNIOR, Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e inter-populacional. Piracicaba: ESALQ-USP, 1983. 151p. Tese de Doutorado.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra - and interpopulation recurrent selection. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.12, p.271-285, 1989.
- STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. *Principles and procedures of statistics*. New York: McGraw-Hill, 1960. 481p.
- TROYER, A.F.; BROWN, W.L. Selection for early flowering in corn. *Crop Science*, Madison, v.12, p.301-304, 1972.
- TROYER, A.F.; BROWN, W.L. Selection for early flowering in corn: seven late synthetics. *Crop Science*, Madison, v.16, p.767-772, 1976.
- VELLO, N.A.; VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. *Relatório Científico do Departamento de Genética*. ESALQ, Piracicaba, v.8, p.238-248, 1974.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Eds.). *Melhoramento e produção de milho*. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, cap.5, p.137-214.
- VERA, G.A.; CRANE, P.L. Effects of selection for low ear height in synthetic populations of maize. *Crop Science*, Madison, v.10, p.286-288, 1970.
- WOOLEY, D.G.; BARACCO, N.P.; RUSSEL, W.A. Performance of four corn inbreds in single-cross hybrids as influenced by plant density and spacing patterns. *Crop Science*, Madison, v.2, p.441-444, 1962.