

SELEÇÃO DE PROGÊNIES $S_{0:1}$ DE MILHO EM DIFERENTES DENSIDADES DE SEMEADURA⁽¹⁾

ANDRÉ GUSTAVO STEOLA⁽²⁾; RENZO GARCIA VON PINHO⁽³⁾;
JOSÉ LUIZ DE ANDRADE REZENDE PEREIRA⁽³⁾

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da densidade de semeadura sobre o processo de seleção de progênies endogâmicas $S_{0:1}$ de milho. Utilizaram-se 98 progênies $S_{0:1}$ derivadas do híbrido simples GNZ 2004, avaliadas em duas densidades de semeadura (50 mil e 75 mil plantas ha^{-1}). Em cada densidade foram avaliadas as 98 progênies $S_{0:1}$, juntamente com o híbrido GNZ 2004 e sua geração F_2 . O delineamento utilizado em ambas as densidades foi o látice simples 10 x 10, com duas repetições. Os experimentos foram desenvolvidos em área experimental do Departamento de Agricultura da Universidade Federal de Lavras, em Lavras (MG). As características avaliadas foram produtividade de espigas despalhadas e prolificidade. Pelos resultados obtidos constatou-se variabilidade genética entre as progênies $S_{0:1}$ nas duas densidades avaliadas, havendo a possibilidade de seleção de progênies com maior potencial de produção de espigas despalhadas. A não-significância da interação entre as progênies $S_{0:1}$ e as densidades de semeadura associadas às altas correlações genéticas obtidas evidenciam que a seleção poderá ser realizada em qualquer uma das duas densidades, sem comprometer o processo seletivo.

Palavras-chave: *Zea mays*, progênies endogâmicas, melhoramento genético vegetal.

ABSTRACT

SELECTION OF $S_{0:1}$ MAIZE PROGENIES UNDER DIFFERENT PLANT DENSITIES

The present work aimed to evaluate the effect of planting density on the selection of inbred progenies. GNZ 2004 single hybrid, its F_2 generation and ninety-eight $S_{0:1}$ progenies were evaluated in two plant densities, 50 thousand and 75 thousand plants ha^{-1} in a simple 10x10 lattice design. The experiment was performed in the experimental area of the Agriculture Department of the Universidade Federal de Lavras, in Lavras, Minas Gerais State, Brazil. Yield of husked ear and prolificity were evaluated. Results showed genetic variation among the $S_{0:1}$ progenies in the two densities, allowing the selection of progenies with higher potential for production of husked ear corn. Interaction of the progenies x densities was not significant that, associated with high genetic correlations, indicate that the selection could be performed efficiently at any density.

Key words: *Zea mays*, corn, inbred progenies, plant breeding.

⁽¹⁾ Parte da dissertação de mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas do primeiro autor, apresentado à Universidade Federal de Lavras. Recebido para publicação em 23 de agosto de 2005 e aceito em 1.º de fevereiro de 2006.

⁽²⁾ Departamento de Biologia/UFLA. Campus Universitário - DBI/UFLA, Caixa Postal 37, 37200-000 Lavras (MG). E-mail: andreteola@uol.com.br.

⁽³⁾ Departamento de Agricultura/UFLA. Campus Universitário - DAG/UFLA, Lavras (MG), E-mail: renzo@ufla.br; jlarpufla@yahoo.com.br.

1. INTRODUÇÃO

Dentre as principais técnicas de manejo adotadas para a cultura do milho na busca de maior eficiência produtiva e econômica, a escolha da densidade de semeadura é, sem dúvida, um dos fatores que mais podem contribuir para a correta exploração do ambiente e do genótipo. Esse é um dos mais importantes fatores na obtenção de maiores produtividades (MEROTTO JÚNIOR et al., 1996).

A utilização de maiores densidades nessa cultura é uma tendência atual e a maioria dos programas de melhoramento tem dado ênfase ao desenvolvimento de cultivares mais adaptadas a altas densidades de semeadura. O efeito significativo da interação entre cultivares e densidades de semeadura é freqüentemente citado na literatura (DUVICK e CASSMAN, 1999; SANGOI et al., 2002; TOLLENAAR e LEE, 2002; TOLLENAAR e WU, 1999). Entretanto, existem poucas informações disponíveis sobre o efeito da densidade de semeadura na avaliação de progênies de milho em um programa de melhoramento.

No Brasil, predomina o emprego dos métodos que utilizam, especialmente, famílias de meios-irmãos, principalmente, pela facilidade de condução (Carvalho et al., 1998a; CARVALHO et al., 1998b). Há relatos, contudo, do emprego de irmãos germanos (NASPOLINI FILHO et al., 1986).

Progênies endogâmicas S_1 e, em certos casos, S_2 têm sido utilizadas para a seleção de progênies em populações. Tal tipo de seleção é, geralmente, indicado para caracteres de baixa herdabilidade, uma vez que a endogamia aumenta a variância genética entre as progênies, permitindo maior discriminação entre as progênies e maior progresso genético esperado. O método, entretanto, não tem sido muito utilizado, provavelmente devido ao maior intervalo entre os ciclos e às dificuldades práticas de avaliação das progênies autofecundadas. Assim, resultados limitados estão disponíveis, embora indicando progresso satisfatório (PATERNIANI, 1993).

Ao avaliar duzentas famílias de meios irmãos da população CMS-39, nas densidades de 26 a 50 mil plantas ha^{-1} , ARRIEL (1991) verificou a existência de significância para a interação entre densidades de semeadura e famílias quanto à produtividade de grãos. Devido a essa interação, as famílias selecionadas em uma densidade de semeadura podem não ser coincidentes com as selecionadas na outra densidade, sugerindo que a avaliação de famílias seja efetuada em uma densidade de semeadura correspondente àquela na qual se pretende utilizá-la posteriormente.

A avaliação dos efeitos da densidade populacional sobre o processo de seleção, bem como o conhecimento das estimativas dos parâmetros fenotípicos e genéticos envolvidos com a interação genótipos x densidades de semeadura, podem auxiliar na escolha e utilização de estratégias apropriadas para a obtenção de sucesso nos programas de melhoramento, possibilitando a identificação de linhagens superiores visando ao desenvolvimento de híbridos.

Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi estudar o comportamento de progênies $S_{0:1}$ de milho, derivadas de um híbrido simples, em duas densidades de semeadura.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas 98 progênies $S_{0:1}$ derivadas do híbrido simples GNZ 2004 proveniente do programa de melhoramento de milho da empresa Geneseeds Recursos Genéticos em Milho Ltda. O híbrido GNZ 2004 é um híbrido simples, de ciclo precoce, com porte médio e tipo de grão semidentado, indicado tanto para produção de grãos quanto para silagem, sendo um híbrido bem adaptado para a Região Sul de Minas Gerais.

Foram instalados dois experimentos com densidades de semeaduras diferentes (50 mil e 75 mil plantas ha^{-1}). Os experimentos foram instalados em área experimental do Departamento de Agricultura da Universidade Federal de Lavras, em Lavras, MG.

As 98 progênies $S_{0:1}$ obtidas juntamente com o híbrido GNZ 2004 e sua geração F_2 , foram avaliadas em um delineamento em esquema de látice simples 10×10 , para as duas densidades. Cada parcela foi constituída de uma fileira de cinco metros de comprimento, com espaçamento entre fileiras de 0,8 m. A semeadura foi realizada na primeira quinzena de dezembro de 2003, para ambos os experimentos. Aproximadamente, 15 dias após a semeadura, procedeu-se o desbaste. Para o experimento com densidade de semeadura de 50 mil plantas ha^{-1} , foram mantidas, após o desbaste, 4 plantas m^{-1} , com um total de 20 plantas por parcela. No experimento com alta densidade de semeadura, 75 mil plantas ha^{-1} , foram mantidas 6 plantas m^{-1} , totalizando 30 plantas por parcela.

Foram avaliadas as características de estande final, prolificidade (PRO), e a produtividade de espigas despalhadas (PED), corrigido para 13% de umidade.

Como os experimentos instalados em látice 10 x 10 foram pouco eficientes em relação ao delineamento em blocos, realizaram-se as análises de variâncias considerando o delineamento de blocos casualizados. O efeito de tratamentos foi decomposto em progênies $S_{0:1}$, testemunhas (geração F_2 do híbrido GNZ 2004 e o híbrido GNZ 2004) e contraste $S_{0:1}$ x testemunhas.

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas a partir das esperanças matemáticas apresentadas nas Tabelas 2 e 3, de acordo com método descrito por VENCOSKY e BARRIGA (1992). Devido ao fato de a seleção ter sido efetuada somente sobre as progênies $S_{0:1}$, os componentes da variância, bem como os parâmetros genéticos, foram estimados considerando-se apenas as 98 progênies $S_{0:1}$. Foram estimadas as variâncias genéticas entre progênies (σ^2_p), a variância fenotípica entre médias de progênies (σ^2_F), a herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias de progênies (h^2_a), a variância da interação densidades x progênies (σ^2_{DP}) e o coeficiente de variação genética (CVg). Os limites inferiores (LI) e superiores (LS) das estimativas da h^2_a foram calculados segundo as expressões apresentadas por KNAPP et al. (1985).

Considerando cada densidade separadamente e utilizando os dados médios das progênies, foram estimadas as correlações genéticas envolvendo as características de PED e PRO. Também foram estimados para cada densidade, os ganhos esperados com a seleção, e a resposta correlacionada da seleção baseada no desempenho médio das progênies em uma densidade, com a resposta na outra densidade.

Todas as análises foram realizadas utilizando-se o *software* genético/estatístico GENES, versão Windows (CRUZ, 2004).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Constatou-se que a precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação (CVe) pode ser considerada de média a alta, pois, quando comparada com ensaios de densidades populacionais, utilizando-se híbridos de milho, observam-se valores semelhantes aos encontrados (Tabelas 1, 2 e 3) (BORGES, 2003; RESENDE, 2003). Quando se comparam os valores de Cve obtidos em experimentos que utilizaram progênies endogâmicas (BISON, 2001; PINTO et al., 2000; LIMA, 1999) nota-se que os valores encontrados no presente trabalho são, de maneira geral, de pequena magnitude, indicando boa precisão experimental.

A característica produtividade de espigas despalhadas foi influenciada significativamente pelas progênies ($p \leq 0,01$) em cada densidade, indicando a existência de progênies com diferentes potenciais produtivos em cada densidade. Essa variabilidade também pode ser observada nas distribuições de frequências para esta característica (Figura 1).

A interação entre progênies e densidades foi não significativa, indicando um comportamento semelhante das progênies nas duas densidades. Corroborando com a não-significância da interação, pode-se observar também a alta correlação genética entre as progênies nas duas densidades ($r_g = 0,92$).

Tabela 1. Resumos das análises de variâncias para prolificidade (PRO), em espigas planta⁻¹ e produtividade de espigas despalhadas (PED), em t ha⁻¹, na densidade de 50.000 plantas ha⁻¹. UFLA, Lavras (MG), 2004

Fontes de variação	GL	QM	
		PRO	PED
Blocos	1	0,195.	9,00
Tratamentos	99	0,053**	6,82**
$S_{0:1}$	97	0,048**	5,11**
Testemunhas	1	0,106..	18,46**
$S_{0:1}$ vs. Testemunhas	1	0,448**	160,53**
Erro	99	0,029	1,49
Média Geral	-	1,07	7,80
Média $S_{0:1}$	-	1,06	7,67
Média Testemunhas	-	1,40	14,07
CV (%)	-	15,85	15,66

* **: Significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade pelo teste F respectivamente.

Tabela 2. Resumos das análises de variâncias para prolificidade (PRO), em espigas planta⁻¹ e produtividade de espigas despalhadas (PED), em t ha⁻¹, na densidade de 75.000 plantas ha⁻¹. UFLA, Lavras (MG), 2004

Fontes de variação	GL	QM	
		PRO	PED
Blocos	1	0,015.	79,70
Tratamentos	99	0,027.	6,81**
S _{0:1}	97	0,026.	5,46**
Testemunhas	1	0,079*	31,07**.
S _{0:1} vs. Testemunhas	1	0,0006	113,42**
Erro	99	0,020.	1,57
Média Geral	-	0,94	8,24
Média S _{0:1}	-	0,94	8,13
Média Testemunhas	-	0,92	13,51
CV (%)	-	15,03	15,19

*, ** - Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F respectivamente.

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta envolvendo as duas densidades de semeadura para prolificidade (PRO), em espigas planta⁻¹ e produtividade de espigas despalhadas (PED), em t ha⁻¹. UFLA, Lavras (MG), 2004

Fontes de variação	GL	QM	
		PRO	PED
Blocos/Densidade	2	0,105	44,352
Tratamentos (T)	99	0,047**	11,793**
S _{0:1} (P)	97	0,044**	8,731**
Testemunhas (Te)	1	0,184**	48,733**
P vs. Te	1	0,206**	271,907**
Densidades (D)	1	1,769*	19,810
T x D	99	0,031	1,833
P x D	97	0,029	1,842
Te x D	1	0,0009	0,817
(P vs. Te) x D	1	0,241**	2,040
Erro	198	0,024	1,529
Média Geral	-	1,01	8,02
Média S _{0:1}	-	1,01	7,90
Média Testemunhas	-	1,17	13,79
CV (%)	-	15,53	15,42

*, ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F respectivamente.

A ausência de interação neste trabalho discorda dos resultados obtidos no trabalho realizado por ARRIEL (1991), que constatou a existência de interação entre progênies de meios irmãos e densidade de semeadura. Contudo, na comparação entre esses resultados, é importante considerar os diferentes tipos de materiais utilizados. ARRIEL (1991) utilizou progênies de meios irmãos derivadas da população CMS-39, enquanto no presente trabalho foram

avaliadas progênies endogâmicas S_{0:1}, derivadas de um híbrido simples.

A ausência de interação entre progênies e densidades é um aspecto que merece atenção, uma vez que dificulta o trabalho do melhorista na identificação de progênies superiores (RAMALHO et al., 1993). Como foi não significativa, pode-se proceder a seleção em uma das duas densidades ou utilizando a média das densidades.

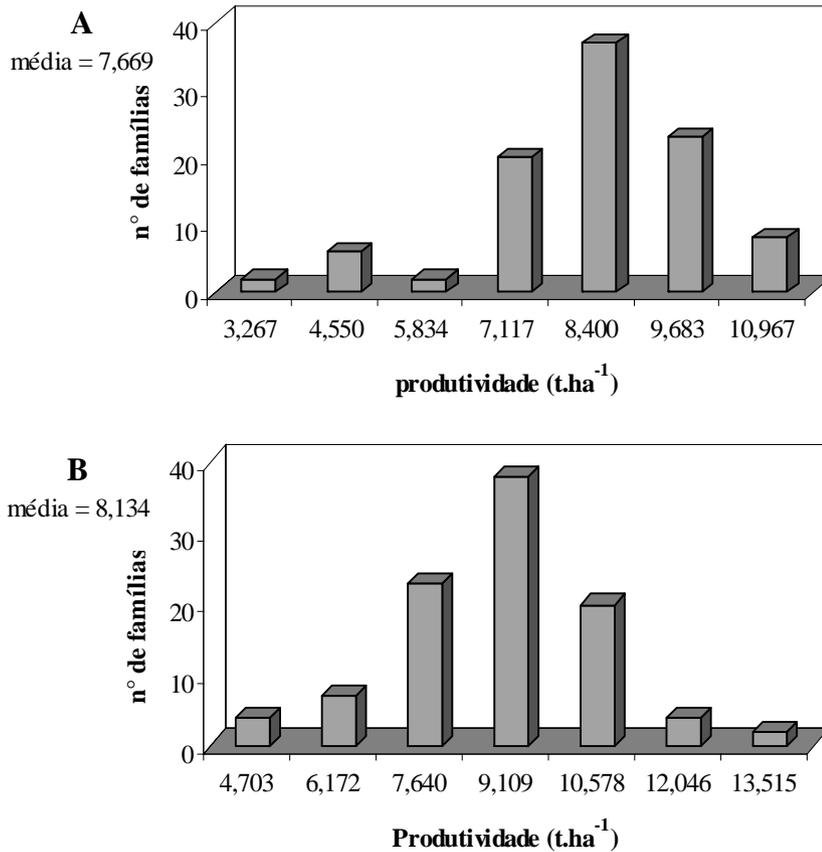


Figura 1. Distribuições de freqüência da produtividade de espigas despalhadas (t ha⁻¹), para as progênies $S_{0,1}$, obtidas nos experimentos com densidade de semeadura de 50.000 plantas ha⁻¹ (A) e 75.000 plantas ha⁻¹ (B).

Por meio das estimativas dos coeficientes de variação genéticos ($CV_G\%$) pode-se inferir que a liberação da variabilidade em relação à média nas duas densidades foi semelhante, tendo sido maior no experimento desenvolvido na densidade de 50.000 plantas ha⁻¹ (17,54%) (Tabela 4). Pode-se observar a grande semelhança existente entre todos os parâmetros genéticos e fenotípicos envolvendo as duas densidades, colaborando para a não-significância da interação progênies $S_{0,1}$ x densidades.

A possibilidade de obtenção de sucesso com a seleção é reforçada pelas estimativas dos índices b (CV_G/CV_e). Quando a estimativa desse índice é maior que um, existem condições propícias à seleção. Nas duas densidades avaliadas, o índice foi superior a um, para a característica de produtividade de espigas despalhadas.

O potencial dessa população para a seleção fica evidenciado pelo valor da herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), que foi alto na análise envolvendo os dois ambientes (82,48%), não diferindo dos relatados por outros autores. BISON (2001), avaliando progênies S_1 a partir dos híbridos simples

C 333 e AG 9012, observou valores de 77,0% e 83,7%, respectivamente, para as duas populações. SILVA FILHO (1999), avaliando progênies endógamas das populações BR-106, BR-105 e CMS-39, notou valores médios superiores a 85%. ELIAS (1997), em ensaios com progênies S_2 da população CMS-39, verificou uma herdabilidade de 79,8%. PINTO (1996), avaliando progênies S_1 das populações BR-105 e BR-106, observou herdabilidade média de 73,3% para a primeira população e de 61,2% para a segunda.

Os ganhos esperados com a seleção, tanto direta como indireta (Tabela 5), foram muito semelhantes, tendo sido maior o ganho com a seleção direta na densidade de 75.000 plantas ha⁻¹ (18,12%). No entanto, esses valores são baixos, quando se observam os encontrados por outros autores (BISON, 2001; SILVA FILHO, 1999).

Para a prolificidade, nas análises individuais, foi detectada significância ($p \leq 0,01$) na fonte de variação progênies $S_{0,1}$ apenas na densidade de 50.000 plantas ha⁻¹, constatando-se que existe variabilidade entre as progênies, o que não ocorreu no experimento desenvolvido na densidade de 75.000 plantas ha⁻¹.

Tabela 4. Estimativas dos coeficientes de variação genético (CV_G), variâncias genéticas (s^2_G), variâncias fenotípicas (s^2_P), variância da interação progênes x densidades (s^2_{PD}), herdabilidade média no sentido amplo ao nível de médias de progênes (h^2_a) e índices b (CV_G/CV_e) para a característica de produtividade de espigas despalhadas (PED), obtidos na avaliação de progênes $S_{0:1}$ nas densidades de 50 mil plantas ha^{-1} , 75 mil plantas ha^{-1} e na análise conjunta. UFLA, Lavras (MG), 2004

Parâmetros	50.000	75.000	ANAVA Conjunta
	pl. ha^{-1}	pl. ha^{-1}	
CV_G (%)	17,54	17,15	16,98
s^2_G	1,81	1,95	1,80
s^2_F	2,55	2,73	2,18
s^2_{PD}	-	-	0,08
h^2_a (%)	70,82	71,30	82,48
LI h^2_a (%)	55,67	56,39	75,15
LS h^2_a (%)	80,80	81,11	87,66
b (CV_G/CV_e)	1,10	1,11	1,08

Tabela 5. Ganhos esperados para a produtividade de espigas despalhadas, em porcentagem, em relação à média original, com a seleção direta e indireta, nas duas densidades, considerando uma intensidade de seleção de 20,4%. UFLA, Lavras (MG), 2004

Ambientes de seleção	Resposta à seleção	
	50.000	75.000
	pl. ha^{-1}	
50.000	17,78	16,99
75.000	15,95	18,12

Assim como foi observado por outros autores (FORNASIERI FILHO, 1992; SANGOI, 2001), o efeito da densidade aumentou a competição entre as plantas, reduzindo sua prolificidade. As médias dos experimentos para essa característica evidenciam a redução na expressão do caráter em função do aumento da densidade.

Cabe aqui ressaltar que, apesar da redução na prolificidade devido ao aumento da densidade, na média dos experimentos, quando foi utilizada a população de 75.000 plantas ha^{-1} , obteve-se a maior produtividade de espigas. Esse fato ocorreu, principalmente, devido ao efeito compensatório na produtividade de grãos relacionado ao aumento do número de plantas por área (EMBRAPA, 1996).

A interação progênes $S_{0:1}$ x densidades para a característica de prolificidade não foi significativa, revelando que as progênes comportaram-se de forma semelhante nas duas densidades. Contribuindo para explicar a não-significância da interação, basta verificar o valor da correlação genética entre as progênes nas duas densidades, que foi de 0,68.

As estimativas dos parâmetros genéticos em cada densidade de semeadura, para a prolificidade, estão apresentadas na Tabela 6. Por meio das

estimativas do coeficiente de variação genético ($CV_G\%$), pode-se inferir que a liberação da variabilidade em relação à média nas duas densidades foi de maior magnitude no experimento instalado na densidade de 50.000 plantas ha^{-1} (9,16%). Observa-se que, para todos os parâmetros genéticos e fenotípicos estimados, a avaliação na densidade de 50 mil plantas ha^{-1} evidencia maiores estimativas. Vale ressaltar que, nessa densidade, as progênes expressaram todo o seu potencial para essa característica. Observou-se efeito significativo das progênes para essa característica neste experimento, o que não foi notado no experimento na densidade de 75 mil plantas ha^{-1} .

A herdabilidade no sentido amplo foi de maior magnitude na densidade de 50.000 plantas ha^{-1} ; observando-se que o valor do seu limite inferior para a prolificidade na densidade de 75.000 plantas ha^{-1} foi de -0,15, indicando a possibilidade de insucesso com a seleção para essa característica, uma vez que a herdabilidade pode assumir valores nulos.

Os ganhos esperados com a seleção para essa característica (Tabela 7) foram maiores no experimento com densidade de 50.000 plantas ha^{-1} . Isso já era de se esperar, pelo fato da expressão desse caráter ser muito prejudicada pelo aumento da densidade.

Tabela 6. Estimativas dos coeficientes de variação genético (CV_G), variâncias genéticas (s^2_G), variâncias fenotípicas (s^2_P), variância da interação progênies x densidades (s^2_{PD}), herdabilidade média no sentido amplo ao nível de médias de progênies (h^2_a) e índices b (CV_G/CV_e) para a característica de prolificidade (PRO), obtidos na avaliação de progênies $S_{0.1}$ nas densidades de 50 mil plantas ha^{-1} , 75 mil plantas ha^{-1} e na análise conjunta. UFLA, Lavras (MG), 2004

Parâmetros	50.000	75.000	ANAVA conjunta
	pl ha^{-1}		
CV_G (%)	9,16	5,99	7,09
s^2_G	0,0095	0,0032	0,005
s^2_F	0,0241	0,0132	0,011
s^2_{PD}	-	-	0,001
h^2_a (%)	39,71	24,15	45,29
LI h^2_a (%)	8,39	-0,15	22,61
LS h^2_a (%)	60,32	50,08	61,56
b (CV_G/CV_e)	0,57	0,39	0,45

Tabela 7. Ganhos esperados para a prolificidade, em porcentagem, em relação à média original, com a seleção direta e indireta, nas duas densidades, considerando uma intensidade de seleção de 20,4%. UFLA, Lavras (MG), 2004

Ambientes de Seleção	Resposta à seleção	
	50.000	75.000
	pl ha^{-1}	
50.000	8,20	4,36
75.000	3,67	4,17

4. CONCLUSÕES

1. Constata-se variabilidade genética entre as progênies $S_{0.1}$ nas duas densidades avaliadas, havendo a possibilidade de seleção de progênies com maior potencial de produção de espigas despalhadas.

2. A não-significância da interação entre as progênies $S_{0.1}$ e as densidades de semeadura, associada às altas correlações genéticas obtidas, evidencia que a seleção poderá ser realizada em qualquer uma das duas densidades, sem comprometer o processo seletivo.

REFERÊNCIAS

ARRIEL, E.F. **Avaliação de famílias de meios irmãos da população CMS-39 em duas densidades de semeadura.** 1991. 121 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, MG.

BISON, O. **Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhages.** 2001. 73 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

BORGES, I.D. **Avaliação de épocas de aplicação de cobertura nitrogenada, fontes de nitrogênio e de espaçamentos entre fileiras na cultura do milho.** 2003. 73 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

CARVALHO, H.L.; PACHECO, C.A.A.P.; SANTOS, M.X. et al. Três ciclos de seleção recorrente entre e dentro de famílias de meio-irmão na população de milho BR 5011 no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 5, p. 713-720, maio 1998a.

CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M.X.; LEAL, M.L.S.; PACHECO, C.A.P. Melhoramento genético da variedade de milho BR 5028 – São Francisco no nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 4, p. 441-448, 1998b.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Versão Windows**, aplicativo computacional em genética e estatística. Versão 2004. 2. 1 Viçosa: UFV, 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**, Madison, v. 39, n. 6, p. 1622-1630, 1999.
- ELIAS, H.T. **Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho**. 1997. 61 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. (Brasília, DF.). **Recomendações técnicas para o cultivo do milho**. 2.ed. Brasília: EMBRAPA/SPI, 1996. 204 p.
- FORNASIERI FILHO, D. **A cultura do milho**. Jaboticabal: FUNEP, 1992. 273 p.
- 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, 1985.
- LIMA, M.W.P. **Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens**. 1999. 49 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- MEROTTO JÚNIOR A.; ALMEIDA, M. L.; FUCHS, O. Aumento do rendimento de grãos de milho proporcionado pelo aumento na população de plantas. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 21., 1996. **Resumos Expandidos...** Londrina: IAPAR, 1996. 196 p.
- NASPOLINI FILHO, V.; GAMA, E.E.G.; VIANA, R.T. Seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos na população CMS-05. **Relatório Técnico Anual do Centro Nacional de Pesquisa do Milho e Sorgo 1980-1984**. Sete Lagoas: EMBRAPA, 1986. p. 21-22.
- PATERNIANI, E. Métodos tradicionais de melhoramento de milho. In: BULL, L.T.; CANTARELLA, H. (Ed). **Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: Potafós, 1993. p. 23-42.
- PINTO, R.M.C. **Tamanho da amostra para seleção recorrente com famílias S₁ de milho**. 1996. 92 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- PINTO, R.M.C.; LIMA NETO, F.P.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Estimativas do número apropriado de progênies S₁ para seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 1, p. 63-73, 2000.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.
- RESENDE, S. G. **Alternativas de espaçamentos entre fileiras e densidades de plantas no cultivo de milho**. 2003. 55 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- SANGOI, L. Understanding plant density effects on maize growth and development: an important issue to maximize grain yield. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 31, n. 1, p. 159-168, 2001.
- SANGOI, L.; GRACIETTI, M.A.; RAMPAZZO, C.; BIANCHET, P. Response of Brazilian maize hybrids from different eras to changes in plant density. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 79, n. 1, p. 39-51, 2002.
- SILVA FILHO, J.L. **Comportamento de famílias endógamas de milho em dois níveis de nitrogênio**. 1999. 68 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- TOLLENAAR, M.; LEE, E. Yield potential, yield stability and stress tolerance in maize. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 75, n. 2/3, p. 161-169, 2002.
- TOLLENAAR, M.; WU, J. Yield improvement in temperate maize is attributable to greater stress tolerance. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 6, p. 1597-1604, 1999.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.