

## Potencial para melhoramento de populações de milho normal e braquítico obtidas por seleção recorrente recíproca

Aloisio Alcantara Vilarinho<sup>1</sup>  
José Marcelo Soriano Viana<sup>2</sup>  
Lucianne Braga Oliveira Vilarinho<sup>3</sup>

### RESUMO

Na década de 1970 foram iniciados na UFV programas de seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos completos (SRRFIC) envolvendo as populações Composto Dent e Composto Flint, de milho normal, e Cimmyt e Piranão, de milho braquítico. Este trabalho teve como objetivos avaliar os efeitos de seleção recorrente no melhoramento populacional, comparando os parâmetros genéticos obtidos nas populações iniciais com aqueles das populações obtidas no final do programa de SRRFIC, e avaliar o potencial para melhoramento das populações obtidas. Foram amostradas famílias de meios-irmãos de seis populações obtidas pelos programas de SRRFIC, denominadas CD-S<sub>1</sub> e CF-S<sub>1</sub> (obtidas após um ciclo de SRRFIC), CD-UFV, CF-UFV, Cimmyt-UFV e Piranão-UFV (obtidas no final do programa de SRRFIC). No ano agrícola 1996/97, seis ensaios de avaliação foram conduzidos em campo experimental da UFV, em Coimbra, MG, no delineamento látice, com duas repetições. Foram estimados a variância genética aditiva, a herdabilidade, as médias das populações iniciais (CD-S<sub>1</sub> e CF-S<sub>1</sub>) e após os vários ciclos de SRRFIC (CD-UFV, CF-UFV, Cimmyt-UFV e Piranão-UFV) e os ganhos preditos com a seleção de 20% das melhores famílias de cada ensaio. Foi detectada a variabilidade genética para produção nas seis populações, indicando que os programas de SRRFIC não esgotaram a variabilidade existente, apesar de envolver, em geral, recombinação de poucas famílias endogâmicas. Houve melhoramento das populações com a execução do programa de SRRFIC, evidenciado pelo aumento na capacidade produtiva. As populações CD-UFV, CF-UFV, Cimmyt-UFV e Piranão-UFV apresentam potencial para utilização em programas de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** *Zea mays*, genética quantitativa, melhoramento genético

### ABSTRACT

#### Potential for improvement of normal and brachytic maize populations from reciprocal recurrent selection

In the 70s, UFV started reciprocal recurrent selection programs using full-sib families (SRRFIC) of normal 'Composto Dent' and "Composto Flint" and brachytic "Cimmyt" and "Piranão" maize populations. This study aimed to evaluate the effects of SRRFIC on improvement and potential for improvement of these populations. Half-sib families were sampled from six populations obtained by SRRFIC and named CD-S<sub>1</sub>, CF-S<sub>1</sub>, CD-UFV, CF-UFV, Cimmyt-UFV and Piranão-UFV. In the agricultural year 1996/97, six trials were carried out in a lattice design with two replicates in Coimbra experimental field belonging to UFV. Estimates of additive genetic variance, heritability and means of initial populations (CD-S<sub>1</sub> and CF-S<sub>1</sub>) and following a number of SRRFIC cycles (CD-UFV, CF-UFV, Cimmyt-UFV and Piranão-UFV) were

<sup>1</sup> Embrapa Roraima, CEP 69301-970 Boa Vista, RR. E-mail: aloisio@cpafrr.embrapa.br

<sup>2</sup> Universidade Federal de Viçosa (UFV), Dep. de Biologia Geral, CEP 36571-000 Viçosa, MG. E-mail: jmsviana@ufv.br

<sup>3</sup> Universidade Federal de Roraima, Núcleo Insikiran, Boa Vista, RR. E-mail: lucianne@insikiran.ufr.br

obtained, as well as the predicted gains by selection of the best families (20%) from each trial. Genetic variability for production was detected in the six populations, indicating that SRRFIC did not deplete the existent variability, despite usually involving recombination of only a few endogamic families. Implementing the SRRFIC program has increased maize population means. The populations CD-UFV, CF-UFV, Cimmyt-UFV and Piranão-UFV showed potential for use in genetic improvement programs.

**Key words:** *Zea mays*, quantitative genetics, genetic improvement

## INTRODUÇÃO

Seleção recorrente recíproca é um esquema de melhoramento desenvolvido com o objetivo de melhorar a performance dos cruzamentos de duas populações de grupos heteróticos distintos. Neste método, genótipos de duas populações são avaliados em cruzamentos recíprocos (progênies interpopulacionais de meios-irmãos ou de irmãos completos), e os melhores de cada população são selecionados, sendo suas progênies  $S_1$  recombinadas para dar origem às populações melhoradas (Comstock *et al.*, 1949; Hallauer e Eberhart, 1970). São exploradas tanto a capacidade geral como a capacidade específica de combinação. Vários resultados comprovam a eficiência do método para melhorar a performance do híbrido interpopulacional obtido pelo cruzamento das populações melhoradas (Obilana *et al.*, 1979; Hallauer *et al.*, 1988; Eyherabide e Hallauer, 1991; Schnicker & Lamkey, 1993; Rezende e Souza, 2000; Souza Jr e Pinto, 2000). Outros resultados comprovam a eficiência da seleção recorrente recíproca para melhorar o desempenho das linhagens obtidas a partir das populações melhoradas e do desempenho dos híbridos entre essas linhagens (Moll *et al.*, 1977; Russel, 1985; Hallauer *et al.*, 1988; Betrán e Hallauer, 1996; Lopes *et al.*, 2001).

Na Universidade Federal de Viçosa (UFV), a seleção recorrente recíproca com base em famílias de irmãos completos (SRRFIC) foi o método empregado para o melhoramento de populações de milho normal e braquítico por um período de 19 anos. Os programas com as populações Composto Dent e Composto Flint e com Piranão e Cimmyt foram iniciados em 1974 e 1976, respectivamente, e conduzidos até 1993, produzindo muitas populações (Rezende, 1984; Ferrão, 1985; Leite, 1988; Assunção, 1990; Mauro, 1990; Silveira, 1990; Silva, 1991; Santos, 1991; ribeiro Júnior, 1996; Lopes, 1999), cujas sementes encontram-se armazenadas em câmara fria.

Este trabalho foi conduzido com o objetivo de avaliar o potencial de melhoramento das populações de milho normal e braquítico obtidas por meio do programa de SRRFIC da UFV e os efeitos da seleção recorrente recíproca no melhoramento populacional.

## MATERIAL E MÉTODOS

Neste trabalho foram utilizadas famílias de meios irmãos de quatro populações de milho normal, Composto Dent-UFV (CD-UFV), Composto Flint-UFV (CF-UFV), Composto Dent- $S_1$  (CD- $S_1$ ) e Composto Flint- $S_1$  (CF- $S_1$ ), e de duas braquíticas, Cimmyt-UFV e Piranão-UFV. As quatro famílias foram obtidas do programa de seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos completos (SRRFIC) entre as populações Composto Flint e Composto Dent, da Universidade Federal de Viçosa. Os compostos CD- $S_1$  e CF- $S_1$  foram obtidos após um ciclo de seleção. O par CD-UFV e CF-UFV foi obtido no final do programa, pela recombinação, em 1992/93, de diversas populações e famílias  $S_1$  superiores, oriundas desse programa, após vários ciclos de SRRFIC. As populações Cimmyt-UFV e Piranão-UFV também foram obtidas no final do programa, após vários ciclos de seleção.

Embora tenha se tornado incomum o uso de populações braquíticas no melhoramento de milho, essas foram incluídas neste trabalho em razão de terem sido utilizadas na obtenção do híbrido interpopulacional UENF 506-6, da Universidade Estadual do Norte Fluminense, em Campos dos Goytacazes, RJ, provavelmente após mais um ciclo de SRRFIC. Na região há ocorrência freqüente de ventos fortes, o que viabiliza programas de melhoramento conduzidos com populações braquíticas.

No ano agrícola 1996/97, seis ensaios de avaliação com famílias de meios-irmãos foram instalados em campo experimental da Universidade Federal de Viçosa, em Coimbra (MG), um com 140 famílias da população CD-UFV e mais cinco testemunhas, um com 131 famílias da população CD- $S_1$  e seis testemunhas, um com 120 famílias da população CF-UFV e sete testemunhas, um com 130 famílias de CF- $S_1$  e cinco testemunhas, um com 134 famílias da população Cimmyt-UFV e seis testemunhas e, por último, um com 139 famílias da população Piranão-UFV e as mesmas 6 testemunhas do ensaio anterior. Das testemunhas utilizadas nos ensaios com famílias das populações de milho de porte normal, duas, BR-105 (Flint) e BR-106 (Dent), eram comuns a todos os ensaios. Essas populações são usadas em programas de SRR na Embrapa Mi-

lho e Sorgo. O delineamento experimental adotado foi o látice, com tratamentos adicionais. Foram dois látices 10x10 e quatro 11x11, sendo, em todos eles, algumas famílias e as testemunhas incluídas como tratamentos adicionais aos 100 ou 121 tratamentos do látice. Cada parcela correspondeu a uma fileira com cinco metros, e o espaçamento foi de 0,9 metro. Semearam-se 50 sementes por fileira e, após o desbaste, foram deixadas 25 plantas, totalizando uma densidade aproximada de 55.555 plantas/ha (para os ensaios com as famílias derivadas das populações CF-UFV, CD-UFV, CF-S<sub>1</sub> e CD-S<sub>1</sub>), ou 30 plantas, totalizando uma densidade aproximada de 66.666 plantas/ha (para os ensaios com as famílias derivadas das populações Cimmyt-UFV e Piranão-UFV).

As seguintes variáveis foram avaliadas em cada parcela dos experimentos: altura de planta (AP), em metros; altura de espiga (AE), em metros; proporção de plantas acamadas (PPA); proporção de plantas quebradas (PPQ); estande final (ST); peso de 100 grãos (PCGu), em g, corrigido para umidade-padrão de 15%; produção (PROD), em kg ha<sup>-1</sup>, padronizada para 15% de umidade e, no caso das famílias derivadas das populações de milho normal, corrigida para estande ideal de 25 plantas por parcela, pelo método proposto por Vencovsky & Cruz (1991); proporção de espigas mal empalhadas (PEME); índice de prolificidade (IP); proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP); e proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD). As famílias derivadas das populações braquíticas não tiveram suas produções corrigidas para estande ideal de 30 plantas por parcela, em razão de elas apresentarem variabilidade genotípica significativa para estande; não sendo, neste caso, apropriado proceder à correção pela metodologia empregada.

As análises estatístico-genéticas foram efetuadas utilizando-se o programa computacional Genes (Cruz, 1997).

Foram estimados variância genética aditiva, herdabilidade, médias genotípicas das populações iniciais (CD-S<sub>1</sub> e CF-S<sub>1</sub>) e após os vários ciclos de SRR (CD-UFV, CF-UFV, Cimmyt-UFV e Piranão-UFV) e ganhos preditos com a seleção de 20% das melhores famílias. Os ganhos foram calculados como o produto do diferencial de seleção pela herdabilidade em sentido restrito, em nível de média de família.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em razão da perda de alguns tratamentos, as análises estatísticas foram feitas segundo o delineamento em blocos casualizados completos, sendo as famílias adicionais aos tratamentos do látice incluídas nos blocos. Verificou-se a existência de variabilidade genética para a produção de grãos em todas as seis populações avaliadas (Tabela 1), demonstrando que a SRRFIC não esgotou a variabili-

dade existente na população original, apesar da recombinação envolver, em geral, reduzido número de famílias endogâmicas. Diferença significativa entre a média das famílias e a média das testemunhas só foi verificada no ensaio com as famílias da população CD-S<sub>1</sub>.

Foi verificado aumento considerável na produção das populações iniciais (CD-S<sub>1</sub> e CF-S<sub>1</sub>) para as obtidas após os vários ciclos de SRRFIC (CD-UFV e CF-UFV). Considerando a média da testemunha comum BR-106 como 100%, CF-UFV produziu 120%, enquanto CF-S<sub>1</sub> apenas 79% e CD-UFV 125%, e CD-S<sub>1</sub>, somente 87%. Em relação à média das duas testemunhas comuns, BR-105 e BR-106, a produção de CD-S<sub>1</sub> para CD-UFV passou de 87 para 135% e de CF-S<sub>1</sub> para CF-UFV de 90 para 102%. Em relação à média da testemunha comum BR-105, as populações CD-S<sub>1</sub> e CD-UFV produziram 96 e 154%, e as populações CF-S<sub>1</sub> e CF-UFV, 93 e 87%, respectivamente.

A população CD-UFV foi maior que as testemunhas comerciais BR-105, BR-106 e AG-1043, e a população CF-UFV foi superior às testemunhas comerciais BR-106 e C-505.

Observou-se tendência de aumento na variância genética aditiva de CF-S<sub>1</sub> e CD-S<sub>1</sub> (populações iniciais, obtidas após um ciclo de SRRFIC) para CF-UFV e CD-UFV (populações finais, obtidas da recombinação de diversas populações, todas oriundas do programa de SRRFIC após vários ciclos de seleção), respectivamente. Embora não se possa dizer se esse aumento na variância aditiva foi em razão das alterações nas frequências gênicas devidas à seleção recorrente devido à recombinação praticada com as diversas populações e famílias obtidas do programa para se produzirem as populações CD-UFV e CF-UFV, há evidência de alteração nas frequências dos alelos favoráveis à produção, uma vez que houve aumento na média das populações. Portanto, os programas de SRR com os Compostos Dent e Flint promoveram melhoramento populacional.

Hallauer & Miranda Filho (1981) realizaram um levantamento das estimativas das variâncias genéticas aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) e devida à dominância ( $\hat{\sigma}_D^2$ ) para cinco tipos de populações, obtidas de 99 trabalhos. As médias de  $\hat{\sigma}_A^2$  para o caráter produção de grãos em (g/planta)<sup>2</sup> foram 503,8 para as variedades de polinização livre, 721,9 para os compostos, 585,1 para as populações F<sub>2</sub>, 306,2 para os cruzamentos intervarietais e 225,9 para os sintéticos. A variância genética aditiva das populações CD-UFV e CF-UFV (470 e 484, respectivamente, em (g/planta)<sup>2</sup>) são de magnitudes comparáveis à encontrada para as variedades de polinização livre.

Souza Junior (1983), utilizando o método de seleção recorrente recíproca com base em famílias de meios-irmãos nas populações ESALQ-PB1 e BR-105, estimou a variância aditiva para o caráter peso de espigas, encontrando valo-

**Tabela 1.** Análises de variância, médias das famílias, médias das testemunhas, coeficientes de variação (CV, em %), variâncias genéticas aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), herdabilidades ( $h^2$ ), ganhos preditos com seleção de 20% das melhores famílias (GS, em kg ha<sup>-1</sup>) e médias de cada testemunha, em cada um dos ensaios, em relação à variável produção (kg ha<sup>-1</sup>)

Fonte de variação	População											
	CF-UFV		CF-S <sub>1</sub>		CD-UFV		CD-S <sub>1</sub>		Cimmyt-UFV		Piranão-UFV	
	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.
Blocos	1	1944857	1	10641325	1	5510011	1	20965154	1	800116	1	8339594
Tratamentos	138	2367436*	100	1516031**	104	2450214*	119	2031721*	139	3134785*	139	2765877*
Famílias	133	2363787*	94	1297280*	97	2345934*	114	2065255*	133	3159598*	133	2789650*
Testemunhas	4	2651205 <sup>ns</sup>	5	2663341*	6	3999558*	4	1432338 <sup>ns</sup>	5	1986721 <sup>ns</sup>	5	2486807 <sup>ns</sup>
Fam. vs Test.	1	1717678 <sup>ns</sup>	1	16342150**	1	3269364 <sup>ns</sup>	1	606339 <sup>ns</sup>	1	5574950 <sup>ns</sup>	1	999409 <sup>ns</sup>
Resíduo	138	1637887	100	927101	104	1598782	119	1415405	139	2101931	139	1801289
Média das Famílias		5297,62		4455,31		4740,36		4212,73		2492,46		2665,17
Média das testem.		4875,51		5658,58		5240,57		4464,27		1795,76		2370,19
CV (%)		24,23		21,27		26,49		28,17		58,87		50,59
$\hat{\sigma}_A^2$		1451800 ± 699225		740358459492		1494304805734		1299701656612		2115333922756		1976721807481
$h^2$		30,71		28,53		31,85		31,47		33,47		35,43
GS		466		293		479		448		459		583
BR-105		3450,33		4617,86		5470,39		4508,04		-		-
BR-106		4418,58		5632,97		3786,51		4862,26		-		-
CD-UFV		5606,48		-		-		-		-		-
CD-S <sub>1</sub>		-		7086,39		-		-		-		-
CF-UFV		-		-		3636,41		-		-		-
CF-S <sub>1</sub>		-		-		-		3540,50		-		-
AG-302A		-		-		5654,10		-		-		-
AG-1043		4485,26		-		-		-		-		-
AG-951		-		-		7621,11		-		-		-
AG-211		-		-		-		5636,64		-		-
AG-5011		-		-		-		3773,93		-		-
C-135		6416,90		-		-		-		-		-
C-505		-		4277,90		4415,20		-		-		-
C-701		-		5423,10		-		-		-		-
C-901		-		6913,26		-		-		-		-
C-435		-		-		6100,24		-		-		-
Cimmyt		-		-		-		-		857,07		1028,79
Piranão		-		-		-		-		1866,40		1817,21
Cimmyt-UFV		-		-		-		-		742,41		3143,95
Piranão-UFV		-		-		-		-		3026,95		3485,70
Híbrido		-		-		-		-		-		-
Cimmyt-UFV X		-		-		-		-		-		-
Piranão-UFV		-		-		-		-		2920,97		3437,83
HíbridoCimmyt X		-		-		-		-		-		-
Piranão		-		-		-		-		1360,81		1307,68

\*\* e \*: significativo a 1% e 5%, respectivamente.

ns: não-significativo a 5%

res de 236 e 181 para ESALQ-PB1 e BR-105, respectivamente, em (g/planta)<sup>2</sup>. Considerando que o peso de grãos equivale a, aproximadamente, 80% do peso de espigas, os valores das variâncias para peso de grãos devem ser 36% menores (151 e 116, respectivamente).

Os valores de herdabilidade em todos os ensaios são comparáveis, indicando mesma eficiência (intermediária) da seleção entre famílias de irmãos completos. Nas populações ESALQ-PB1 e BR-105, Souza Junior (1983) estimou valores de 10,55 e 7,14%, respectivamente, para peso de grãos.

Os ganhos preditos para produção, com seleção de 20% das melhores famílias, foram maiores nas populações CD-UFV e CF-UFV que nas populações CD-S<sub>1</sub> e CF-S<sub>1</sub>, indicando efeito positivo do programa.

Em relação à média das testemunhas comerciais BR-105, BR-106, C-135 e AG-1043A, a população CD-UFV apresentou menor proporção de plantas acamadas e quebradas e maior índice de prolificidade, peso de 100 grãos,

altura de planta, altura de espiga, proporção de espigas mal empalhadas, proporção de espigas atacadas por pragas e proporção de espigas atacadas por doenças (Tabela 2). Em relação à testemunha BR-106, a população CD-UFV apresentou menor proporção de plantas acamadas e maior índice de prolificidade e peso de 100 grãos. Em relação à média das testemunhas AG-306A, AG-951, C-435, C-505, BR-105 e BR-106, a população CF-UFV apresentou menores proporções de plantas acamadas, de plantas quebradas, de espigas atacadas por pragas e de espigas atacadas por doenças, maior índice de prolificidade, altura de espiga e proporção de espigas mal empalhadas e igual altura de planta e peso de 100 grãos (Tabela 3). Em relação à testemunha BR-105, a população CF-UFV apresentou menor altura de planta, maior peso de 100 grãos e menores proporções de espigas mal empalhadas, de espigas atacadas por pragas e de espigas atacadas por doenças.

**Tabela 2.** Médias das testemunhas e das famílias da população CD-UFV para as variáveis altura de planta (AP, em m), altura de espiga (AE, em m), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), índice de prolificidade (IP), peso de 100 grãos (PCGu, em g), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP) e proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD)

População	AP	AE	PPA	PPQ	IP	PCGu	PEME	PEAP	PEAD
BR-105	2,38	1,35	0,254	0,061	0,871	28,13	0,139	0,264	0,042
BR-106	2,30	1,29	0,100	0,060	0,842	26,60	0,094	0,177	0
C-135	2,22	1,26	0,019	0,096	1,039	27,98	0,050	0,146	0,017
AG-1043	2,10	1,16	0,083	0,162	0,779	28,40	0,065	0,154	0,122
	2,25	1,26	0,114	0,095	0,882	27,78	0,087	0,185	0,045
CD-UFV	2,44	1,43	0,076	0,092	0,932	28,04	0,098	0,187	0,049

**Tabela 3.** Médias das testemunhas e das famílias da população CF-UFV para as variáveis altura de planta (AP, em m), altura de espiga (AE, em m), proporção de plantas acamadas (PPA), proporção de plantas quebradas (PPQ), índice de prolificidade (IP), peso de 100 grãos (PCGu, em g), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP) e proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD)

Material	AP	AE	PPA	PPQ	IP	PCGu	PEME	PEAP	PEAD
AG-306A	2,46	1,45	0,229	0,125	0,998	28,61	0,065	0,206	0,107
AG-951	2,25	1,30	0,259	0,238	0,959	27,89	0,023	0,173	0,053
C-435	2,36	1,39	0,200	0,180	1,100	28,85	0,054	0,273	0,109
BR-106	2,18	1,23	0,236	0,118	1,135	27,91	0,108	0,206	0,070
C-505	1,86	1,01	0,260	0,160	0,960	27,95	0,103	0,206	0,061
BR-105	2,27	1,30	0,120	0,100	1,200	27,85	0,116	0,219	0,166
$\bar{X}$	2,23	1,28	0,217	0,153	1,059	28,18	0,078	0,214	0,094
CF-UFV	2,23	1,33	0,146	0,136	1,092	28,17	0,086	0,190	0,085

Avaliando as produções das famílias e testemunhas nos dois ensaios com populações braquíticas (Tabela 1), verifica-se que as produções das populações Cimmyt-UFV e Piranão-UFV, estimadas pelas médias das progênies, são bem maiores que as das populações Cimmyt e Piranão originais. Da mesma forma, a média de produção do híbrido Cimmyt-UFV x Piranão-UFV é bem superior à média de produção do híbrido Cimmyt x Piranão. Houve, portanto, melhoramento populacional e melhoria na capacidade específica de combinação. Os híbridos manifestaram heterose em relação à média dos pais, mas não em relação ao pai superior. Ribeiro Júnior (1996) avaliou a eficiência da SRRFIC entre as populações Cimmyt e Piranão em produzir populações superiores quanto aos incrementos das capacidades combinatórias e heterose e concluiu que a SRRFIC apresentou potencial em proporcionar ganhos genéticos com os ciclos de seleção.

Quanto à variância genética aditiva, as populações Cimmyt-UFV e Piranão-UFV apresentam valores comparáveis, superiores às populações de milho normal, o que contribuiu para predições de ganho acima de 450 kg ha<sup>-1</sup>.

## CONCLUSÕES

Embora a seleção recorrente recíproca tenha como objetivo principal o aumento da capacidade combinatória entre duas populações, os programas de seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos completos entre as

populações Composto Dent e Composto Flint e entre as populações Cimmyt e Piranão foram eficientes em aumentar a produção das populações, mantendo bons níveis de variância genética aditiva, de forma a permitir ganhos futuros.

As populações CD-UFV e CF-UFV apresentam variabilidade genética aditiva para produção, o que, aliado às médias estatisticamente iguais às das testemunhas comerciais BR-105 e BR-106, confere a essas duas populações bom potencial para melhoramento, visando aumento da produtividade. As populações Cimmyt-UFV e Piranão-UFV também apresentam variabilidade genética aditiva para produção, podendo ser utilizadas em programas de melhoramento em regiões em que existam problemas de acamamento e quebraamento, devido à ocorrência de ventos fortes.

## REFERÊNCIAS

- Assunção MS (1970) Variabilidade genética nos milhos braquíticos 'Piranão' e 'Cimmyt' e avaliação de seus híbridos crípticos. Dissertação de mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 70 p.
- Betrán FJ & Hallauer AR (1996) Hybrid improvement after reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Maydica*, 41:25-33.
- Comstock RF, Robinson HF & Harvey PH (1949) A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal*, 41:360-367.

- Cruz CD (1997) Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária. 442 p.
- Eyherabide GH & Hallauer AR (1991) Reciprocal full-sib recurrent selection in maize. I. Direct and correlated responses. *Crop Science*, 31:952-959.
- Ferrão MA (1985) Avaliação de compostos de milho (*Zea mays* L.) "dentado" resultantes da seleção recorrente recíproca baseada em famílias de irmãos completos entre os compostos originais "Dentado" e "Duro". Dissertação de mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 85 p.
- Hallauer AR & Eberhart SA (1970) Reciprocal full-sib selection. *Crop Science*, 10:315-316.
- Hallauer AR & Miranda Filho JB (1981) Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University Press. 468 p.
- Hallauer AR, Russell WA & Lamkey KR (1988) Corn breeding. In: Sprague GF and Dudley JW (eds) *Corn and Corn Improvement*. Madison, American Society of Agronomy. p 463-564.
- Leite ACS (1988) Adaptabilidade, estabilidade, heterose e avaliação de metodologias alternativas de seleção recorrente recíproca, com famílias de irmãos completos, em cultivares de milho (*Zea mays* L.). Dissertação de doutorado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 121 p.
- Lopes MTG (1999) Capacidade produtiva, adaptabilidade e estabilidade de híbridos de famílias endogâmicas de milho (*Zea mays* L.), obtidos pelo método dos híbridos crípticos. Dissertação de mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 96 p.
- Lopes MTG, Viana JMS & Lopes R (2001) Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de famílias endogâmicas de milho, obtidos pelo método dos híbridos crípticos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 36:483-491.
- Mauro SMZ (1990) Avaliação da variabilidade genética e do potencial do composto dentado para seleção recorrente recíproca em milho (*Zea mays* L.). Dissertação de mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 93 p.
- Moll RH, Bari A & Stuber CW (1977) Frequency distribution of maize yield before and after reciprocal recurrent selection. *Crop Science*, 17:794-796.
- Obilana AT, Hallauer AR & Smith OS (1979) Predicted and observed response to reciprocal full-sib selection in maize (*Zea-mays*-1). *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 8:269-282.
- Rezende GSP & Souza JR. CL (2000) A reciprocal recurrent selection procedure outlined to integrate hybrid breeding programs in maize. *Journal of Genetics & Breeding*, 54:57-66.
- Rezende MAV (1984) Avaliação de compostos de milho (*Zea mays* L.) "Duro" resultantes de seleção recorrente recíproca baseada em famílias de irmãos completos entre os compostos originais "Dentado" e "Duro". Dissertação de mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 79 p.
- Ribeiro Júnior JI (1996) Avaliação da eficiência de um programa de seleção recorrente recíproca em populações de milho braquítico. Dissertação de doutorado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 122p.
- Russell WA (1985) Comparison of the hybrid performance of maize lines developed from the original and improved cycles of BSSS. *Maydica*, 30:407-419.
- Santos NT (1991) Seleção recorrente recíproca entre as variedades braquíticas de milho (*Zea mays* L.) 'Piranão' e 'Cimmyt', usando famílias de irmãos germanos obtidas de plantas prolíficas. Dissertação de mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 76p.
- Schnicker BJ & Lamkey KR (1993) Interpopulation genetic variance after reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Crop Science*, 33:90-95.
- Silva CHO (1991) Seleção recorrente recíproca em milho (*Zea mays* L.), usando famílias de irmãos germanos, realizada em cruzamentos entre o 'Sintético Duro UFV' e o 'Sintético Dentado UFV'. Dissertação de mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 84p.
- Silveira MG (1990) Avaliação da variabilidade genética de híbridos crípticos interpopulacionais de milho (*Zea mays* L.) em dois ciclos de seleção recorrente recíproca. Dissertação de mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 60p.
- Souza Junior CL (1983) Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional. Dissertação de doutorado. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / Universidade de São Paulo. 122 p.
- Souza JR CL & Pinto RMC (2000) Responses to a short-term reciprocal recurrent selection procedure in maize. *Maydica*, 45:21-28.
- Vencovsky R & Cruz CD (1991) Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados. I. Dados simulados. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 26:647-657.