

Variabilidade genética em famílias S_1 de diferentes populações de milho

Deoclécio Domingos Garbuglio^{1*}, José Branco de Miranda Filho² e Marcos Cella²

¹Instituto Agronômico do Paraná, Área de Melhoramento e Genética Vegetal, Rod. Celso Garcia Cid, Km 375, Cx. Postal 481, 86047-902, Londrina, Paraná, Brasil. ²Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, São Paulo, Brasil. *Autor para correspondência. E-mail: deocleciodg@yahoo.com.br

RESUMO. Os objetivos do presente trabalho se dirigem ao estudo da variabilidade genética em sete populações de milho de ampla base genética, visando ao melhoramento de populações. Os experimentos foram instalados em blocos casualizados em um local (Anhembí, Estado de São Paulo) com famílias S_1 de sete populações (GO-D: dentado, GO-F: flint, GO-L: espiga longa, GO-G: espiga grossa; e compostos G3, G4 e GO-S). Foram estimadas a variância genética entre médias de famílias, a variância fenotípica entre médias de famílias e o coeficiente de herdabilidade (sentido amplo) para médias de famílias. As estimativas de herdabilidade foram altas para peso de espigas (0,89 a 0,94), comprimento da espiga (0,77 a 0,88) e diâmetro da espiga (0,77 a 0,92), e menores para altura da planta (0,58 a 0,80) e altura da espiga (0,54 a 0,84), demonstrando alto potencial das populações para seleção recorrente com famílias S_1 . O peso de espigas nas populações-base usadas como testemunha apresentou valores variando de 11.200 kg ha⁻¹ (GO-D) a 12.800 kg ha⁻¹ (G3). As médias de famílias S_1 entre populações variaram de 6.070 kg ha⁻¹ (GO-F) a 7.380 kg ha⁻¹ (G4).

Palavras-chave: *Zea mays* L., melhoramento, seleção recorrente.

ABSTRACT. Genetic variability in S_1 families from different maize populations.

The objectives of the present work were directed towards the study of genetic variability in seven maize populations with a broad genetic base, as a guide for population improvement. The field evaluation was conducted in completely randomized blocks, at one location (Anhembí, São Paulo state) with different groups of S_1 families obtained from seven populations (GO-D: dent type, GO-F: flint type, GO-L: long ear, GO-G: thick ear; and composites G3, G4 and GO-S). Estimates were obtained for genetic variance (progeny mean basis), phenotypic variance of families means, and coefficient of heritability (broad sense) for progeny means. Estimates of heritability were high for ear weight (0.89 to 0.94), ear length (0.77 to 0.88) and ear diameter (0.77 to 0.92); and lower for plant height (0.58 to 0.80) and ear height (0.54 to 0.84), thus showing the high potential of the populations for recurrent selection based on S_1 families. Ear yield in the base populations used as controls varied from 11,200 kg ha⁻¹ (GO-D) to 12,800 kg ha⁻¹ (G3). The means of S_1 families varied from 6,070 kg ha⁻¹ (GO-F) to 7,380 kg ha⁻¹ (G4); the inbreeding depression in S_1 families varied from 37.5% (G4) to 48.0% (G3) relative to the non-inbred population.

Key words: *Zea mays* L., breeding, recurrent selection.

Introdução

O melhoramento genético do milho tem contribuído significativamente para o aumento de produtividade no Brasil, onde houve um incremento de 1.618 kg ha⁻¹ nos últimos 31 anos (Coelho et al., 2003). Embora não estejam disponíveis informações a respeito do percentual dos fatores genético ou ambientais responsáveis por esse aumento, a exemplo do que ocorreu nos EUA, como apresentado por Duvick Cassman (1999) e Troyer (2004), o melhoramento genético associado às inovações no manejo fitotécnico da cultura são fundamentais para o aumento da produtividade.

A busca por ganhos adicionais pela seleção tem sido complementada com esforços no melhoramento de outros caracteres agronômicos importantes que, direta ou indiretamente, terão influência no rendimento da cultura.

Para se obter progresso em um programa de melhoramento, para qualquer característica, o fator primordial é a existência de variabilidade genética. Em milho, a maior parte dos esforços direcionados na avaliação da variabilidade está concentrada em caracteres quantitativos. Neste contexto, a seleção recorrente é um método importante em programas de melhoramento populacional de milho e pode ser

definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguida pela recombinação dos indivíduos selecionados (FEHR, 1987). Desse modo, a seleção recorrente tem como objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis em uma população, mantendo a variabilidade genética.

São vários os métodos de seleção empregados atualmente, porém as diferenças entre eles nem sempre são bem definidas. Estas se referem ao grau de controle parental dos progenitores selecionados, que inclui diferenças nas unidades de seleção (indivíduos ou famílias), uso de testadores e controle do ambiente. O uso de famílias endogâmicas é recomendado para caracteres de baixa herdabilidade, uma vez que a endogamia remete ao aumento da variância genética entre famílias (RODRIGUEZ; HALLAUER, 1991; EDWARDS; LAMKEY, 2002) e conduz a aumento do progresso esperado com a seleção (PARTENIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

O presente trabalho teve como objetivo estudar a variabilidade genética em sete populações de milho, em cinco caracteres de interesse agrônômico, visando ao melhoramento dessas populações.

Material e métodos

Foram utilizados diferentes conjuntos de famílias S_1 (Tamanhos n), provenientes de sete populações de milho pertencentes ao programa de melhoramento genético do Departamento de Genética da ESALQ/USP, a saber: GO-D ($n=40$), GO-F ($n=75$), GO-L ($n=70$), GO-G ($n=80$), G3 ($n=50$), G4 ($n=50$) e GO-S ($n=90$). Como testemunhas, foram utilizadas as sete populações que deram origem às famílias S_1 e o híbrido simples DKB 390, de grãos semiduros amarelo-alaranjados.

Para minimizar os efeitos ambientais em razão do grande número de famílias, os experimentos referentes às populações GO-L, GO-G, GO-S e GO-F foram separados de modo que houvesse dois conjuntos de experimentos para as famílias dessas populações, cada um com 35 (GO-L), 40 (GO-G) e 45 (GO-S) famílias. Para GO-F, os experimentos foram divididos em um contendo 40 e outro com 35 famílias. Os 11 experimentos foram conduzidos na Fazenda Experimental do Departamento de Genética da ESALQ/USP, localizada no município de Anhembi, Estado de São Paulo, durante o ano agrícola de 2005/2006, em delineamento de blocos casualizados com duas repetições, onde a parcela experimental foi representada por uma linha de 5 m de comprimento, espaçamento de 80 cm entre linhas e 20 cm entre plantas; após o desbaste, foram deixadas 25 plantas linha^{-1} , de modo a se obter um estande final equivalente a 62.500 plantas ha^{-1} .

O modelo estatístico adotado foi: $Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$, em que Y_{ij} é a observação referente ao tratamento i no bloco j ; μ é a média geral das observações; t_i é o efeito aleatório de tratamentos; b_j é o efeito aleatório de blocos e e_{ij} é o erro experimental (BARBIN, 2003). Foram realizadas análises agrupadas entre os experimentos que pertenciam a uma mesma população, no caso os experimentos referentes a GO-L, GO-G, GO-S e GO-F. As estimativas de variância genotípica foram obtidas por $\hat{\sigma}_G^2 = (Q_P - Q_E)/J$, em que $\hat{\sigma}_G^2$ é a estimativa da variância genotípica entre famílias S_1 ; Q_P é o quadrado médio de famílias S_1 ; Q_E é o quadrado médio do resíduo e J é o número de repetições. A herdabilidade em nível de médias (h_x^2), em sentido amplo, foi calculada pela equação $h_x^2 = \hat{\sigma}_G^2 / \hat{\sigma}_F^2$, em que $\hat{\sigma}_F^2$ é a variância fenotípica em nível de médias, ou seja, $\hat{\sigma}_F^2 = Q_P/J$.

Os dados utilizados referem-se às variáveis: altura de plantas e altura de espigas, medidas em cm planta^{-1} ; comprimento de espigas e diâmetros de espigas, medidos em cm espiga^{-1} , na média de cinco espigas colhidas ao acaso no meio da parcela experimental; peso de espigas, obtido no total da parcela e ajustado para o estande inicial de 25 plantas, segundo o método da covariância (VENCONVSKY; BARRIGA, 1992), e transformado em kg ha^{-1} . As análises foram realizadas com auxílio dos programas Genes (CRUZ, 2005) e SAS (SAS, 1999).

Resultados e discussão

Os quadrados médios de famílias das sete populações (Tabela 1) apresentaram significância em nível de 1% pelo teste F, para os cinco caracteres avaliados. Os valores dos coeficientes de variação experimental ($CV_e\%$), segundo as classificações propostas por Scapim et al. (1995), refletiram a alta precisão experimental em razão das suas classificações como baixos ou médios, com exceção da variável altura de espigas para as populações GO-D e G3, que apresentou valores acima de 9%, classificados como altos.

As médias (Tabela 1) das populações originais ficaram compreendidas entre 11.232 kg ha^{-1} (GO-L) e 12.784 kg ha^{-1} (G3). A produtividade da testemunha oscilou entre os experimentos de 12.969 a 14.815 kg ha^{-1} . Levando-se em consideração que a testemunha DKB 390 é um híbrido simples com elevado potencial produtivo, pode-se constatar que as populações e os compostos utilizados no presente estudo, em geral, apresentam altas produtividades.

Tabela 1. Quadrados médios de progênies (QP) e do erro (QE), coeficientes de variação experimental (CV_e%) e genético (CV_g%), relação CV_g/CV_e (índice b) e médias da população original (\bar{X}_0), progênies S₁ (\bar{X}_{s_1}), testemunha (\bar{X}_{s_1}) e depressão por endogamia de S₀ para S₁ (\bar{X}_{s_1} %), em sete populações e cinco variáveis. Anhembi, Estado de São Paulo, safra 2005/2006.

População	Quadrados médios		CV _e %	CV _g %	b	\bar{X}_0	\bar{X}_{s_1}	\bar{X}_{s_1}	\bar{X}_{s_1} %
	QP	QE							
Altura de plantas (cm planta ⁻¹)									
GO-D	530,13	156,82	5,9	4,7	1,02	235	200	208	14,9
GO-F	398,24	80,94	4,5	6,3	1,40	241	199	213	17,4
GO-L	434,43	101,31	4,8	6,1	1,28	241	209	207	13,3
GO-G	404,47	70,93	4,0	6,1	1,53	240	210	216	12,5
G3	249,31	104,54	4,8	3,9	0,83	247	213	216	13,8
G4	530,13	156,82	5,9	6,5	1,09	245	210	213	14,3
GO-S	373,31	75,22	4,4	6,2	1,41	228	197	209	13,6
Altura de espigas (cm planta ⁻¹)									
GO-D	317,11	109,31	9,3	4,4	0,76	130	104	108	20,0
GO-F	151,54	23,79	4,6	7,7	1,64	141	104	106	26,2
GO-L	252,13	82,55	8,2	8,4	1,01	134	110	111	17,9
GO-G	281,03	48,97	6,2	9,7	1,54	126	112	113	11,1
G3	213,28	49,12	6,3	8,2	1,29	125	111	120	11,2
G4	317,11	109,31	9,3	9,1	0,97	130	112	116	13,8
GO-S	153,65	49,81	6,7	6,9	1,02	125	105	113	16,0
Peso de espigas (kg ha ⁻¹)									
GO-D	528,67 x10 ⁴	46,74 x10 ⁴	9,3	28,3	2,77	11.275	6.416	12.969	43,1
GO-F	310,32 x10 ⁴	28,68 x10 ⁴	8,8	19,6	2,22	11.447	6.070	13.630	47,0
GO-L	348,53 x10 ⁴	32,70 x10 ⁴	9,2	20,3	2,20	11.232	6.205	13.365	44,8
GO-G	444,89 x10 ⁴	37,07 x10 ⁴	9,2	21,6	2,35	12.077	6.616	13.849	45,2
G3	330,94 x10 ⁴	35,82 x10 ⁴	9,0	18,3	2,03	12.784	6.646	13.992	48,0
G4	528,67 x10 ⁴	46,74 x10 ⁴	9,3	21,0	2,27	11.808	7.381	13.972	37,5
GO-S	556,14 x10 ⁴	34,45 x10 ⁴	8,4	23,1	2,75	11.442	6.987	14.815	38,9
Comprimento de espigas (cm espiga ⁻¹)									
GO-D	4,10	0,63	5,0	8,1	1,47	18,8	15,5	16,0	17,6
GO-F	4,18	0,49	4,5	8,7	1,94	18,7	15,6	17,2	16,6
GO-L	4,09	0,62	4,9	8,1	1,68	18,5	16,2	16,6	12,4
GO-G	4,11	0,94	6,3	8,3	1,30	17,9	15,3	16,5	14,5
G3	3,26	0,69	5,3	7,2	1,36	18,3	15,7	17,7	14,2
G4	4,10	0,63	5,0	8,4	1,66	18,1	15,8	16,8	12,7
GO-S	3,72	0,43	4,4	8,6	1,96	17,5	15,0	17,5	14,3
Diâmetro de espigas (cm espiga ⁻¹)									
GO-D	0,1224	0,0308	4,1	6,0	2,43	4,8	4,4	5,2	8,3
GO-F	0,1650	0,0235	3,7	6,4	1,73	4,7	4,2	5,2	10,6
GO-L	0,1302	0,0295	4,1	5,3	1,31	4,8	4,2	5,2	12,5
GO-G	0,1942	0,0206	3,3	6,7	2,05	4,9	4,4	5,2	10,2
G3	0,1143	0,0106	2,4	5,2	2,21	4,8	4,4	5,1	8,3
G4	0,1224	0,0308	4,1	4,9	1,22	4,6	4,3	5,2	6,5
GO-S	0,1432	0,0191	3,2	5,7	1,80	4,8	4,4	5,2	8,3

¹Graus de liberdade para QP e QE: 39 para GO-D, 49 para G3 e G4; 74, 69, 79 e 89 para GO-F, GO-L, GO-G e GO-S, respectivamente.

Para as variáveis altura de plantas e altura de espigas, os valores médios apresentados pelas sete populações estiveram dentro dos padrões comerciais, ainda com uma boa relação altura espigas/altura de plantas. Para comprimento e diâmetro de espigas, as diferenças entre as médias das populações foram baixas, oscilando entre 17,5 (GO-S) a 18,8 cm espiga⁻¹ (GO-D) para CE, e 4,6 (G4) a 4,9 cm espiga⁻¹ (GO-G) para DE.

Com relação ao híbrido, verificou-se que as médias das populações foram maiores para comprimento de espigas, enquanto para diâmetro de espigas, o híbrido apresentou valores um pouco mais elevados, com média de 5,2 cm espiga⁻¹, tendo as populações apresentado média de 4,8 cm espiga⁻¹.

As famílias S₁ de G4 foram as que apresentaram maior valor percentual de peso de espigas em relação à produtividade da testemunha DKB 390 (52,8%). O decréscimo da variável peso de espigas das famílias S₁, em relação à população original, variou de 37,5 a

48,0% nas populações G4 e G3, respectivamente (Tabela 1). Em média, o decréscimo foi de 43,5%. Outros trabalhos apresentam, em valores médios, efeitos de depressão por endogamia para rendimento de grãos variando de 37,5 a 68,0% (NASS; MIRANDA FILHO, 1995; SIMON et al., 2004), e para peso de espiga em torno de 44,0% (NASS; MIRANDA FILHO, 1995; LIMA et al., 1984).

Os percentuais de depressão por endogamia, para as variáveis altura de plantas e altura de espigas, ficaram abaixo de 20%, com exceção da população GO-F para a variável altura de espigas (26,2%); para comprimento e diâmetro de espigas, os valores foram menores que 15%, com exceção das populações GO-D e GO-F para a variável comprimento de espigas (17,6 e 16,6, respectivamente). Lima et al. (1984), em seus estudos com relação aos efeitos de depressão por endogamia, em 32 populações brasileiras de milho, verificaram amplitudes de 27,0 a 57,9% para rendimento de grãos,

7,5 a 20,3% para altura de plantas e 6,9 a 27,4% para altura de espigas. Os autores citaram, ainda, que os efeitos de depressão por endogamia são menores para altura de plantas e espigas, quando comparados à variável rendimento de grãos, uma vez que os efeitos de dominância são menos expressivos. Para as variáveis comprimento e diâmetro de espigas, os efeitos de dominância são igualmente pouco expressivos, o que resulta em menor depressão por endogamia.

Para as estimativas de variâncias fenotípica e genotípica ($\hat{\sigma}_F^2$ e $\hat{\sigma}_G^2$, respectivamente), verifica-se (Tabela 2) que a população G4 apresentou os maiores valores para altura de plantas (265,06 (cm planta⁻¹)²) e altura de espigas (158,56 (cm planta⁻¹)²), quando comparados aos das demais populações. Para peso de espigas, os menores valores para $\hat{\sigma}_F^2$ e $\hat{\sigma}_G^2$ foram observados para a população GO-F (155,16 e 140,82 (kg ha⁻¹)²).

Tabela 2. Parâmetros genéticos estimados para cinco variáveis em sete populações. Anhembi, Estado de São Paulo, safra 2005/2006.

Parâmetros	GO-D	GO-F	GO-L	GO-G	G3	G4	GO-S
Altura de plantas (cm planta ⁻¹)							
$\hat{\sigma}_F^2$	132,89	199,12	217,22	202,24	124,66	265,06	186,66
$\hat{\sigma}_G^2$	89,39	158,65	166,56	166,77	72,38	186,65	149,05
$\hat{\sigma}_E^2$	43,51	40,47	50,65	35,47	52,27	78,41	37,61
h_x^2	0,67	0,80	0,77	0,82	0,58	0,70	0,80
Altura de espigas (cm planta ⁻¹)							
$\hat{\sigma}_F^2$	38,58	75,77	126,07	140,51	106,64	158,56	76,83
$\hat{\sigma}_G^2$	20,74	63,88	84,79	116,03	82,08	103,90	51,92
$\hat{\sigma}_E^2$	17,84	11,90	41,28	24,49	24,56	54,65	24,90
h_x^2	0,54	0,84	0,67	0,83	0,77	0,66	0,68
Comprimento de espigas (cm espiga ⁻¹)							
$\hat{\sigma}_F^2$	1,96	2,09	2,04	2,06	1,63	2,05	1,86
$\hat{\sigma}_G^2$	1,59	1,85	1,74	1,59	1,28	1,74	1,65
$\hat{\sigma}_E^2$	0,37	0,25	0,31	0,47	0,34	0,31	0,21
h_x^2	0,81	0,88	0,85	0,77	0,79	0,85	0,88
Diâmetro de espigas (cm espiga ⁻¹)							
$\hat{\sigma}_F^2$	0,0753	0,0825	0,0651	0,0971	0,0572	0,0612	0,0716
$\hat{\sigma}_G^2$	0,0694	0,0707	0,0503	0,0868	0,0519	0,0458	0,0621
$\hat{\sigma}_E^2$	0,0059	0,0118	0,0148	0,0103	0,0053	0,0154	0,0095
h_x^2	0,92	0,86	0,77	0,89	0,91	0,75	0,87
Peso de espigas (kg ha ⁻¹)							
$\hat{\sigma}_F^2$	350,32	155,16	174,26	222,45	165,47	264,33	278,07
$\hat{\sigma}_G^2$	328,92	140,82	157,91	203,91	147,56	240,96	260,84
$\hat{\sigma}_E^2$	21,40	14,34	16,35	18,54	17,91	23,37	17,23
h_x^2	0,94	0,91	0,91	0,92	0,89	0,91	0,94

$\hat{\sigma}_F^2$: variância fenotípica entre médias de progênies; $\hat{\sigma}_G^2$: variância genética; $\hat{\sigma}_E^2$: variância ambiental; h_x^2 : coeficiente de herdabilidade (sentido amplo) para médias de progênies.

Os maiores valores foram verificados para a população GO-D (350,32 e 328,92 (kg ha⁻¹)²). Para as

variáveis comprimento de espigas e diâmetro de espigas, as amplitudes entre os maiores e os menores valores foram consideradas baixas.

Os coeficientes de variação genéticos (CV_g%), que representam uma medida relativa da variabilidade genética, de modo geral, apresentaram valores próximos de 6% para as variáveis altura de plantas e diâmetro de espigas, enquanto para altura e comprimento de espigas, estes valores ficaram próximos de 8%. Os valores mais expressivos foram verificados para peso de espigas com amplitude de 18,28% (G3) a 28,27 (GO-D). Os maiores valores de CV_g para peso de espigas são, em parte, consequência da maior estimativa da variância genética causada pela endogamia para os lócus com efeito de dominância.

O quociente entre CV_g e CV_e (índice de variação b) representa informação a mais para o melhorista com relação à seleção de famílias. Vencovsky e Barriga (1992) sugerem, para seleção de progênies de meios-irmãos, que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para seleção. No caso de famílias S₁, não há estudos que permitam estabelecer um valor de referência, no que diz respeito à situação ser favorável ou não à seleção; desse modo, foi considerado o mesmo valor de referência para meios-irmãos.

Para peso de espigas, os valores de b ficaram acima de 2, para as demais variáveis, os valores foram maiores que 1, e as populações GO-D, GO-G e G3, para a variável diâmetro de espigas, apresentaram valores, também, acima de 2, indicando uma situação favorável à seleção de genótipos superiores para as cinco variáveis. No entanto, para altura de plantas, deve ser salientado que as médias das populações originais e do conjunto de famílias S₁ apresentaram valores máximos (ambos para a população G3) de 247 e 213 cm planta⁻¹, os quais são considerados baixos, não sendo necessária ênfase maior na seleção para a redução desta variável, nas sete populações avaliadas.

Na Tabela 2, para as estimativas dos coeficientes de herdabilidade (h_x^2), foram verificados valores altos para as variáveis peso de espigas (0,89: G3 a 0,94: GO-D e GO-S), comprimento de espigas (0,77: GO-G a 0,88: GO-F e GO-S) e diâmetro de espigas (0,75: G4 a 0,92: GO-D), e menores valores para altura de plantas (0,58: G3 a 0,82: GO-G) e altura de espigas (0,54: GO-D a 0,84: GO-F). Daros et al. (2004), ao trabalhar com 222 famílias S₁ de milho pipoca, encontraram valores de h_x^2 % para peso de grãos de 84,15%. Segundo Weyhrich et al. (1998), tradicionalmente os melhoristas de milho têm recombinado entre dez e 25 famílias nos programas de seleção recorrente envolvendo famílias S₁ e, nos casos em que são recombinados dez indivíduos ou menos, a deriva genética aleatória pode apresentar-

se como um fator na limitação da resposta à seleção. No entanto, até mesmo em programas de seleção recorrente, nos quais a deriva tem-se mostrado importante fator, progressos significativos têm sido alcançados sem exaurir a variação genética (LABATE et al., 1997). Outros estudos permitem ressaltar, ainda, o aumento médio que surge na variância genética entre famílias pela elevação da endogamia (RODRIGUEZ; HALLAUER, 1991; EDWARDS; LAMKEY, 2002), podendo implicar em um aumento no progresso esperado por ciclo de seleção (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

Os resultados analisados levam à conclusão de que as sete populações apresentam variabilidade suficiente para ser explorada em programas de seleção recorrente com progênies S_1 . Entretanto, as estimativas de h^2 aqui apresentadas se referem à proporção da variância genética total em relação à variância fenotípica entre médias, o que indica apenas o grau de determinação genética na variabilidade, mas não necessariamente tem relação direta com o progresso por seleção.

Conclusão

As sete populações apresentaram elevado peso de espigas, e suas famílias S_1 apresentaram variabilidade suficiente para serem exploradas em programas de seleção recorrente.

A população G3 apresentou a maior produtividade média e, apesar da menor variabilidade genética de suas famílias S_1 , pode ser direcionada mais especificamente para trabalhos de melhoramento intrapopulacional.

Agradecimentos

À Capes, pela concessão da bolsa de estudos. Ao técnico do Laboratório de Melhoramento de Milho I da Esalq, Antônio Serrano.

Referências

BARBIN, D. **Planejamento e análise estatística de experimento agrônomicos**. Arapongas: Midas, 2003.
 COELHO, M. A.; CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. **Rendimento de milho no Brasil: chegamos ao máximo?** Piracicaba: Potafós, 2003. (Encarte técnico, 101).
 CRUZ, C. D. **Genes v.2005.0.0**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral, 2005. Disponível em: <<http://www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm>>. Acesso em: jan. 2007.
 DAROS, M.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; SANTOS, F. S.; GABIEL, A. P. C.; SCAPIM, C. A.; FREITAS JUNIOR, S. P.; SILVÉRIO, L. Recurrent

selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, v. 61, n. 6, p. 609-614, 2004.

DUVICK, D. N.; CASSMAN, K. G. Post-green revolution trends in yield potential of temperate maize in the North-Central United States. **Crop Science**, v. 39, n. 6, p. 1622-1630, 1999.

EDWARDS, J.; LAMKEY, K. Quantitative genetics of inbreeding in a synthetic maize population. **Crop Science**, v. 42, n. 4, p. 1094-1104, 2002.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: MacMillan, 1987.

LABATE, J. A.; LAMKEY, K. R.; LEE, M.; WOODMAN, W. L. Molecular genetic diversity after reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. **Crop Science**, v. 37, n. 2, p. 416-423, 1997.

LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J. B.; GALLO, P. B. Inbreeding depression in Brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v. 29, n. 1, p. 203-215, 1984.

NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding depression rates of two semi-exotic maize (*Zea mays* L.) populations. **Revista Brasileira de Genética**, v. 18, n. 4, p. 585-592, 1995.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 217-274.

RODRIGUEZ, O. A.; HALLAUER, A. R. Variation among full-sib families of corn for different generations of inbreeding. **Crop Science**, v. 31, n. 1, p. 43-47, 1991.

SAS Institute. **SAS/STAT software: changes and enhancements through release 8.02**. Cary, 1999.

SCAPIM, C. A. S.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SIMON, G. A.; SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; PINTO, R. J. B.; BRACCINI, A. L.; TONET, A. Depressão por endogamia em populações de milho pipoca. **Bragantia**, v. 63, n. 1, p. 55-62, 2004.

TROYER, A. F. Background of US hybrid corn II: breeding, climate, and food. **Crop Science**, v. 44, n. 2, p. 370-380, 2004.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

WEYHRICH, R. A.; LAMKEY, K. R.; HALLAUER, A. Effective population size and response to S_1 -Progeny selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, v. 38, n. 5, p. 1149-1158, 1998.

Received on January 1, 2008.

Accepted on March 17, 2008.

License information: This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.