

# POTENCIAL DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS<sup>1</sup>

ODAIR BISON<sup>2</sup>  
MAGNO ANTONIO PATTO RAMALHO<sup>3</sup>  
FRANCISLEI VITTI RAPOSO<sup>4</sup>

**RESUMO** – A utilização de híbridos simples comerciais de milho é uma das opções de populações para a extração de linhagens, porque são adaptados e provavelmente concentram alta frequência de alelos favoráveis já fixados. Mesmo nos locos que estão segregando, a frequência de alelos favoráveis é 0,5. Assim, a identificação de populações promissoras, derivadas de híbridos simples superiores, é uma boa estratégia para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento. As populações derivadas dos híbridos simples comerciais AG9012 e C333 foram avaliadas com o objetivo de verificar o potencial dessas para extração de linhagens superiores, por meio das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, da estimativa de m+a e a metodologia proposta por Jinks & Pooni (1976). Foram avaliadas 169 famílias S<sub>1</sub> de cada população, durante a safra agrí-

cola de 1999/2000, na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, em Lavras – MG, em látice simples 13x13, sendo as parcelas constituídas por uma linha de 3 m. As características analisadas foram incidência de *Phaeosphaeria maydis* em duas épocas, altura de plantas, altura de espigas e produtividade de espigas despalhadas. Foi constatado que há possibilidade de se obterem linhagens com bom desempenho *per se*, sendo a população derivada do C333 a mais promissora, por associar resistência a *Phaeosphaeria maydis* e possuir média mais alta e maior probabilidade de obtenção de linhagens superiores. A metodologia proposta por Jinks & Pooni (1976) mostrou-se mais informativa do que a estimativa de m+a para a escolha de populações, mas, quando possível, as duas podem ser utilizadas simultaneamente para auxiliar na decisão dos melhoristas.

**TERMOS PARA INDEXAÇÃO:** Milho, componentes de média, componentes de variância, genética quantitativa, melhoramento genético vegetal, *Zea mays*.

## POTENTIAL OF MAIZE SINGLE HYBRIDS TO GENERATE INBRED LINES

**ABSTRACT** – Populations derived from commercial single hybrids are one of the breeder options for inbred line extraction because of their adaptation and probable high frequency of loci with fixed favorable alleles. Even the segregating loci carry favorable alleles at a frequency of 0.5. Therefore, identification of promising single hybrid populations for inbred line extraction is strategic to increase the efficiency of breeding programs. The populations derived from the two commercial single hybrids AG9012 and C333 were assessed to estimate their capacity to inbred line extraction using the genetic and phenotypic parameters

estimate, the m+a estimate and Jinks & Pooni (1976) methodology. Two sets of 169 S<sub>1</sub> families derived from each hybrid population were assessed during the 1999/2000 growing season in the experimental area of the Biology Department at UFLA in Lavras, MG. The families were assessed in two simple 13 x 13 lattices in 3 m single row plots. The assessed traits were: a) incidence of *Phaeosphaeria maydis* in two sowing periods; b) plant height; c) ear height; and, d) de-hulled ear yield. It was detected that inbred lines with good “*per se*” performance can be obtained. The C333 hybrid derived population was the most promising for

- 
1. Dissertação do primeiro autor, apresentada à UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS (UFLA), Caixa Postal 37 – 37200-000 – Lavras, MG, como parte das exigências para obtenção do título de “Mestre” em Genética e Melhoramento de Plantas.
  2. Engenheiro Agrônomo, M.Sc., UFLA, odbison@hotmail.com.
  3. Engenheiro Agrônomo, Dr., Professor do Departamento de Biologia da UFLA.
  4. Engenheiro Agrônomo, Doutorando, UFLA.

breeding purposes due to its resistance to *Phaeosphaeria maydis* associated with a higher mean and greater potential to generate superior inbred lines. The Jinks & Pooni (1976) methodology gave more

information to help the population choice than the m+a estimate. However, when it's possible, both can be used together to help the plant breeders to make a choice.

**INDEX TERMS:** Maize, components of mean, components of variance, quantitative genetic, plant breeding, *Zea mays*.

## INTRODUÇÃO

A obtenção de cultivares híbridas foi a principal causa do espetacular aumento em produtividade de grãos na cultura do milho, possibilitando, mesmo com a redução da área cultivada, atender à demanda crescente por esse cereal observada no último século. O desafio dos melhoristas hoje está em continuar produzindo novos híbridos que possam substituir com vantagens os existentes.

Em um programa de obtenção de híbridos, estão envolvidos pelo menos quatro etapas: a escolha das populações, a obtenção das linhagens, a avaliação da capacidade de combinação das mesmas e o teste extensivo das combinações híbridas obtidas (Paterniani & Campos, 1999). Dessas etapas, a escolha das populações a serem autofecundadas é de fundamental importância, pois todo sucesso do programa dependerá dela. Na escolha das populações, é importante saber que o desempenho de um híbrido depende da contribuição das linhagens *per se* (locos em homocigose) e da heterose entre elas (locos em heterocigose) (Vencovsky & Barriga, 1992). Então, deve-se levar em consideração a probabilidade de se obter linhagens com alta produtividade e com boa heterose quando cruzadas.

A avaliação do potencial das populações para a obtenção de linhagens produtivas pode ser realizada por meio da estimativa de m+a, que corresponde à média das n linhagens na geração  $S_{\infty}$ , como citado por Vencovsky (1987). Essa estimativa pode ser obtida precocemente, desde que se avaliem duas gerações sucessivas simultaneamente, como, por exemplo,  $S_0$  e  $S_1$  ou  $S_1$  e  $S_2$ , pelo contraste  $2S_1-S_0$  ou  $2S_2-S_1$ . Esse procedimento tem sido amplamente utilizado na cultura do milho na identificação de populações promissoras para a extração de linhagens (Packer, 1998; Lima, 1999; Souza Sobrinho et al., 2001).

A heterose é função da existência de dominância no controle do caráter e da divergência genética entre as linhagens (Falconer & Mackay, 1996). O desafio está em identificar populações, precocemente, que irão produzir linhagens divergentes. Uma das possibilidades é a estimativa da depressão por endogamia (d), que pode

fornecer informação sobre a quantidade de locos segregando.

Uma outra opção de escolha de populações para a seleção é o método de Jinks & Pooni (1976), o qual estima a probabilidade de se obter linhagens que superem um determinado padrão ou uma testemunha na geração  $F_{\infty}$ , levando-se em consideração a média e a variância das gerações iniciais. Essa metodologia tem sido muito utilizada no melhoramento de plantas autógamas (Abreu, 1997; Santos, 2000). Contudo, não foram encontrados relatos de sua utilização na cultura do milho.

No melhoramento do milho, há inúmeras opções de populações que podem ser utilizadas. As derivadas de híbridos simples comerciais, por serem bem adaptadas, devem possuir uma grande proporção de locos favoráveis já fixados e também locos segregando com a frequência alélica 0,5, sendo, portanto, promissoras. Embora o emprego de híbrido simples seja promissor, não foram encontrados relatos de sua utilização para a extração de linhagens no Brasil. Contudo, tal prática é freqüente nos Estados Unidos (Troyer, 1999).

Como há inúmeras opções de híbridos simples comerciais, é importante avaliar o potencial desses híbridos para a extração de linhagens. Do exposto, foi realizado o presente trabalho, com o objetivo de verificar o potencial de populações derivadas de dois híbridos simples para extração de linhagens superiores por meio das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, da estimativa de m+a e a metodologia proposta por Jinks & Pooni (1976).

## MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, em Lavras-MG, durante a safra agrícola de 1999/2000. Foram utilizadas populações segregantes de dois híbridos simples comerciais, o AG9012 e o C333. De cada híbrido, foram obtidas as sementes da geração  $F_2 = S_0$ , sendo essas semeadas no campo, onde cerca de 300 plantas foram autofecundadas e, após a colheita, foram retiradas aleatoriamente 169 famílias  $S_1$  de cada população. As famílias foram avaliadas em dois látices simples 13x13, sendo as parcelas constituídas por uma linha de 3 m,

com espaçamento de 0,2 m entre plantas e 0,9 m entre linhas. Utilizaram-se na adubação o equivalente a 400 Kg/ha da formulação 8:28:16 + Zn de N, P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> e K<sub>2</sub>O, mais 80 kg/ha de N na forma de Sulfato de Amônio, em cobertura.

As características avaliadas foram incidência de *Phaeosphaeria maydis* em duas épocas, aos 93 e aos 104 dias após a semeadura, utilizando a escala diagnóstica proposta pela Agroceres (1996), com notas variando de 1 a 9, em que 1 representava ausência de sintomas e 9, mais de 80% de área foliar afetada. As demais características avaliadas foram altura de plantas, altura de espigas e produtividade de espigas despalhadas com 13% de umidade.

As estimativas da variância genética entre famílias ( $\sigma_G^2$ ), bem como os erros associados a essas estimativas [ $s(\sigma_G^2)$ ], e a variância fenotípica ( $\sigma_F^2$ ) foram obtidas utilizando as esperanças dos quadrados médios para o delineamento de látice, conforme citadas por Ramalho et al. (2000).

A herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ) foi estimada utilizando a metodologia apresentada por Vencovsky & Barriga (1992), e os limites inferiores e superiores da herdabilidade foram obtidos pelas expressões de Knapp et al. (1985), do seguinte modo:

Limite inferior (LI)

$$LI = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{Q_1}{Q_2} \right) \cdot F_{1-\alpha/2}(GL_2; GL_1) \right]^{-1} \right\}$$

Limite superior (LS)

$$LS = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{Q_1}{Q_2} \right) \cdot F_{\alpha/2}(GL_2; GL_1) \right]^{-1} \right\}$$

$F_{1-\alpha/2}$  e  $F_{\alpha/2}$ : Valor de F tabelado, com a probabilidade de  $1-\alpha/2$  e  $\alpha/2$  e com  $GL_1$  e  $GL_2$  graus liberdade.

A variância genética entre famílias  $S_1$  proveniente de população com frequência alélica dos locos segregantes igual a 0,5 contém:  $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + 1/4 \sigma_D^2$ , em que  $\sigma_A^2$  é a variância genética aditiva e  $\sigma_D^2$  é a variância genética de dominância. Para isolar a variância genética aditiva, foram considerados três tipos de interação alélica, isto é, dominância completa ( $\delta = \alpha$ ), dominância parcial ( $\delta = 1/2\alpha$ ) e ausência de dominância ( $\delta = 0$ ). Considerando uma população com frequência alélica

dos locos de 0,5, têm-se:  $\sigma_A^2 = 1/2\alpha^2$  e  $\sigma_D^2 = 1/4\delta^2$  (Ramalho et al., 1993). Considerando a interação alélica de dominância completa,  $\delta = \alpha$ , tem-se:  $\sigma_D^2 = 1/4\delta^2 = 1/4\alpha^2$ . Desse modo, a variância genética entre as famílias  $S_1$  conterá:  $\sigma_G^2 = 9/16\alpha^2 = 1,125 \sigma_A^2$ , ou seja,  $\sigma_A^2 = \sigma_G^2 / 1,125$ . De modo análogo, para dominância parcial,  $\delta = 1/2\alpha$ , e fazendo  $\delta^2 = 1/4\alpha^2$ ,  $\sigma_G^2 = 33/64 \alpha^2 = 1,03125 \sigma_A^2$ , então,  $\sigma_A^2 = \sigma_G^2 / 1,03125$ . Já na ausência de dominância,  $\delta = 0$ , então, o estimador da variância aditiva será  $\sigma_A^2 = \sigma_G^2$ .

Para fazer a predição do potencial das populações para obtenção de linhagens superiores, foi utilizada a metodologia de Jinks & Pooni (1976), que estima a probabilidade de obter linhagens que superem um determinado padrão na geração  $F_\infty$ . Para estimar essa probabilidade, considerando que a produtividade das linhagens tem uma distribuição normal, utilizaram-se às propriedades de uma distribuição normal padronizada, ou seja:

$$Z = \frac{\bar{X}_i - \bar{X}_j}{S} \quad \text{em que:}$$

Z: é a altura da ordenada para um determinado valor de  $\bar{X}_i$  na abscissa da distribuição normal;

$\bar{X}_i$ : média do caráter em uma linhagem de referência. No caso presente, optou-se por considerar uma produtividade de grãos que seria considerada muito boa para linhagens, ou seja,  $\bar{X}_i = 1500$  g/parcela, equivalente a 5555 Kg/ha;

$\bar{X}_j$ : média das n linhagens na geração  $S_\infty$ . Se as duas linhagens parentais são completamente contrastantes,  $\bar{X}_j = m$ , contudo, é esperado que elas possuam locos não segregantes, nesse caso,  $\bar{X}_j = m+a$ . A média da geração  $F_1$  de um híbrido é fornecida por:  $\bar{F}_1 = m+a + d$ , e a média da geração  $S_1$  é:  $\bar{S}_1 = m+a + 1/4d$ , em que  $m+a$  é a contribuição dos locos em homozigose das duas linhagens e  $d$  é a contribuição dos locos em heterozigose (Vencovsky, 1987). Como neste trabalho foi avaliada apenas a geração  $S_1$ , utilizaram-se dados obtidos por Souza Sobrinho et al. (2001) referentes à avaliação das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $S_1$  desses dois híbridos, no mesmo local e na safra agrícola anterior

para obter as estimativas de  $m+a$ . Utilizando os resultados obtidos por esses autores, constatou-se que a relação  $d/m+a = 1,32$  para a população do AG9012 e de 2,467 para a população do C333. Assim, têm-se: AG9012:  $S_1 = m+a + 1/4(1,32 m+a) = 1,33 m+a$ ; C333:  $S_1 = m+a + 1/4(2,467 m+a) = 1,61675 m+a$ . Desse modo, foi possível obter a estimativa de  $m+a$  para as duas populações.

s: desvio-padrão fenotípico entre as linhagens na geração  $S_x$ . Na geração  $S_x$ , tem-se  $n$  linhagens e a variância fenotípica ( $\sigma_L^2$ ) entre elas é fornecida por:  $\sigma_L^2 = 2\sigma_A^2 + \sigma_e^2$ , em que,  $\sigma_e^2$  é a variância do erro. Nessa situação, o  $Z$  foi obtido pela seguinte expressão:

$$Z = \frac{1500 - (m + a)}{\sqrt{2\sigma_A^2 + \sigma_e^2}}$$

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação (CV) pode ser considerada média, especialmente para a produtividade de espigas despilhadas, que foi cerca de 20% para as duas populações (Tabelas 1 e 2). É preciso enfatizar que como foram avaliadas famílias endogâmicas e normalmente há grande variação genética dentro das parcelas, isso contribui para o aumento do erro experimental. Chamam atenção os CVs obtidos na avaliação de *Phaeosphaeria maydis*, que foram inferiores a 15%, indicando que a avaliação da resistência a esse patógeno por meio de notas foi eficaz.

Essa precisão experimental permitiu que fossem detectadas diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) para todos os caracteres avaliados, nas duas populações, evidenciando a existência de variabilidade entre as famílias (Tabelas 1 e 2). A produtividade média de espigas despilhadas das famílias do AG9012 (1078 g/parcela, equivalente a 3992 Kg/ha) foi inferior à obtida com o C333 (1347 g/parcela, equivalente a 4988 Kg/ha). Essas produtividades podem ser consideradas boas, sobretudo porque foram avaliadas famílias  $S_1$  que, teoricamente, apresentam uma redução de 75% dos locos em heterozigose em relação à geração  $F_1$  do híbrido. Como a população derivada do C333 apresentou maior contribuição dos locos em heterozigose (maior estimativa de  $d$  em relação a  $m+a$ ) e melhor desempenho médio de suas famílias, pode-se inferir que o híbrido que originou essa população possui maior frequência de locos em hetero-

zigose e que nos locos que estão fixados, a maior proporção deve ser homozigótica para os alelos favoráveis.

As famílias derivadas do C333 mostraram-se resistentes a *Phaeosphaeria maydis*, não apresentando variabilidade suficiente que justificasse a sua avaliação. Já as famílias do AG9012 mostraram-se suscetíveis, apresentando uma nota média de 6,5 na segunda avaliação, indicando que a incidência desse patógeno foi elevada. Contudo, entre as famílias, constataram-se notas que variaram de 3,0 a 8,8, evidenciando que há possibilidade de sucesso com a seleção. Esses resultados estão de acordo com os obtidos por Duarte et al. (1999), ao avaliarem os híbridos comerciais que originaram essas populações.

Uma outra evidência do potencial dessas populações para a seleção é a estimativa da herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ) (Tabelas 1 e 2). As estimativas da  $h_a^2$  obtidas para a produtividade de espigas foram de magnitudes elevadas (83,7% para o AG9012 e 77,0% para o C333); valores esses semelhantes aos relatados na literatura para esse caráter utilizando esse tipo de famílias (Lamkey & Hallauer, 1987; Pinto, et al., 2000). É interessante mencionar que os erros associados às estimativas da  $h_a^2$  para produtividade de espigas foram de pequena magnitude, haja vista que a amplitude de variação dessa estimativa foi de apenas 12,5% para as famílias do AG9012 e de 19,1% para as famílias do C333. Já para a altura de plantas e altura de espigas, as estimativas da  $h_a^2$  foram consideradas médias, principalmente para as famílias derivadas do C333. As estimativas de  $h_a^2$  para nota de *Phaeosphaeria maydis* também apresentaram magnitudes elevadas e com pequena amplitude de variação, sendo estas semelhantes às obtidas por Von Pinho (1998) para a incidência de *Puccinia polysora* e por Pegoraro et al., (2000) para a incidência de *Phaeosphaeria maydis*. Isso sugere que é possível selecionar genótipos resistentes em populações segregantes para essa característica.

Quando uma população está sendo trabalhada visando à obtenção de linhagens, é importante avaliar o mais precocemente possível o seu potencial para essa finalidade. Com esse intuito, foram estimados os parâmetros  $m+a$  e a probabilidade de se obter linhagens que superem um determinado padrão (Tabela 3). Constata-se que ambas as populações apresentam praticamente a mesma estimativa de  $m+a$ . Ou seja, a média das  $n$  linhagens na geração  $F_\infty$  deve ser semelhan-

te. Do exposto, esse critério seria de pequena utilidade na decisão de qual população deveria ser empregada para a extração de linhagens. Contudo, a metodologia de Jinks & Pooni (1976) permitiu diferenciar essas populações, haja vista que a probabilidade de obtenção de linhagens que produzam acima de 5555 kg/ha foi bem superior na população derivada do C333.

A metodologia de Jinks & Pooni (1976) é mais informativa que a de m+a, como já foi comentado. Para o seu emprego, o importante é ter uma boa estimativa da

média e da variância genética aditiva das populações o mais precoce possível. Para obter a variância genética aditiva utilizando famílias endogâmicas, é necessária a avaliação de dois tipos de famílias, o que na prática nem sempre é viável. Contudo, se for utilizado apenas um tipo de família, S<sub>1</sub> por exemplo, a estimativa da variância genética entre as famílias pode ser empregada, porque, como é demonstrado na Tabela 3, a contribuição da dominância para a variação é pequena, independente do tipo de ação gênica.

**TABELA 1** – Resumo das análises de variância e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para produtividade de espigas despalhadas (g/parcela), altura de plantas, espigas (cm) e notas de incidência de *Phaeosphaeria maydis* com 93 dias (1ª avaliação) e 104 dias após a semeadura (2ª avaliação), obtidas na avaliação das famílias S<sub>1</sub> da população do AG9012.

FV	GL	QM				
		Peso espigas	Altura plantas	Altura espigas	<i>P.maydis</i> (1ª aval.)	<i>P.maydis</i> (2ª aval.)
Trat. Ajustados	168	272238,54**	683,65**	205,47**	1,83**	1,75**
Erro efetivo	144	44481,66	230,96	83,27	0,41	0,50
Média		1077,98	191,66	76,38	4,57	6,54
Efic. Látice (%)		122,12	108,74	112,93	132,83	105,65
CVe (%)		19,56	7,92	11,94	14,05	10,83
$\hat{\sigma}_G^2$		113878,44	226,34	61,10	0,71	0,63
s( $\hat{\sigma}_G^2$ )		7495,96	19,73	6,08	0,05	0,05
$\hat{\sigma}_F^2$		136119,27	341,82	102,74	0,91	0,88
$h_a^2$ (%)		83,66	66,21	59,47	77,39	71,38
LI $h_a^2$ (%) <sup>⊥</sup>		77,63	53,75	44,52	69,05	60,84
LS $h_a^2$ (%) <sup>⊥</sup>		88,11	75,42	70,51	83,54	79,18

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

⊥ LI – Limite inferior da herdabilidade e LS – Limite superior da herdabilidade.

**TABELA 2** – Resumo das análises de variância e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para produtividade de espigas despalhadas (g/parcela), altura de plantas e altura de espigas (cm), obtidas na avaliação das famílias S<sub>1</sub> da população do C333.

FV	GL	QM		
		Peso espigas	Altura plantas	Altura espigas
Trat. ajustados	168	337504,97**	610,85**	180,14**
Erro efetivo	144	77582,09	317,76	107,65
Média		1347,01	182,17	57,91
Efic. Látice (%)		102,98	112,37	115,43
CVe (%)		20,67	9,78	17,91
$\hat{\sigma}_G^2$		129961,44	146,54	36,24
s( $\hat{\sigma}_G^2$ )		9429,22	18,99	5,81
$\hat{\sigma}_F^2$		168752,48	305,42	90,07
$h_a^2$ (%)		77,01	48,00	40,24
LI $h_a^2$ (%) <sup>⊥</sup>		68,53	28,79	18,19
LS $h_a^2$ (%) <sup>⊥</sup>		83,27	62,14	56,51

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

⊥ LI – Limite inferior da herdabilidade e LS – Limite superior da herdabilidade.

**TABELA 3** – Estimativas da variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ) (g/parcela)<sup>2</sup> considerando diferentes graus de dominância, estimativas de m+a (g/parcela), altura da ordenada para um determinado valor de  $\bar{X}_i$  na abscissa da distribuição normal (Z) e a probabilidade de obtenção de linhagens que superem uma linhagem-padrão (Pr).

População	Grau de dominância	Estimativas			
		$\sigma_A^2$	m+a	Z	Pr (%)
AG9012	$\delta = \alpha$	101225,28	810	1,39	8,23
	$\delta = 1/2\alpha$	110427,58	810	1,34	9,01
	$\delta = 0$	113878,44	810	1,32	9,34
C333	$\delta = \alpha$	115521,28	833	1,20	11,51
	$\delta = 1/2\alpha$	126023,21	833	1,16	12,30
	$\delta = 0$	129961,44	833	1,15	12,51

## CONCLUSÕES

a) As populações derivadas dos dois híbridos simples comerciais associaram média alta e grande variação genética, sendo, portanto, promissoras para seleção ou extração de linhagens.

b) A população derivada do C333 foi a mais promissora, por associar resistência a *Phaeosphaeria maydis*, possuir média alta e maior probabilidade de obtenção de linhagens superiores.

c) A metodologia proposta por Jinks & Pooni (1976) mostrou-se mais informativa do que a estimativa de m+a para a escolha de populações, mas, quando possível, as duas podem ser utilizadas simultaneamente para auxiliar na decisão dos melhoristas.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. de F. B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais**. 1997. 79 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- AGROCERES. **Guia agroceres de sanidade**. São Paulo: Sementes Agroceres, 1996. 72 p.
- DUARTE, J. M.; SOUZA, J. C. de; CORTE, H. R. Reação de cultivares de milho a *Phaeosphaeria maydis*. In: REUNIÓN LATINOAMERICANA DEL MAÍZ, 18., 1999, Sete Lagoas. **Memórias...** Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS/CIMMYT, 1999. p. 405-411.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 463 p.
- JINKS, J. L.; POONI, H. S. Prediction the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, Oxford, v. 36, n. 2, p. 253-266, 1976.
- KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 1, p. 192-194, Jan./Feb. 1985.
- LAMKEY, K. R.; HALLAUER, A. R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 32, p. 61-78, 1987.
- LIMA, M. W. de P. **Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens**. 1999. 49 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- PACKER, D. **Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.)**. 1998. 102 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 429-485.
- PEGORARO, D. G.; BARBOSA NETO, J. F.; DAL SOGLIO, F. K.; VACARO, E.; NUSS, C. N. Herança da resistência à mancha foliar de *Phaeosphaeria* em milho: média de gerações. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., 2000, Uberlândia. **A inovação tecnológica e a competitividade no contexto dos mercados globalizados**. Sete Lagoas: ABMS/EMBRAPA-CNPMS/UFU, 2000. 1 CD-ROM.
- PINTO, R. de M. C.; LIMA NETO, F. P.; SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Estimativa do número apropriado de progênies S<sub>1</sub> para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 1, p. 63-73, jan. 2000.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **A experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326 p.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, M. J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações no melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.
- SANTOS, P. G. **Escolha de populações segregantes para o programa de seleção de arroz em terras altas**. 2000. 106 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- SOUZA SOBRINHO, F. de; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. de. Genetic diversity and inbreeding potential of maize commercial hybrids. **Maydica**, Bergamo, v. 46, p. 171-175, 2001.
- TROYER, A. F. Background of U.S. hybrid corn. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 3, p. 601-626, May/June 1999.

---

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. rev. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 135-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

VON PINHO, R. G. **Metodologias de avaliação, quantificação de danos e controle genético da resistência do milho a *Puccinia polysora* e *Physopella zea-e***. 1998. 140 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.