

# Estimativas de parâmetros genéticos em uma população de milho e potencial para programas de melhoramento

## ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS IN A MAIZE POPULATION AND POTENTIAL FOR BREEDING PROGRAMS

Ricardo Machado da Silva  
Departamento de Ciências Agrárias da Universidade de Taubaté  
Marlene Lima  
Paulo Boller Gallo  
Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani  
Eduardo Sawazaki  
Christina Dudienas  
Lizz Kezzy de Morais  
Instituto Agronômico de Campinas

### RESUMO

Com o objetivo de obter estimativas de parâmetros genéticos e verificar o potencial da população de milho (*Zea mays* L.) IAC-6666 para programas de seleção recorrente, 400 progênies de meio-irmãos foram avaliadas em 20 ensaios, na safra de 1996/1997, no Centro Experimental do Instituto Agronômico (IAC) em Campinas-SP e no Pólo Regional Nordeste Paulista (APTA) em Mococa-SP. Cada ensaio foi constituído de 20 progênies, sob delineamento de blocos casualizados com duas repetições e duas testemunhas comerciais. As magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos apresentaram altos valores associados às altas médias de produtividade das progênies. Assumindo uma seleção das 20 % melhores progênies de meio-irmãos, o ganho médio esperado para a característica peso de espiga foi de 9,38 %. Portanto, a população de milho IAC-6666 apresenta variabilidade genética satisfatória e potencial para ser utilizada em programas de melhoramento.

### PALAVRAS-CHAVE

Progênies de meio-irmãos. Ganho genético. Variabilidade genética. *Zea mays* L.

### INTRODUÇÃO

O milho é uma das plantas cultivadas que mais contribuiu na alimentação humana, direta e indiretamente. Portanto, é uma cultura em que os processos de melhoramento genético têm sido utilizados extensivamente e ainda demonstra um alto potencial genético para a melhoria de suas características de interesse agrônomo.

Em programas de melhoramento de milho, a avaliação e o conhecimento detalhado de parâmetros

genéticos de populações constitui um ponto importante e merece grande atenção dos melhoristas possibilitando escolher, dentre as populações disponíveis, aquelas que apresentam maior potencial, definindo com maior segurança o método de seleção. A escolha da população-base é fundamental para o sucesso de qualquer programa de melhoramento (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995).

A variabilidade genética de uma população pode ser verificada pela estimação de parâmetros genéticos, os quais se constituem em indicadores da magnitude dessa variabilidade (SILVA, 2001). Dessa forma, a obtenção da estimativa da variância genética entre progênies, variância genética aditiva, coeficiente de variação genético, ganho genético esperado e coeficiente de herdabilidade, se constituem em informações importantes para os programas de melhoramento.

Segundo Vencovsky e Barriga (1992), os parâmetros componentes da variação fenotípica de uma dada característica podem ser estimados a partir de quadrados médios, isto é, a partir da análise de variância de dados experimentais, provenientes de ensaios com duas ou mais repetições. Após a obtenção dos quadrados médios, são estabelecidas as suas esperanças matemáticas de acordo com o modelo que rege o delineamento. Finalmente são resolvidas as equações resultantes. Esses resultados fornecem as estimativas dos componentes de variação da população (KEMPTHORNE, 1975).

As estimativas dos componentes de variância genética são obtidas pelos delineamentos genéticos apropriados e a quantidade de variância explorada depende do tipo de progênie utilizada (HALLAUER;

MIRANDA FILHO, 1995). No Brasil, tem-se utilizado com freqüência famílias de meio-irmãos para a estimação da variância genética aditiva no nível intrapopulacional.

Por meio da determinação das estimativas de parâmetros genéticos resultantes dos componentes de variância, o presente estudo tem como objetivo avaliar o potencial genético da população de milho IAC-6666 para ser utilizada em programas de melhoramento genético.

## MATERIAL E MÉTODOS

A população de milho IAC-6666 apresenta porte médio, ciclo precoce, grãos predominantemente duros, alaranjados e foi originada a partir do inter cruzamento de quatro híbridos comerciais e uma variedade de polinização aberta.

Quatrocentas progênies de meio-irmãos da população IAC-6666 foram avaliadas em 20 ensaios, no ano agrícola de 1996/97 para obter estimativas dos parâmetros genéticos e do ganho de seleção.

Essas progênies foram avaliadas em blocos casualizados com duas repetições, perfazendo um total de 20 ensaios instalados no Centro Experimental do Instituto Agrônomo (IAC) em Campinas-SP e no Pólo Regional Nordeste Paulista (APTA) em Mococa-SP. As progênies de 1 a 20 foram alocadas no ensaio 1; 21 a 41, ensaio 2; 41 a 60, ensaio 3; 61 a 80, ensaio 4; 81 a 100, ensaio 5; 101 a 120, ensaio 6; 121 a 140, ensaio 7; 141 a 160, ensaio 8; 161 a 180, ensaio 9; 181 a 200, ensaio 10; 201 a 220, ensaio 11; 221 a 240, ensaio 12; 241 a 260, ensaio 13; 261 a 280, ensaio 14; 281 a 300, ensaio 15; 301 a 320, ensaio 16; 321 a 340, ensaio 17; 341 a 360, ensaio 18; 361 a 380, ensaio 19 e 381 a 400, ensaio 20. Em cada ensaio foram avaliadas vinte progênies mais as testemunhas AL 25 e C-435. As parcelas foram constituídas de uma fileira de quatro metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de noventa centímetros e entre covas de vinte centímetros, deixando-se uma planta por cova. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e peso de espiga (PE) corrigido para 13 % de umidade. Foram realizadas as análises de variância conjunta para cada ensaio e, posteriormente, uma análise de variância conjunta agrupada dos ensaios para se obter os parâmetros genéticos da população IAC-6666 de acordo com Vencovsky e Barriga (1992).

As esperanças do quadrado médio foram obtidas da análise de variância conjunta agrupada da seguinte forma:

$$E(QM1) = \sigma^2 + 1r\sigma_p^2$$

$$E(QM2) = \sigma^2$$

QM1 é o quadrado médio de progênies, QM2 é o quadrado médio do erro, r é o número de repetições e 1 é o número de locais.

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas conforme as expressões abaixo:

$$\hat{\sigma}^2 = QM2$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{QM1 - QM2}{r1}$$

A variância genética aditiva foi estimada por:

$$\hat{\sigma}_a^2 = 4 \hat{\sigma}_p^2$$

O coeficiente de herdabilidade no nível de médias de progênie foi obtido por:

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

O ganho esperado assumindo uma seleção nas melhores progênies de meio-irmãos foi estimado por:

$$\hat{\Delta}G = k_i (1/4) \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}^2}{r1}}}$$

$\hat{\Delta}G$  é a estimativa do ganho genético com seleção entre progênies de meio-irmãos;  $k_i$  é diferencial de seleção padronizado para uma seleção de 20% das melhores progênies de meio-irmãos, e corresponde a 1,40.

Os coeficientes de variação ambiental e genético foram obtidos por:

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{QM2}}{\bar{Y}} 100$$

$$CV_g(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{\bar{Y}} 100$$

$\bar{Y}$  é a média das progênies de meios irmãos da população IAC-6666.

O índice de variação genético foi estimado pela expressão abaixo:

$$\hat{b} = \frac{CV_g}{CV_e}$$

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1, encontram-se as médias para o peso de espigas referentes aos ensaios individuais de Campinas e Mococa. Esses resultados foram apresentados para cada local pelo fato da interação progênie x local ter sido significativa ( $p < 0,01$ ). Para Campinas e Mococa, respectivamente, verificou-se que 6 e 10 ensaios apresentaram médias superiores em relação às médias das testemunhas, demonstrando o potencial de produção da população IAC-6666.

A Tabela 2 apresenta os quadrados médios das análises de variância conjunta individual e conjunta agrupada para os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e peso de espiga (PE) da população de milho IAC-6666. Para AP, observou-se que houve significância para a variação entre progênies em todos ensaios individuais.

Para AE, com exceção dos ensaios 2 e 11, todos

ensaios apresentaram diferenças significativas entre progênies.

Com relação a PE, verificou-se que os ensaios 1, 3, 5, 8, 9, 12, 13, 14, 15, 16, 17 e 19 não apresentaram diferenças significativas entre progênies (Tabela 2). Na análise conjunta agrupada, o quadrado médio de progênies foi significativo ( $p < 0,01$ ) para as três características, evidenciando a presença de grande quantidade de variabilidade genética.

Os coeficientes de variação experimental (CVe%) (Tabela 3) das três características foram de 4,62 % para AP, 8,50 % para AE e 10,19 % para PE. Esses valores revelam uma alta precisão experimental garantindo a validade das conclusões daí inferidas. Segundo Carvalho et al. (2003), uma maior precisão nos experimentos de avaliação de progênies é bastante desejável, uma vez que, à medida que ela aumenta, melhor será a resposta e o progresso obtido por seleção.

As estimativas da variância genética aditiva entre famílias ( $\sigma_a^2$ ) foram expressivas para as três características estudadas (Tabela 3), demonstrando a presença de grande quantidade de variabilidade genética na

Tabela 1- Médias ( $\bar{Y}$ ) das progênies de meio-irmãos para a característica peso de espigas dos ensaios individuais de Campinas-SP e Mococa-SP e porcentagem ( $\bar{Y}\%$ ) em relação às médias das testemunhas.

Ensaio	Campinas		Mococa	
	$\bar{Y}$ (kg/ha)	$\bar{Y}$ (%)	$\bar{Y}$ (kg/ha)	$\bar{Y}$ (%)
1	9896,700	98,97	8597,125	88,92
2	9765,730	97,66	9089,050	94,01
3	10435,880	104,36	9232,480	95,49
4	9581,850	95,82	9885,200	102,24
5	10259,280	102,59	10582,550	109,45
6	9669,175	96,69	10385,880	107,42
7	9741,300	97,41	10799,730	111,70
8	9625,830	96,26	10294,880	106,48
9	10129,380	101,29	10448,500	108,07
10	9198,480	91,98	10317,380	106,71
11	9833,700	98,34	9804,650	101,41
12	9426,280	94,26	10035,230	103,79
13	9963,560	99,64	9704,760	100,37
14	9715,000	97,15	9099,700	94,12
15	9713,480	97,13	8924,750	92,31
16	9916,600	99,17	9278,680	95,97
17	10169,900	101,70	8756,300	90,56
18	10298,580	102,99	8370,180	86,57
19	10122,380	101,22	8197,700	84,79
20	9728,480	97,28	8217,850	85,00

Tabela 2- Quadrados médios das análises de variância conjunta e conjunta agrupada de três caracteres para a população de milho IAC-6666. Campinas-SP e Mococa-SP, 1996/97.

Ensaio	Altura planta (m)		Altura espiga (m)		Peso espiga (kg/ha)	
	Progênes	Erro	Progênes	Erro	Progênes	Erro
1	0,0377**	0,0126	0,0291**	0,0077	2208849,69	1364313,94
2	0,0341**	0,0086	0,0151	0,0091	3541433,28**	880888,97
3	0,0205*	0,0083	0,0140**	0,0037	986390,11	991479,81
4	0,0277*	0,0122	0,0174*	0,0080	2439083,50**	800378,15
5	0,0241*	0,0098	0,0155**	0,0054	2590062,32	1346686,31
6	0,0448**	0,0072	0,0237**	0,0043	2482406,47**	846720,16
7	0,0297**	0,0079	0,0272**	0,0046	2304941,72**	792768,54
8	0,0449*	0,0220	0,0203**	0,0068	1384109,06	1124130,17
9	0,0563**	0,0107	0,0395**	0,0044	2380854,81	1358545,22
10	0,0355*	0,0135	0,0294**	0,0085	1785897,21**	610399,65
11	0,0276**	0,0051	0,1150	0,0823	2132208,58*	899622,20
12	0,0484**	0,0086	0,0238**	0,0079	1949701,24	1007347,28
13	0,0391**	0,0117	0,0183*	0,0084	1289931,65	1271750,87
14	0,0249**	0,0069	0,0259*	0,0120	1291690,85	687098,51
15	0,0256*	0,0113	0,0213**	0,0064	1559523,62	919205,95
16	0,0228*	0,0085	0,0207**	0,0044	1504012,41	944788,87
17	0,0217*	0,0082	0,0126*	0,0050	450734,22	618336,18
18	0,0477**	0,0075	0,0304**	0,0039	2756525,09**	742946,05
19	0,0420**	0,0119	0,0261**	0,0038	1235261,40	956263,84
20	0,0440**	0,0121	0,0168**	0,0043	4441411,35**	1308825,29
Conjunta	0,0349**	0,0102	0,0271**	0,0100	2035751,43**	973624,79
Agrupada						
Média						
Geral	2,19		1,18		9680,19	

\* e \*\*: Significativo a 5 e 1 % de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

Tabela 3- Estimativas de variância genética, ambiental, fenotípica, genética aditiva, herdabilidade no nível de média, coeficiente de variação experimental e coeficiente de variação genético e ganho de seleção (GS) para altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e peso da espiga (PE), em famílias de meio-irmãos da população IAC-6666, 1996/97.

Caracteres	$(\hat{\sigma}_p^2)$	$(\hat{\sigma}_e^2)$	$(\hat{\sigma}_F^2)$	$(\hat{\sigma}_a^2)$	$(\bar{h}_m^2)$	$(CV_{e\%})$	$(CV_{g\%})$	$(GS_{20\%})$
AP (cm <sup>2</sup> )	61,82	102,28	87,39	247,29	0,71	4,62	3,59	9,26
AE (cm <sup>2</sup> )	45,65	100,56	70,79	170,62	0,64	8,50	5,73	7,60
PE (g/planta) <sup>2</sup>	86,03	315,45	164,90	344,13	0,52	10,19	5,32	9,38

Tabela 4- Estimativas da variância genética aditiva para produção (g/planta)<sup>2</sup>, em diversas populações de milho no Brasil.

População	Variância aditiva	Referências
CEX-1, CEX-2, CEX-3, CEX-4	146,64 a 970,48	Cunha (1996)
CMS-42	180,97	Pacheco et al. (1998)
CMS-43	486,85	Pacheco et al. (1998)
CMS-453	103,38 a 398,16	Carvalho et al. (2000a)
NAP-PM	91,11	Costa et al. (2000)
IAC-V3	623,30	Paterniani et al. (2000)
CARAÍBA	278,28	Mesquita et al. (2000)
SAMAMBAIA	283,58	Mesquita et al. (2000)
BR 5011 SERTANEJO	171,80 a 865,00	Carvalho et al. (2000b)
COMPOSTO FLINTISA	595,92	Anjos e Andrade (2000)
POP(s). BRASILEIRAS	41,00 a 753,00	Vencovsky, Miranda Filho e Souza Júnior (1988)
POP(s). BRASILEIRAS (revisão)	85,94 a 316,00	Nass (1992)
POP(s). BRASILEIRAS (revisão)	73,40 a 677,38	Cunha (1996)

população. O valor da estimativa de 344,13 (g/planta)<sup>2</sup> para PE foi considerada de magnitude média a alta quando comparada com valores apresentados por outros pesquisadores em outros estudos. Vencovsky, Miranda Filho e Souza Júnior (1988) realizaram um amplo levantamento das estimativas das variâncias genéticas aditivas no nível intrapopulacional em populações brasileiras para a característica produção. Dando seqüência a esse levantamento, Nass (1992) e Cunha (1996) realizaram uma revisão das estimativas de parâmetros genéticos obtidos em diferentes populações de milho no Brasil. As estimativas da variância genética aditiva para a característica produção de grãos e de espigas nesses levantamentos e em outros estudos podem ser observadas na Tabela 4 (Silva, 2001).

O valor da estimativa de variância aditiva obtido no presente estudo para PE foi menor aos valores obtidos por Paterniani et al. (2004) e por Nass e Miranda Filho (1999), cujos valores oscilaram entre 502,00 a 821,56 (g/planta)<sup>2</sup>. Por outro lado foram superiores aos encontrados por Silva (2001) que, avaliando o potencial genético de seis populações de milho, obteve estimativas da variância genética aditiva para produção entre 199,83 a 306,05 (g/planta)<sup>2</sup>.

Estimativas de variância aditiva de 247,29 (cm/planta)<sup>2</sup> e 170,62 (cm/planta)<sup>2</sup> foram obtidos para AP e AE, respectivamente (Tabela 3). Esses resultados são equivalentes aos encontrados na literatura (CUNHA,

1996; PATERNIANI et al., 2004; SANTOS, 1985; SILVA, 2001). Em vários trabalhos, Hallauer e Miranda Filho (1995) obtiveram estimativas médias de 212,90 (cm/planta)<sup>2</sup> e 152,70 (cm/planta)<sup>2</sup> para altura de planta e altura de espiga, respectivamente.

O coeficiente de herdabilidade ao nível de médias para a característica PE ( $h^2 = 0,52$ ) se mostrou equivalente aos resultados obtidos por Paterniani et al. (2004) e pouco superiores aos obtidos por Silva (2001). Para AP e AE, o valor do coeficiente de herdabilidade foi superior, dando evidências de uma maior quantidade de variabilidade genética para essas características.

O índice  $b$  (CVg/CVe), uma medida relativa de variabilidade genética presente na população, apresentou valores de 0,52; 0,77 e 0,67 para as características peso de espigas, altura da planta e altura da espiga, respectivamente. De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), a estimativa "b", na experimentação com progênies de meio-irmãos, ao atingir o valor um, ou mais, indica uma situação muito favorável para a seleção. Neste estudo, nenhuma característica alcançou esse valor. Entretanto, Vencovsky, Miranda Filho e Souza Júnior (1988) relatam um valor médio sob as condições brasileiras de 0,45 para peso de espigas. Observa-se, portanto, que a população envolvida neste estudo apresenta um valor superior a esse, demonstrando boas possibilidades para sua exploração em programas de melhoramento. Para altura da planta e altura da espiga,

esses valores foram ligeiramente inferiores aos obtidos por Silva (2001) e Paterniani et al. (2004).

Assumindo uma seleção das 20% melhores progênies de meio-irmãos na população IAC-6666, o ganho médio esperado para PE foi de 9,38 %. Esse valor médio permite antever a elevação da produtividade de 9680,19 kg/ha para 10588,19 kg/ha.

## CONCLUSÕES

Conclui-se que a população IAC-6666 possui considerável quantidade de variabilidade genética e potencial para ser explorado em futuros programas de melhoramento genético de milho.

## ABSTRACT

The objective of this work was to get estimates of genetic parameters and to verify the potential of the maize population (*Zea mays* L.) IAC-6666 for programs of recurrent election. Four hundred half-sib progenies had been evaluated in 20 trials in the harvest of 1996/1997. The trials were planted in the Research Center of Instituto Agrônômico (IAC) in Campinas-SP and Polo Regional Nordeste Paulista (APTA) in Mococa-SP. Each trial was constituted of 20 progenies in completely randomized blocks design with two replications and two commercial controls. The magnitudes of the estimates of genetic parameters had presented high values associated with high averages of productivity of progenies. Assuming a selection of 20% best half-sib progenies, the estimated gain selection for the characteristic ear weight was 9,38%. Therefore, the maize population IAC-6666 presents satisfactory and potential genetic variability to be used in breeding programs.

## KEY-WORDS

Half -sib progenies. Genetic gain. Genetic variability. *Zea mays* L.

## REFERÊNCIAS

ANJOS, M. H. G.; ANDRADE, J. A. C. Variabilidade genética no composto Flintisa de milho (*Zea mays* L.). In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., Uberlândia, 2000. *A inovação tecnológica e a competitividade no contexto dos mercados globalizados*. Sete Lagoas: ABMS; Embrapa Milho e Sorgo; Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p. 33.

CARVALHO, H. W. L. et al. Estimativas de parâmetros genéticos da variedade BR 5028 – São Francisco no Nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília*, v. 38, n. 8, p. 929-935, 2003.

\_\_\_\_\_. Avaliação de progênies de meio-irmãos da população de milho CMS-453 no nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 35, n. 8, p. 1577-1584, 2000a.

\_\_\_\_\_. Potencial genético da cultivar de milho BR-5011-Sertanejo nos tabuleiros costeiros do nordeste brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 35, n. 6, p. 1169-1176, 2000b.

COSTA, F. M. P.; MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L. Valor genético de um composto selecionado para resistência a *Phaeosphaeria maydis*. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., Uberlândia, 2000. *A inovação tecnológica e a competitividade no contexto dos mercados globalizados*. Sete Lagoas: ABMS; Embrapa Milho e Sorgo; Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p. 33.

CUNHA, R. N. V. Potencial genético de populações de milho (*Zea mays* L.) obtidas de germoplasma exótico. 1996. 127f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1996.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. *Quantitative genetics in maize breeding*. 2 ed. Ames: Iowa State University Press, 1995. 468 p.

KEMPTHORNE, O. *Design and Analysis of Experiments*. New York: John Wiley, 1975. 631 p.

MESQUITA, G. O.; BRASIL, E. M.; ZORZI, A. L. Estimação dos componentes de variância em duas populações de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., Uberlândia, 2000. *A inovação tecnológica e a competitividade no contexto dos mercados globalizados*. Sete Lagoas: ABMS; Embrapa Milho e Sorgo; Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p. 33.

NASS, L. L. Variabilidade genética de populações semi-exóticas de milho. 1992. 136f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Synthesis of new composites of maize (*Zea mays* L.) for populations improvement in Brazil. In: REUNIÓN LATINOAMERICANA DEL MAÍZ, 18., Sete Lagoas, 1999. *Memórias...* Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, 1999. p. 309-317.

PACHECO, C. A. P. et al. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 33, n. 12, p. 1995-2001, 1998.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. et al. Variedade de milho IAC V3: variabilidade genética e potencial de produção. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., Uberlândia, 2000. *A inovação tecnológica e a competitividade no contexto dos mercados globalizados*. Sete Lagoas: ABMS; Embrapa Milho e Sorgo; Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p. 33.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. et al. Estimates of genetic parameters in a maize composite and potential for recurrent selection. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, n. 4, p. 81-85, 2004.

SANTOS, M. X. Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento. 1985. 186f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1985.

SILVA, R. M. Valor genético e potencial heterótico de populações de milho (*Zea mays* L.). 2001. 121f. Tese (Doutorado em Genética e melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Raleigh, 1987. *Proceedings...* Sunderland: Sinauer, 1988. p. 465-77.

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

#### **Ricardo Machado Silva**

Departamento de Ciências Agrárias da Universidade de Taubaté  
Estrada Municipal Dr. José Luís Cembranelli, 5000.  
Itaim - Taubaté - SP  
CEP 12081-010  
Fone: (12) 36254116  
e-mail: ricardo.silva@unitau.br

## **TRAMITAÇÃO**

Artigo recebido em: 12/04/2007  
Aceito para publicação em: 23/05/2007