



**NATÁLIA BOTEGA ALVES**

**AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DO QUINTO  
CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE  
RECÍPROCA EM MILHO**

**LAVRAS – MG**

**2014**

**NATÁLIA BOTEGA ALVES**

**AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DO QUINTO CICLO DE SELEÇÃO  
RECORRENTE RECÍPROCA EM MIHO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Orientador

Dr. João Cândido de Souza

**LAVRAS – MG**

**2014**

**Ficha Catalográfica Elaborada pela Coordenadoria de Produtos e  
Serviços da Biblioteca Universitária da UFLA**

Alves, Natália Botega.

Avaliação de progênies do quinto ciclo de seleção recorrente  
recíproca em milho / Natália Botega Alves. – Lavras : UFLA, 2014.  
57 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2014.  
Orientador: João Cândido de Souza.  
Bibliografia.

1. *Zea mays*. 2. Seleção recorrente recíproca. 3. Híbrido simples.  
4. Irmãos germanos. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 633.153

**NATÁLIA BOTEGA ALVES**

**AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DO QUINTO CICLO DE SELEÇÃO  
RECORRENTE RECÍPROCA EM MIHO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 28 de fevereiro de 2014.

Dr. Adriano Teodoro Bruzi                      UFLA

Dr. Samuel Pereira de Carvalho              UFLA

Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

**LAVRAS – MG**

**2014**

## RESUMO

Com o objetivo de dar continuidade ao programa de melhoramento de milho da UFLA foram avaliadas progênies do quinto ciclo de seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho. As progênies de irmãos germanos foram avaliadas em látice triplo 11x11 e em duas áreas experimentais, localizadas em Lavras/UFLA e Lambari. Progênies de irmãos germanos foram utilizadas como unidade de avaliação. As produtividades médias foram obtidas em Kg/parcela pela pesagem de espigas despalhadas corrigidas para estande médio de 24 plantas. As herdabilidades estimadas foram 59,8 , 74,2 e 64,2, respectivamente, para Lavras, Lambari e conjunta. O ganho estimado com a seleção foi de 16%, 24% e 15%, respectivamente, para Lavras, Lambari e conjunta. Os valores expressivos das herdabilidades, juntamente com altas estimativas da variância genética e do ganho de seleção, evidenciam que as populações apresentam variabilidade genética elevada e possuem potencial para serem melhoradas, sugerindo o avanço dos ciclos de seleção recorrente recíproca. Por meio da análise correlacionada e com as estimativas dos índices de coincidência, foi possível constatar a diferença entre o desempenho das progênies nos dois ambientes e realizar a seleção, com base nas médias dos locais, para o avanço do programa. Além disso, o fato de 77% das progênies apresentar média de produtividade Kg/parcela superior à melhor testemunha no experimento de avaliação revela o potencial das populações para a formação de híbridos que possam ser explorados comercialmente.

Palavras-chave: *Zea mays L.*. Herdabilidade. Híbrido simples. Irmãos germanos.

## ABSTRACT

With the aim of proceeding with the maize breeding program at UFLA (Federal University of Lavras, MG, Brazil), full sib progenies of the fifth cycle of the reciprocal recurrent selection program in populations derived from maize single hybrids were evaluated. The progenies were assessed in an 11 x 11 triple lattice design in two experimental areas located in Lavras (UFLA) and Lambari, MG. Full-sib progenies were used as a unit of assessment. Mean yields were obtained in Kg/plot by ear weight without husk for an average stand of 24 plants. Estimated heritabilities were 59.8, 74.2 and 64.2 for Lavras, Lambari and joint assessment, respectively. Estimated gain from selection was 16%, 24% and 15% for Lavras, Lambari and joint assessment, respectively. The expressive values for heritability, together with high estimates of genetic variance and gain from selection, show that the population has high genetic variability and has potential for breeding programs, suggesting an advance in reciprocal recurrent selection cycles. Through correlated analysis and with the estimates of the coincidence indexes, it was possible to observe the difference in performance of the progenies in the two environments and undertake selection based on the mean values of the locations to advance the program. In addition, the fact that 77% of the progenies exhibited mean yields in Kg/plot greater than the best control in the experiment for evaluation shows the potential of the populations for giving rise to hybrids that may be utilized commercially.

Keywords: *Zea mays* L.. Herdability. Single hybrid and full si.

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Evolução dos tipos de híbridos de milho brasileiros e suas respectivas produtividades médias nos anos de 1976 a 2010 .....	12
Figura 2	Produção e área plantada com milho no Brasil.....	13
Figura 3	Distribuição percentual dos diferentes tipos de cultivares convencionais de milho disponíveis no mercado de sementes do Brasil, nas últimas safras.....	17
Figura 4	Modo de obtenção dos diferentes tipos de progênies .....	27
Figura 5	Comparação entre as médias das progênies selecionadas em Lavras/UFLA com suas respectivas produtividades médias obtidas em Lambari.....	42
Figura 6	Comparação entre as médias das progênies selecionadas em Lambari com suas respectivas produtividades médias obtidas na UFLA .....	42
Figura 7	Gráfico de dispersão com base nas médias das progênies e testemunhas.....	46

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Estimativa do progresso genético com a cultura do milho no Brasil.....	14
Tabela 2	Unidades de seleção (US) e de recombinação (UR), quantidade de variância aditiva interpopulacional explorada ( $\sigma^2_{A21}$ e $\sigma^2_{A12}$ ) e tamanhos efetivos ( $N_e$ ) de uma unidade de recombinação de quatro esquemas de seleção interpopulacional .....	24
Tabela 3	Resumo das análises de variância para o caráter produtividade de plantas (Kg/parcela), Lavras-MG/UFLA .....	33
Tabela 4	Resumo das análises de variância do caráter produtividade de plantas (Kg/parcela), Lambari-MG.....	34
Tabela 5	Resumo da análise conjunta para o caráter produtividade (Kg/parcela), com base nas médias ajustadas, para os locais Lavras e Lambari .....	35
Tabela 6	Estimativas da herdabilidade ( $h^2$ ) na média das progênes quanto à produtividade (%); limites inferiores e superiores para intervalos de confiança; ganho com a seleção (GS); variância genética ( $\sigma^2_G$ ) e variância fenotípica ( $\sigma^2_F$ ) .....	38
Tabela 7	Melhores médias observadas em cada local (Kg/parcela) .....	43
Tabela 8	Índices de coincidência considerando a intensidade de seleção de 10% e 20% .....	44

## SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO .....	9
2	REFERENCIAL TEÓRICO .....	11
2.1	Milho híbrido .....	11
2.2	Seleção recorrente.....	20
2.2.1	Seleção recorrente interpopulacional .....	22
3	MATERIAIS E MÉTODOS .....	26
3.1	Genótipos avaliados.....	26
3.2	Obtenção e avaliação dos diferentes tipos de progênes .....	26
3.3	Manejo da cultura .....	27
3.4	Avaliação das progênes de irmãos germanos.....	27
3.5	Análise dos dados.....	28
3.6	Estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	30
3.7	Estimativa do ganho com a seleção .....	31
3.8	Índice de coincidência .....	32
3.9	Resposta Correlacionada .....	32
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	33
5	CONCLUSÕES.....	48
	REFERÊNCIAS .....	49

## 1 INTRODUÇÃO

Entre as contribuições da ciência para a humanidade, o milho híbrido se destaca, tendo permitido expressivos aumentos na produtividade em todo o mundo e com repercussão em todas as espécies cultivadas (HALLAUER, 1990). A estimativa dessa contribuição tem sido foco de estudos de várias pesquisas em todo o mundo (PIXLEY, 2006).

O bom desempenho do Brasil no mercado mundial de milho se deve à adequação das práticas culturais e aos programas de melhoramento genético, que visam ao lançamento de cultivares mais produtivas e resistentes a estresses bióticos e abióticos.

Dentre os métodos de melhoramento, voltados para a obtenção de híbridos, encontra-se a seleção recorrente recíproca. Este envolve um esquema cíclico de seleção, avaliação e recombinação de progênies, proposto para explorar todos os tipos de ação gênica responsáveis pela heterose. Caracteriza-se por melhorar, simultaneamente, as populações *per se* e o híbrido entre estas. Desse modo, o melhoramento das populações pode ser realizado com o intuito de obter um híbrido interpopulacional, para utilização direta como cultivar e, também, como fonte de linhagens para o desenvolvimento de híbridos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Vasta é a literatura disponível, a respeito dos diferentes métodos, sobre as comparações entre eles e sobre a eficiência da seleção recorrente recíproca (HALLAUER, 1992; SOUZA JÚNIOR, 1999).

Na maioria dos casos, a seleção recorrente recíproca foi empregada em populações, obtidas considerando um grande número de genitores (sintéticos, variedades e compostos), mantendo a questão de como seria o comportamento de populações, obtidas com base em poucos indivíduos. Dentre essas populações, chamam a atenção aquelas derivadas de híbridos simples

comerciais, pois apresentam as vantagens de ampla adaptação e alto potencial produtivo, já que tais híbridos só são recomendados se apresentarem alto rendimento em um grande número de ambientes. Aliado a isso, esses híbridos são altamente heterozigóticos, gerando populações  $S_0$  com grande variabilidade genética. Desse modo, associam dois importantes aspectos, para a escolha de uma população, visando ao melhoramento genético, média alta e variabilidade genética. Nos poucos relatos a esse respeito, foram observadas respostas realizadas com a seleção satisfatória (COORS, 1999; RAPOSO; RAMALHO, 2004; REIS et al., 2009).

Diante do exposto, objetivou-se no presente trabalho avaliar o potencial agrônomo de famílias de irmãos germanos do quinto ciclo de seleção recorrente recíproca da Universidade Federal de Lavras/UFLA, bem como estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Milho híbrido

O termo híbrido pode ser definido como geração  $F_1$ , proveniente do cruzamento entre variedades de polinização aberta, linhagens endogâmicas ou outras populações, geneticamente, divergentes (ALLARD, 1971). A obtenção do milho híbrido foi uma das principais contribuições da ciência para a sociedade, proporcionando expressivos aumentos no potencial produtivo, possibilitando que o fenômeno da heterose fosse extensivamente utilizado e, de forma indireta, contribuindo para a preservação dos recursos ambientais. Quase a totalidade da área mundial plantada com essa gramínea é ocupada por cultivares híbridas. Isso resulta em um acréscimo de milhões de toneladas de grãos quando comparado à semeadura de variedades.

Inúmeros trabalhos são encontrados relatando o expressivo progresso genético na cultura do milho (DUVICK, 1994; RUSSEL, 1984; TROYER, 1999). Nos EUA, a produtividade passou de  $1,3 \text{ t.ha}^{-1}$  em 1930, quando o milho híbrido tornou-se disponível, para  $8,3 \text{ t.ha}^{-1}$  em 1999, com aumento de  $63,1 \text{ Kg/ha/ano}$  no período de 1930 a 1960 e de  $110,4 \text{ Kg/ha/ano}$  de 1960 a 1999 (TROYER, 1999). Em 2005, esta produtividade já alcançava  $10,0 \text{ t.ha}^{-1}$  e com área plantada 22% menor (TROYER, 2006). Os aumentos foram, ainda, mais significativos, principalmente, com a introdução de adventos de híbridos de milho transgênico (Figura 1).



Figura 1 Evolução dos tipos de híbridos de milho brasileiros e suas respectivas produtividades médias nos anos de 1976 a 2010

Fonte: Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB (2013).

No Brasil, a cultura do milho, também, sofreu incremento expressivo de produtividade, mostrando-se superior a 1% ao ano, embora a área plantada tenha aumentado apenas marginalmente. Principalmente, nas três últimas safras, experimentou-se um novo patamar de produtividade, só antes alcançado por países considerados desenvolvidos e detentores de alta tecnologia, a exemplo dos Estados Unidos (Figura 2). Hoje é comum encontrarmos produtores com médias acima de 10.000 kg.ha.<sup>-1</sup> e até 12.000 kg.ha.<sup>-1</sup>, chegando a patamares de 15.000 kg.ha.<sup>-1</sup> (PEIXOTO, 2013). Este crescimento pode ser observado nos resultados dos trabalhos apresentados na Tabela 1, que utilizaram de algumas metodologias de estimativa do progresso genético.

O crescimento mais recente na produção brasileira, de 57,4 milhões de toneladas em 2010 /11 a 76,0 milhões de toneladas em 2012/13, resultaram de maior área e produtividade recorde na segunda safra de milho. Os quase 19

milhões de toneladas acrescidos na produção permitiu ao Brasil tornar-se o maior exportador de milho do mundo, ultrapassando os Estados Unidos no ano comercial 2012/13 (UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA, 2013).

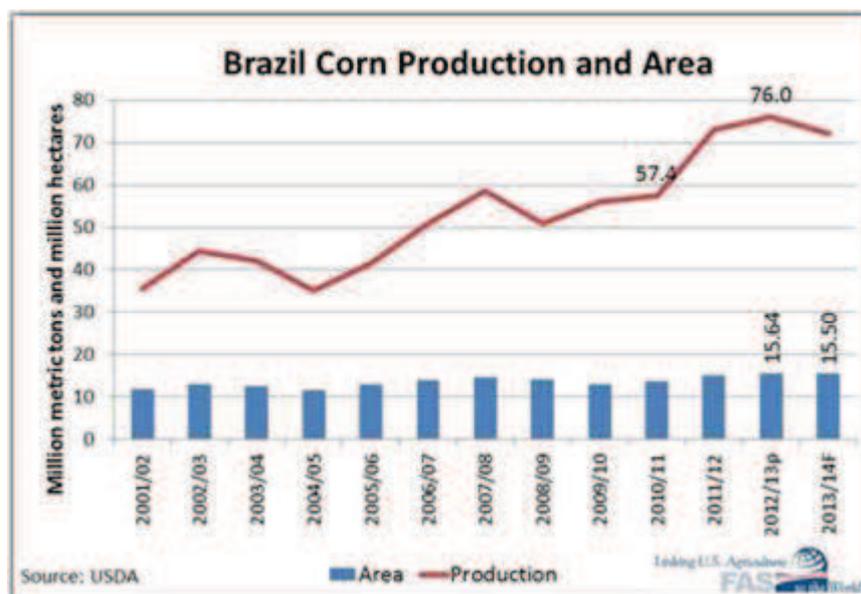


Figura 2 Produção e área plantada com milho no Brasil

Tabela 1 Estimativa do progresso genético com a cultura do milho no Brasil

Anos	Aumento de produtividade (kg/ha.ano)	Autores
1964-1983	72-109 (PE)	Vencovsky et al. (1986)
1946-1986	60 (PG)	Paterniani (1990)
1970-1990	31-51 (PG)	Araujo (1995)
1964-1993	123 (PE)	Fernandes e Franzon (1997)
1998-2002	175 (PG)	STorck, Bisognin e Cargnelutti Filho (2005)

PE – Peso de espigas; PG – peso de grãos

Esta melhoria, em relação aos níveis de produtividade, só tem sido possível graças ao eficiente trabalho dos melhoristas ao longo dos anos, o que possibilitou a adoção de cultivares mais produtivas e adequadas aos climas regionais, com resistência a estresses bióticos e abióticos, ao avanço tecnológico, que proporcionou o desenvolvimento de híbridos com genética superior, incluindo as cultivares geneticamente modificadas, passando por novas tecnologias, serviços e informações disponibilizadas e ao profissionalismo dos agricultores na adoção de práticas de manejo que proporcionem maior nível de respostas e segurança aos híbridos atualmente comercializados. De modo geral, a cultivar é responsável por 50% a 60% do rendimento final (DUVICK, 2005). Conseqüentemente, a escolha correta da semente pode ser a razão do sucesso ou insucesso da lavoura.

O desenvolvimento das sementes híbridas trouxe uma série de vantagens. Entre elas, a possibilidade de associar características de diferentes genitores em uma única planta, obter genótipos superiores em um curto espaço de tempo, explorar as interações gênicas, produzir genótipos uniformes e com menor interação ambiental na geração F<sub>1</sub> e, principalmente, possibilitar a produção de sementes de milho híbrido em escala comercial e com aspectos favoráveis sob o ponto de vista econômico (PATERNIANI, 1974).

Existem vários tipos de híbridos que podem ser sintetizados (MIRANDA FILHO; VIEGAS, 1987). Dentre eles estão:

- a) Híbrido Simples: proveniente do cruzamento entre duas linhagens. As plantas apresentam-se com boa uniformidade e mais produtivas, porém o custo de produção é elevado em virtude da baixa produtividade, geralmente, apresentada pela linhagem fêmea. No Brasil, este tipo de híbrido tem destaque em área plantada e sua utilização aumenta a cada ano.
- b) Híbrido Triplo: obtido do cruzamento entre um híbrido simples (A x B) e uma terceira linhagem (C). Esta deve ser, suficientemente, vigorosa para produzir quantidade de pólen suficiente para garantir a boa produção de grãos do híbrido simples.
- c) - Híbrido Duplo: obtido baseando-se no cruzamento entre dois híbridos simples (A x B) x (C x D). Este já foi o tipo de híbrido mas comercializado no Brasil, porém, em, face do trabalho de manutenção das quatro linhagens, do cruzamento entre elas e, posteriormente, dos híbridos simples delas provenientes, deixou de ter destaque.
- d) Híbrido Simples Modificado: utiliza-se como genitor feminino o híbrido entre duas linhagens muito próximas (A x A') e como genitor masculino uma linhagem (B). O custo de produção é reduzido, se comparado ao híbrido simples, uma vez que o cruzamento entre as duas linhagens, mesmo que muito próximas, possibilita um aumento de vigor.

- e) Híbrido Duplo Modificado: utiliza-se como genitor masculino o híbrido entre duas linhagens muito próximas, ou seja, relacionadas de uma mesma progênie ( $A \times A'$ ), e como genitor feminino o híbrido entre duas linhagens ( $B \times C$ ).
- f) Híbrido Múltiplo: é obtido do cruzamento envolvendo seis ou mais linhagens elite. Este tipo apresenta uma ampla variabilidade genética, quando comparado aos demais, o que acaba resultando em uma maior amplitude de adaptação. Porém, não tem sido utilizado comercialmente.
- g) Híbrido Intervarietal: é um híbrido de fácil obtenção e com grande desuniformidade quanto aos caracteres agronômicos, o que faz com que não seja utilizado comercialmente. Exibe boa capacidade de adaptação em função da maior variabilidade genética quanto aos híbridos de linhagens. Suas gerações avançadas podem ser utilizadas para a obtenção de populações base para o melhoramento interpopulacional, pois permite o aproveitamento da heterose sem a necessidade de obtenção de linhagens.
- h) Híbrido de *Topcross*: é o resultado do cruzamento de um testador com um conjunto de progênies parcialmente endogâmicas. O testador pode ser um híbrido simples, uma linhagem elite ou mesmo uma variedade de base genética ampla. Ele não possui valor comercial, porém é fundamental em programas de melhoramento, sendo utilizado, principalmente, para a avaliação da capacidade combinatória das progênies.

Na Figura 3, são apresentadas as distribuições percentuais dos diferentes tipos de cultivares nas últimas safras. A maioria das empresas produzem cultivares apenas com base em híbridos e algumas produzem apenas híbridos

triplos e simples. As variedades são produzidas, principalmente, por empresas públicas e por empresas licenciadas considerando cultivares obtidas por programas públicos de pesquisa. Nos últimos anos, tem-se verificado um crescente aumento da disponibilidade de híbridos simples no mercado e desde a safra 2011/12 esse tipo de cultivar já representa mais de 60% das sementes disponíveis. Os híbridos triplos e simples somados representam 82,46% do mercado (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 2012).

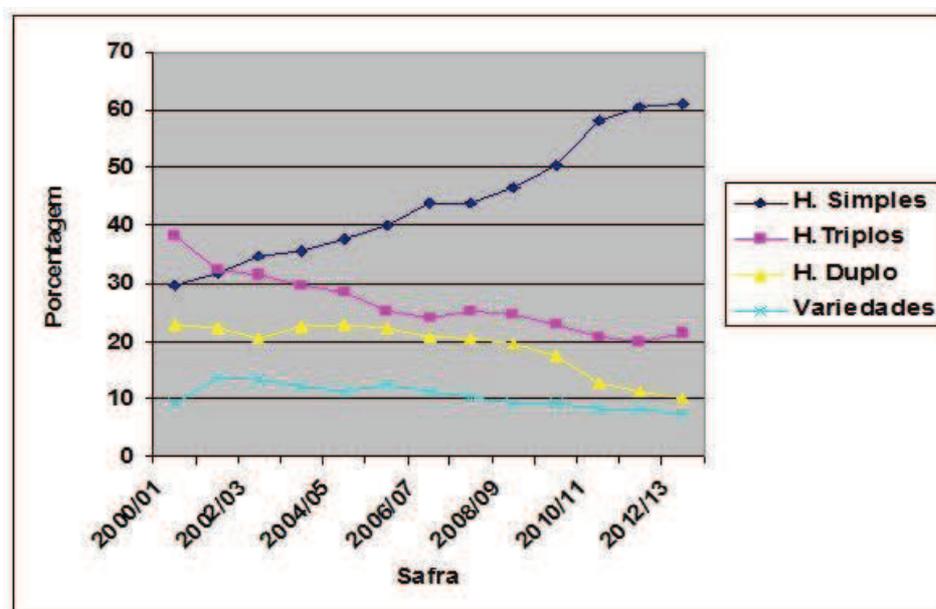


Figura 3 Distribuição percentual dos diferentes tipos de cultivares convencionais de milho disponíveis no mercado de sementes do Brasil, nas últimas safras

Fonte: Cruz et al. (2012)

Alguns trabalhos mostram o porquê da predominância dos híbridos simples no mercado (BECKER; LEON, 1988; CARVALHO et al., 2002; GUILLEN-PORTAL et al., 2003; MACHADO et al., 2008; TROYER;

ROCHEFORD, 2002; WRICKE; WEBER, 1986). Eles compararam em termos de produtividade de grão, híbridos simples, triplos e duplos. Os resultados apontam maior produtividade aos híbridos simples, que foi, em média, 5% superior à dos híbridos duplos. Além disso, a produção de híbridos duplos e triplos necessita de, pelo menos duas safras, enquanto a produção de híbridos simples exige apenas uma, o que reflete em uma margem de lucro maior. Portanto, apesar do custo das sementes dos híbridos simples e triplos ser teoricamente superior às dos híbridos duplos, suas sementes têm sido, prioritariamente, adotadas. Isto evidencia a tendência da agricultura brasileira e a necessidade de aprimoramento nos sistemas de produção para explorar o potencial genético dessas sementes (CRUZ; PEREIRA FILHO, 2009).

Troyer e Rocheford (2002) destacam o porquê da maciça utilização de híbridos simples nos EUA. A produção de sementes híbridas envolve uma série de operações como cultivo propriamente dito da lavoura, despendoamento, colheita, secagem, beneficiamento e empacotamento. O custo destes processos gira em torno de 500 milhões de dólares. Para a produção de híbridos simples, os gastos são, ainda, mais elevados. Se comparado à produção de sementes de híbridos duplos, observa-se um acréscimo de cerca de 200 milhões de dólares, uma vez que, para híbridos simples, a fêmea é uma linhagem e precisa de maior área plantada para produzir a mesma quantidade de sementes, mesmo em se tratando de linhagens bastante produtivas. Em síntese, gastam-se 200 milhões de dólares anuais a mais e tem-se um lucro líquido de quatro vezes este valor. Isto implica no adicional de cerca de 800 milhões de dólares anuais simplesmente pelo aproveitamento dos 5% de produtividade superior dos híbridos simples, pela melhor exploração da heterose.

No Brasil os ganhos, ainda, não chegam a ser tão expressivos como nos EUA. Para os segmentos com maior nível tecnológico, as vantagens tendem a ser acentuadas no futuro.

A cultura do milho no Brasil apresenta uma taxa de utilização de sementes de 90% (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE SEMENTES - ABRASEM, 2013). Isto indica que em apenas 10% da área plantada com milho são utilizadas sementes com baixo potencial de produção, como variedades não melhoradas e segunda geração de híbridos comerciais. Porém, mesmo com a ampla adoção de sementes certificadas e com elevado potencial genético, a produtividade média brasileira de milho chegou a de 5,0 t/há na safra 2012/2013 (CONAB, 2013). Esta baixa produtividade por hectare se deve ao fato de a maior parte da área plantada utilizar de sistemas de produção com baixo nível tecnológico. Mesmo com acesso às sementes de qualidade, os produtores ficam impossibilitados de se beneficiarem do potencial genético das sementes que utilizam. O problema torna-se maior à medida que se gasta cada vez mais com sementes mais caras, reduzindo o lucro líquido dos produtores.

Diferentemente do esperado, os programas de melhoramento de milho devem continuar seu processo que tanto beneficia os produtores com alto nível tecnológico e promovem com grande eficiência o progresso genético desta cultura no país. Como a política agrícola brasileira não visa subsidiar os produtores da mesma forma como ocorre nos países desenvolvidos, a diminuição dos custos com as sementes está entre as alternativas para promover o aumento da produtividade de milho no Brasil. Assim, espera-se que o capital economizado com sementes seja transferido para investimentos em tecnologia no sistema de produção, pelos pequenos produtores.

O milho híbrido tem sido bastante utilizado, também, na condução dos programas de melhoramento (COORS, 1999; RAPOSO; RAMALHO, 2004; REIS et al., 2009). Populações formadas com base em híbridos simples comerciais, para o emprego da seleção recorrente recíproca, têm-se destacado por apresentarem as vantagens de ampla adaptação e alto potencial produtivo. Aliados a isto, estes híbridos são altamente heterozigóticos, gerando populações

$S_0$  com ampla variabilidade genética. Deste modo, associam-se dois importantes aspectos para a escolha de uma população a ser melhorada, média alta e variabilidade genética. Além disso, este tipo de população é caracterizada por ser obtida, considerando um pequeno número de indivíduos, situação que contradiz a maioria dos estudos realizados, com seleção recorrente recíproca, onde as populações eram formadas por um grande número de genitores (compostos sintéticos e variedades).

## **2.2 Seleção recorrente**

A expressão seleção recorrente foi proposta por Hull (1945) para designar qualquer processo cíclico de melhoramento que envolva a obtenção de progênies, avaliação e recombinação das melhores. Nesse método de melhoramento, o objetivo é aumentar a frequência de alelos favoráveis, mantendo um nível satisfatório de variabilidade genética a cada ciclo, para que a população possa ser submetida a sucessivos ciclos de seleção, ou seja, para que o processo de melhoramento seja contínuo (HALLAUER, 1986). Como resultado, o que se espera é o aumento da média do caráter sob seleção (RAMALHO et al., 2012).

A seleção recorrente é bastante utilizada para caracteres controlados por muitos genes, como é o caso do caráter quantitativo produtividade. Ela inclui três fases: (i) desenvolvimento de progênies, (ii) avaliação de progênies, e (iii) recombinação de famílias ou progênies selecionadas. Embora a maioria dos métodos de seleção recorrente inclua essas três fases, elas podem variar quanto aos tipos de progênies avaliadas (ou seja, de irmãos completos, meios irmãos, etc); número de progênies avaliadas; número de famílias selecionado; controle parental e o tipo de progênies. É essa flexibilidade quanto aos métodos e parâmetros que levou à utilização de uma ampla gama de métodos de seleção

recorrente com uma igualmente ampla gama de respostas (WEYHRICH et al., 1998).

O sucesso do melhoramento com a seleção recorrente ocorre por meio de ciclos sucessivos de seleção (SOUZA JUNIOR, 2001). Assim, o acúmulo de alelos favoráveis a cada ciclo reflete na melhoria da expressão fenotípica do caráter sob seleção.

A seleção recorrente pode ser intrapopulacional, quando visa ao melhoramento da população *per se* ou interpopulacional, quando o objetivo é o melhoramento da heterose obtida pelo cruzamento de duas populações.

Na seleção recorrente intrapopulacional uma população é melhorada de forma independente, não sendo avaliado seu comportamento em cruzamentos com outras populações. Após cada ciclo de seleção, além da obtenção da população melhorada, é possível extrair linhagens endogâmicas melhoradas. Estas podem ser incluídas em outros programas de melhoramento paralelos para a obtenção de híbridos comerciais. Este método tem sido amplamente empregado em virtude de sua simplicidade e aplicabilidade para um grande número de caracteres (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

Dentre os métodos de seleção recorrente intrapopulacional, encontram-se a seleção massal, que se trata de uma seleção, com base no fenótipo dos indivíduos e a seleção com o uso de progênies, podendo estas ser de meios irmãos, irmãos completos ou de autofecundação ( $S_1$  ou  $S_2$ ). Os diversos métodos podem se diferenciar tanto quanto ao tipo de progênie utilizada na seleção quanto na recombinação dos genótipos superiores (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

A seleção recorrente interpopulacional, também conhecida como seleção recorrente recíproca, é um método proposto por Comstock, Robinson e Harvey (1949). Este método surgiu, baseando-se em hipóteses explicativas da heterose, ou seja, da sobredominância versus dominância, atuando nos diversos locos

(HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988), logo, visa aproveitar ao máximo o fenômeno da heterose nos híbridos. A seleção é feita sobre o cruzamento entre as duas populações, formando progênies de irmãos germanos ou meio irmãos. Neste caso o objetivo é explorar tanto a capacidade geral como a capacidade específica de combinação (HULL, 1945).

Pesquisadores compararam os métodos de seleção recorrente e constataram a eficiência de ambos no melhoramento de plantas (HELMS et al., 1989; MOLL; HANSON, 1984). Particularmente a seleção recorrente recíproca tem se mostrado efetiva no melhoramento dos cruzamentos interpopulacionais, porém não mostrou a mesma eficiência em se tratando do melhoramento das populações *per se*. A escolha da melhor estratégia seletiva depende de uma série de fatores, dentre eles, da estimativa de parâmetros genéticos. Estas estimativas encontram-se disponíveis para alguns caracteres na cultura do milho, destacando a produtividade de grãos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; RAPOSO; RAMALHO, 2004) e mostraram, juntamente com resultados seletivos, que a seleção recorrente interpopulacional é extremamente viável.

### **2.2.1 Seleção recorrente interpopulacional**

A seleção recorrente interpopulacional ou recíproca, sugerida por Comstock, Robinson e Harvey (1949), visa melhorar a geração  $F_1$  do cruzamento de duas populações, geralmente denominadas 1 e 2. Durante a condução desse processo seletivo, os genótipos das duas populações são avaliados em cruzamentos recíprocos, em que uma população é usada como testadora da outra. As progênies resultantes dos cruzamentos são avaliadas quanto as suas capacidades específicas e gerais de combinação para a seleção das melhores combinações. Os genótipos relacionados às melhores progênies são recombinados para gerar as populações melhoradas 1' e 2'. Assim, a

avaliação e seleção são feitas em nível interpopulacional, mas a recombinação é feita dentro de cada população, com o intuito de manter as suas identidades. Portanto, durante o processo são necessárias progênies interpopulacionais para a avaliação e genótipos intrapopulacionais para a recombinação (SOUZA JUNIOR, 2001).

Este processo seletivo é dirigido para programas de obtenção de híbridos uma vez que enfatiza o melhoramento do híbrido interpopulacional e não da população *per se*. O melhoramento do híbrido, conseqüentemente, depende do melhoramento das populações *per se* e da heterose do seu cruzamento.

Várias alterações no método original proposto por Comstock, Robinson e Harvey (1949) foram elaboradas, com o intuito de obter maiores ganhos esperados por tempo de duração dos ciclos ou aumentar a intensidade de seleção. Hallauer e Eberhart (1970) propuseram o uso de progênies de irmãos completos obtidos em plantas prolíficas. Este método é baseado em pares de plantas, o que torna necessário fazer um número muito grande de anotações e a perda de uma espiga autofecundada causa a perda do par do cruzamento, reduzindo a quantidade de material experimental a ser avaliado. Paterniani e Vencovsky (1977) propuseram o uso de *testcross* de meios irmãos na avaliação e de meios irmãos para recombinação, mas os ganhos com a seleção foram baixos e o método exige o plantio de progênies de meios irmãos intrapopulacionais e o despendoamento. Já o uso de plantas prolíficas, para a obtenção de meios irmãos (PATERNIANI; VENKOVSKY, 1978), é um processo em que as progênies podem ser obtidas de forma simples e existe a possibilidade de completar um ciclo por ano, porém os ganhos com a seleção, também, são baixos visto que o método, também, utiliza as progênies de meios irmãos na recombinação. É importante relatar que, apesar de refletir em baixo ganho com a seleção, os métodos que utilizam de meios irmãos para a recombinação apresentam a vantagem de manter o maior tamanho efetivo das populações, quando

comparado a outros esquemas, considerando a mesma intensidade de seleção (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Os esquemas que utilizam progênies de meios irmãos e irmãos germanos como unidade de seleção exploram a mesma quantidade de variância aditiva, quando são utilizadas progênies  $S_1$  na unidade de recombinação. Neste caso, o tamanho efetivo de cada unidade de recombinação é igual (Tabela 2). Comparativamente, o desvio fenotípico de médias de progênies é superior no caso de irmãos germanos, portanto, a resposta à seleção com o esquema de meios irmãos é superior (SOUZA JUNIOR, 1998). Contudo, quando se utilizam progênies de irmãos germanos, é necessária apenas a metade da área para avaliação requerida com progênies de meios irmãos. Assim, é possível avaliar o dobro de progênies, considerando a mesma área experimental, o que possibilita, ainda, que a intensidade de seleção seja duplicada. Assim, o esquema seletivo com progênies de irmãos germanos pode ser superior ao de progênies de meios irmãos (SOUZA JUNIOR, 2001).

Souza Júnior (1987) propôs um método de seleção recorrente recíproca baseado em progênies de meios irmãos obtidas, alternadamente, de plantas  $S_0$  e  $S_1$ , em que a obtenção e recombinação das progênies são realizadas ao mesmo tempo. Isso permite a conclusão de um ciclo de seleção por ano, caso seja possível realizar a recombinação no período de inverno.

Tabela 2 Unidades de seleção (US) e de recombinação (UR), quantidade de variância aditiva interpopulacional explorada ( $\sigma^2_{A21}$  e  $\sigma^2_{A12}$ ) e tamanhos efetivos ( $N_e$ ) de uma unidade de recombinação de quatro esquemas de seleção interpopulacional

Esquema	US	UR	$\sigma^2_{A12}$	$\sigma^2_{A21}$	$N_e$
MI	MI	$S_1$	1/4	1/4	1
IG	IG	$S_1$	1/4	1/4	1
MI Mod.	MI	MI	1/8	1/8	4
Teste crosses MI	TMI	MI	1/16	1/16	4

Adaptado de Souza Junior (2001)

É preciso enfatizar que o emprego da seleção recorrente recíproca em programas comerciais de melhoramento, apesar de auxiliar em problemas técnicos, envolve mais dificuldades do que simples questões práticas. Em diversas situações, os métodos de seleção interpopulacional têm elevado, significativamente, a resposta no híbrido e, em uma das populações, com resposta não satisfatória e até mesmo negativa na outra população (SOUZA JUNIOR, 1999). Este é um empecilho genético, uma vez que o desempenho das linhagens dependem diretamente do desempenho das populações do qual foram extraídas (BISON, 2001).

Com a finalidade de resolver este problema, foi proposto o método *testcross half-sib selection* (SOUZA JUNIOR, 1993). Este método consiste em utilizar a população com menor média como testadora de ambas as populações. Assim, são avaliadas progênies *testcross* (interpopulacionais) e progênies *half-sib* (meios irmãos intrapopulacionais). Comparações teóricas realizadas considerando a decomposição da variância genética aditiva interpopulacional em variância dos desvios aditivos intrapopulacionais por interpopulacionais demonstraram a maior eficiência do método em melhorar híbridos interpopulacionais e populações com menor frequência de alelos favoráveis. Porém, sua maior eficiência não foi constatada para populações com elevadas frequências de alelos favoráveis e para elevar a heterose.

Mesmo com a diversidade de métodos de seleção recorrente, dois objetivos continuam a ser comuns em todos os casos, o aumento do desempenho médio da população e a manutenção da variabilidade genética na população para possibilitar a seleção em longo prazo.

### **3 MATERIAIS E MÉTODOS**

#### **3.1 Genótipos avaliados**

Para a condução do programa de seleção recorrente recíproca foram utilizadas duas populações bases do V ciclo de seleção recorrente recíproca do Programa Genético de Melhoramento do Milho da Universidade Federal de Lavras.

Durante a avaliação das famílias de irmãos germanos, foram utilizados os híbridos P30F53, comercial da Pioneer, e GNZ9501, comercial da Geneze como testemunhas

#### **3.2 Obtenção e avaliação dos diferentes tipos de progênies**

Inicialmente, as sementes de cada família foram semeadas em linhas alternadas, e com espaçamento de 50 cm entre linhas, com o intuito de facilitar os cruzamentos específicos para a obtenção de progênies de irmãos germanos e favorecer a prolificidade das plantas, respectivamente.

A primeira espiga de cada planta da primeira família foi protegida e utilizada para realizar o cruzamento com pólen de uma planta da segunda família e vice-versa. Desta forma, foram obtidas as 119 progênies de irmãos germanos interpopulacionais, as quais foram submetidas à avaliação. A segunda espiga foi protegida e autofecundada para a obtenção das progênies  $S_1$ , que, posteriormente, foram utilizadas como unidades de recombinação (Figura 4).

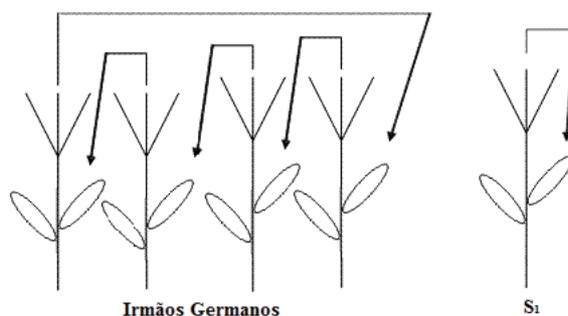


Figura 4 Modo de obtenção dos diferentes tipos de progênies

### 3.3 Manejo da cultura

Para todos os tipos de progênies foi realizada adubação equivalente a 550 Kg/há de fertilizante da fórmula 8-28-16+Zn de N-P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>-K<sub>2</sub>O na semeadura e, em cobertura, 200 kg/ha de sulfato de amônio, 25 dias após a emergência. Os demais tratos culturais foram os normalmente recomendados para a cultura na região.

### 3.4 Avaliação das progênies de irmãos germanos

As progênies de irmãos germanos interpopulacionais do quinto ciclo, foram avaliadas no Delineamento Experimental Látice Triplo 11x11 e em duas áreas experimentais, uma localizada em Lambari-MG e a outra em Lavras/UFLA-MG. As parcelas foram constituídas de duas linhas de três metros e com espaçamento de 60 centímetros entre plantas. No total, cada parcela totalizou 24 plantas após o desbaste.

Foi avaliado o caráter produtividade com base no peso de espigas despalhadas: produtividade total da parcela em quilogramas. Os dados referentes a este caráter foram corrigidos, para estande inicial de 24 plantas por parcela,

pelo método da covariância (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992), e umidade padrão de 13%, utilizando a seguinte expressão:

$$P_{13} = \frac{PC(100-U)}{87}$$

em que:

$P_{13}$ : peso de espigas despalhadas corrigido para a umidade padrão de 13%;

PC: peso de espigas da parcela;

U: umidade dos grãos na ocasião da pesagem das espigas, em porcentagem.

### 3.5 Análise dos dados

A análise dos dados foi realizada com o auxílio do programa computacional SAS v9.0, considerando o delineamento látice.

Inicialmente procedeu-se às análises de variância individuais por local, seguindo o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}, \text{ em que:}$$

$Y_{ijk}$ : valor observado na parcela que recebeu o tratamento  $i$ , no bloco  $k$ , dentro da repetição  $j$ ;

$\mu$ : efeito fixo da média geral;

$t_i$ : efeito aleatório do tratamento  $i$ ;

$r_j$ : efeito aleatório da repetição  $j$ ;

$b_{k(j)}$ : efeito aleatório do bloco  $k$  dentro da repetição  $j$ ;

$e_{ijk}$ : efeito aleatório do erro experimental, assumindo-se que os erros são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância  $\sigma^2$ .

Em seguida, procedeu-se à análise conjunta considerando que os erros experimentais são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância comum, seguindo o modelo estatístico:

$$Y_{ijkn} = \mu + t_i + r_{j(n)} + b_{k(jn)} + l_n + tl_{in} + e_{ijkn} \text{ em que:}$$

$Y_{ijkn}$ : valor observado na parcela que recebeu o tratamento  $i$ , no bloco  $k$ , dentro da repetição  $j$  e local  $n$ ;

$\mu$ : efeito fixo da média geral;

$t_i$ : efeito aleatório do tratamento  $i$ ;

$r_{j(n)}$ : efeito aleatório da repetição  $j$  dentro do local  $n$ ;

$b_{k(jn)}$ : efeito aleatório do bloco  $k$  dentro da repetição  $j$ , no local  $n$ ;

$l_n$ : efeito fixo do local  $n$ ;

$tl_{in}$ : efeito aleatório da interação do tratamento  $i$  no local  $n$ ;

$e_{ijkn}$ : efeito aleatório do erro experimental, assumindo-se que os erros são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância  $\sigma^2$ .

Foram estimados, também, os parâmetros genéticos e fenotípicos, bem como os componentes de variância, ganho com a seleção e o índice de coincidência.

### 3.6 Estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos

Considerando as esperanças dos quadrados médios, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância e alguns parâmetros genéticos e fenotípicos, pelos seguintes estimadores:

Variância genética entre progênes ( $\sigma^2_G$ ):

$$\sigma^2_G = (Q_1 - Q_2) / r.l$$

em que:

$Q_1$  é o quadrado médio da fonte de variação referentes às progênes;

$Q_2$  é o quadrado médio do erro.

$r$  é o número de repetições

$l$  é o número de locais

Variância fenotípica entre as médias de progênes ( $\sigma^2_F$ ):

$$\sigma^2_F = Q_1 / r.l$$

Posteriormente, estimou-se a herdabilidade entre médias de progênes no sentido amplo, como sugere Ramalho et al. (2012):

$$h^2_a = \sigma^2_G / \sigma^2_F = h^2_a = \frac{V_G}{V_F} = \frac{V_A + V_D}{V_A + V_D + V_E}$$

Os limites inferior ( $LI$ ) e superior ( $LS$ ) referentes à herdabilidade no sentido amplo ( $h^2_a$ ), também, foram estimados (KNAPP; STROUP; ROSS,

1985). Estas estimativas são importantes para fazer inferências sobre o erro associado à estimativa da herdabilidade.

$$LI = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{Q_1}{Q_2} \right) F_{1-\alpha/2} (GL_{Erro}; GL_{Progenie}) \right]^{-1} \right\}$$

$$LS = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{Q_1}{Q_2} \right) F_{\alpha/2} (GL_{Erro}; GL_{Progenie}) \right]^{-1} \right\}$$

em que o valor tabelado de F é determinado pelo coeficiente de confiança (1- $\alpha/2$ ) e ( $\alpha/2$ ), respectivamente.

### 3.7 Estimativa do ganho com a seleção

Foram obtidas as estimativas do ganho esperado após a seleção no híbrido interpopulacional.

O estimador utilizado no cálculo do ganho de seleção foi:

$$GS = ds \cdot h^2$$

em que:

$ds$ : diferencial de seleção, obtido pela média selecionada subtraída da média observada ( $M_s - M_o$ ). No cálculo, foi considerada intensidade de seleção de 10%.

$h^2$  = herdabilidade

### 3.8 Índice de coincidência

O índice de coincidência foi estimado, com base nos locais (UFLAx Lambari) e na conjunta (ConjuntaxUFLAxLambari), pelo estimador proposto por Hamblin e Zimmermann (1986):

$$ES = \frac{A - C}{B - C} \times 100$$

em que:

A = número de plantas selecionadas que foram coincidentes em cada caso, considerando intensidade de seleção (I) de 10%.

B = número de plantas selecionadas (12)

C = refere-se a 5% do valor de B.

### 3.9 Resposta Correlacionada

Foi realizada uma análise correlacionada, para os dois ambientes, a fim de inferir sobre a possibilidade de utilizar um único ambiente para melhorar cultivares para os dois locais simultaneamente. Isso resultaria em facilidade de transporte, avaliação e pouparia mão-de-obra no programa. Para isso, a seleção foi realizada no ambiente 1 e o ganho foi estimado no ambiente 2, considerando as mesmas progênies selecionadas e vice versa. Utilizou-se o índice de seleção de 10% para a obtenção das estimativas.

#### 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de variância, considerando o ambiente Lavras/UFLA (Tabela 3), observa-se a ocorrência de diferenças significativas entre os tratamentos quanto ao caráter produtividade ( $P < 0,01$ ). Quando decomposta a soma de quadrados do efeito dos tratamentos, houve, também, diferenças significativas entre as médias das progênies e testemunhas, evidenciando a existência de variabilidade genética entre as progênies e indicam, ainda, que as testemunhas diferem entre si quanto à produtividade em Lavras. Considerando o contraste (Progxtest), não foi observada resposta significativa. Isto mostra o potencial das progênies interpopulacionais avaliadas em comparação com as testemunhas comerciais.

Tabela 3 Resumo das análises de variância para o caráter produtividade de plantas (Kg/parcela), Lavras-MG/UFLA

F.V	G.L.	Q.M.
Repetição	2	0,04195 <sup>NS</sup>
Bloco(rep)	30	2,57067**
Tratamentos	120	1,39991**
Progênies	118	1,40419**
Testemunha	1	2,23861**
Prog vs test	1	0,05521 <sup>NS</sup>
Erro médio	210	0,56396
Ef. do látice (%)	132,44	
Média	4,534848	
CV (%)	16,6	
Acurácia	0,77	

\*, \*\* teste de F significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Resultados semelhantes foram encontrados para a análise de variância em Lambari (Tabela 4). Os tratamentos diferiram, significativamente ( $P < 0,01$ ), bem como as progênies e as testemunhas. O contraste (Progxtest) foi

significativo, logo, as testemunhas foram, significativamente, diferentes das progênies em Lambari. A significância deste contraste, juntamente com a comparação entre as médias das progênies e testemunhas, indicam que as progênies foram superiores às testemunhas.

Tabela 4 Resumo das análises de variância do caráter produtividade de plantas (Kg/parcela), Lambari-MG

F.V	G.L.	Q.M.
Repetição	2	0,42071**
Bloco(rep)	30	0,69834**
Tratamentos	120	1,04159**
Progênies	118	0,95500**
Testemunhas	1	12,1099**
Prog vs test	1	0,18930**
Erro médio	210	0.24617
Ef. do látice (%)	112,71	
Média	3.611708	
CV (%)	13.7	
Acurácia	0,86	

\*, \*\* teste de F significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

De acordo com os resultados da análise conjunta (Tabela 5), foi observada diferença significativa ( $p < 0,01$ ) no desempenho médio dos tratamentos, considerando os dois locais, para o caráter produtividade. O teste F, também, mostrou a presença de variabilidade entre os locais, o que indica que eles diferiram entre si. De modo análogo, foi detectada diferença significativa entre as testemunhas, o que indica que as mesmas apresentaram reações distintas, quanto ao caráter produtividade, em Lavras e Lambari. A decomposição da soma de quadrados entre progênies foi significativa e demonstrou a existência de variabilidade, fato que é importante, pois um dos princípios básicos da seleção recorrente é a manutenção da variabilidade genética, ao longo dos ciclos de seleção (HALLAUER, 1986).

Tabela 5 Resumo da análise conjunta para o caráter produtividade (Kg/parcela), com base nas médias ajustadas, para os locais Lavras e Lambari

F.V	G.L.	Q.M.
Local	1	9,9040 **
Repetição(local)	4	0,2313 <sup>NS</sup>
Bloco(local x rep)	60	1,6345**
Tratamento	120	1,8825**
Progênes	118	1,8076**
Entre test	1	12,3818**
Test vs prog	1	0,2245 <sup>NS</sup>
Local x trat	120	0,6469**
Local x prog	118	0,5393**
Test vs local	1	1,9685*
Test vs prog(local)	1	0,0200 <sup>NS</sup>
Erro médio	420	0,4050
Média	4,0733	
CV(%)	15,62	
Acurácia	0,8	

\*, \*\* teste de F significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

O contraste entre progênes e testemunhas foi não significativo, indicando que não houve diferenças significativas entre as médias das progênes e das testemunhas na média dos dois locais. Considerando que as testemunhas correspondem a híbridos comerciais, como o P30F53, híbrido atualmente mais vendido no mundo, pode-se inferir que as progênes aqui avaliadas possuem potencial para competir no mercado de híbridos de milho.

Comparando as médias das progênes com as médias das testemunhas, observa-se que 72% das progênes em Lavras e 83% das progênes em Lambari foram superiores ao híbrido P30F53. Respectivamente, comparando com a testemunha GNZ9501, estes valores foram 96% para Lavras e 95% para Lambari. Em relação aos dois ambientes, 77% das progênes superaram a média da melhor testemunha.

Houve, ainda, diferença significativa ( $p < 0,01$ ) no desempenho médio dos tratamentos, entre os locais, para o caráter produtividade. A decomposição da soma de quadrados da interação em (Progxlocal) mostra que as progênies não apresentaram comportamento coincidente nos dois locais. O mesmo foi observado para a interação (testxlocal), onde as testemunhas apresentaram comportamento diferenciado entre os dois ambientes com 95% de confiança pelo teste F. O contraste foi não significativo, logo, as progênies e testemunhas, entre os locais, foram equivalentes em termos de produtividade Kg/parcela.

Com o objetivo de estimar a precisão experimental, foram obtidos os valores do coeficiente de variação (CV%) e da acurácia. Os coeficientes de variação, calculados para UFLA e Lambari, encontraram-se entre 10 e 20%, o que, segundo Gomes (1990), indica que o experimento obteve uma precisão experimental relativamente boa. Segundo Scapim, Carvalho e Cruz (1995), para a cultura do milho, as estimativas indicam uma precisão experimental média, uma vez que, neste experimento, foi realizada a medida de peso de espigas. Os valores aqui encontrados são semelhantes aos relatados na literatura para experimentos com a cultura do milho (GONÇALVES et al., 1999; PALOMINO; RAMALHO; FERREIRA, 2000; RAPOSO, 2002; REIS et al., 2009; SCAPIN et al., 1995; SOUZA JÚNIOR; PINTO, 2000; SOUZA SOBRINHO; RAMALHO; SOUZA, 2002).

O coeficiente de variação é um parâmetro que sofre influência da média, uma vez que é a medida do erro experimental em relação a média. Diante desta observação, é preciso levar em conta que a média observada em Lavras foi superior à média observada em Lambari. Logo, não é recomendado utilizar apenas as estimativas do CV(%) para fazer inferências sobre a precisão experimental.

A acurácia ( $r_{gg}$ ), também, foi calculada, visto que é a medida de precisão experimental mais recomendada quando se avaliam progênies e/ou cultivares

(RESENDE, 2007; RESENDE; DUARTE, 2007). Os valores obtidos encontram-se acima de 77% (Tabelas 4, 5 e 6), o que indica que, além da boa precisão experimental, a variação genética foi significativa, tendo em vista que este parâmetro avalia, também, a variação genética e ambiental simultaneamente.

A precisão experimental obtida permitiu a detecção de diferenças significativas quanto ao caráter produtividade. Isto, a princípio, evidencia o que era esperado, ampla variação em populações derivadas de híbridos simples comerciais, confirmando o fato de estes materiais possuírem grande número de locos em heterozigose (RAPOSO, 2002).

Inicialmente, é importante ressaltar que, para a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos confiáveis, a precisão com que os experimentos são conduzidos é de fundamental importância. Entre os fatores que afetam a precisão experimental, a escolha do delineamento apropriado deve receber atenção (VENKOVSKY; BARRIGA, 1992). Neste trabalho, foi feita a opção pelo delineamento látice. Assim, com o cálculo da eficiência do látice em relação ao delineamento em blocos casualizados, observou-se que este delineamento foi corretamente empregado.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, também, podem levar a conclusões a respeito da variabilidade genética entre as progênies (Tabela 6). As estimativas das variâncias genéticas entre progênies ( $\sigma^2_G$ ) foram altas e com valores do limite inferior sempre positivos, possibilitando inferir, com 95% de confiança, que estes componentes são diferentes de zero.

Tabela 6 Estimativas da herdabilidade ( $h^2$ ) na média das progênes quanto à produtividade (%); limites inferiores e superiores para intervalos de confiança; ganho com a seleção (GS); variância genética ( $\sigma^2_G$ ) e variância fenotípica ( $\sigma^2_F$ )

	$h^2$	LI <sup>(1)</sup>	LS <sup>(1)</sup>	GS	$\sigma^2_G$	$\sigma^2_F$
UFLA	59,8	44,28	70,63	16	0,28	0,47
Lambari	74,2	64,23	81,15	24	0,24	0,32
Conjunta	64,2	51,60	72,89	15	0,19	0,30

<sup>(1)</sup> LI e LS: limites inferiores e superiores dos intervalos de confiança a 5% de probabilidade (%);

<sup>(2)</sup> GS: valores apresentados em porcentagem (%) e obtidos considerando o índice de seleção (i) de 10%;

A comparação de estimativas de variância genética entre progênes com dados obtidos em outros experimentos é dificultada, sobretudo, pela unidade de medida utilizada. Na maioria dos casos os dados são obtidos sobre o peso de grãos, e não sobre o peso de espigas despalhadas, como foi feito no presente trabalho. Comparativamente com os resultados obtidos por Raposo (2002), é possível constatar que os valores das variâncias genéticas e fenotípicas aqui obtidos foram superiores. Estes valores apresentam-se, ainda, com magnitude semelhante aos observados na literatura (ALVES, 2002; AMORIM; SOUZA, 2005; FREITAS JÚNIOR, 2008; GABRIEL, 2006; RANGEL et al., 2011; SOUZA JUNIOR et al., 1993). Nestes experimentos, tanto as estimativas da variância fenotípica como as estimativas da variância genética para as características avaliadas revelaram valores altos. Assim, há possibilidade de identificar progênes ou genótipos superiores para as características avaliadas, sobretudo, quanto a rendimento de grãos.

As estimativas da herdabilidade para produtividade foram obtidas para cada local e para os dois locais conjuntamente. Os limites inferiores dos intervalos de confiança foram, em todos os casos, positivos e indicaram com

95% de probabilidade que os valores das herdabilidades são diferentes de zero. Deve ser mencionado que a herdabilidade estimada é no sentido amplo, uma vez que, para este experimento, não foi possível isolar as variâncias aditivas.

Os valores obtidos para a herdabilidade foram semelhantes aos encontrados na literatura (AMORIM; SOUZA, 2005; CUNHA et al., 2012; GABRIEL, 2006, 2009; RAPOSO; RAMALHO, 2004; TARDIN et al., 2007). Outros resultados semelhantes foram encontrados por Andrade (1995) na avaliação de híbridos S<sub>1</sub> das populações ESALQ-PB1 e SUWAN e por Araújo (2000) avaliando híbridos S<sub>2</sub> das populações BR-106 e IAPAR-26.

A herdabilidade é um parâmetro influenciado pela variância genética. Assim, dentre os componentes genéticos, a herdabilidade tem função primordial por prever o valor genotípico com base na informação fenotípica (FALCONER, 1987). Assim, pode-se saber se as diferenças detectadas são de natureza genética e se a seleção proporcionará ganhos no programa de melhoramento. Nesse sentido, elevados valores de herdabilidade são aliados importantes na seleção dos melhores híbridos e combinações, para o avanço dos ciclos de seleção recorrente recíproca.

Diante dos valores observados neste experimento, constata-se grande possibilidade de identificação de genótipos superiores, para o caráter de maior interesse, produtividade, por apresentarem ampla variância genética e valores elevados de herdabilidade, com percentuais de 59,8% à 74,2% . Para este caráter, métodos simples de seleção seriam suficientes para obter ganhos satisfatórios. Estes resultados estão em concordância com os obtidos por Santos et al. (2007), que trabalhou no terceiro ciclo de seleção recorrente com famílias de meios irmãos.

Linares (1987), trabalhando com seleção recorrente em milho pipoca e com progênes de meios irmãos, obteve herdabilidade variando de 7,49% a 15,72%. Daros, Amaral Junior e Pereira (2002) obtiveram valor de

herdabilidade, para rendimento de grãos de 57,48%, em famílias de irmãos completos na população UNB-2U, no primeiro ciclo de seleção recorrente recíproca. No segundo ciclo, com famílias endogâmicas, Daros et al. (2004) obtiveram valor de herdabilidade de 64,56%, também, para rendimento de grãos.

O aumento da magnitude das estimativas de herdabilidade na sequência dos ciclos é um indicativo do acúmulo de alelos favoráveis na população, mostrando que a seleção recorrente é um método eficiente de melhoramento. Além disso, pode-se dizer que a utilização de populações derivadas de híbridos simples de milho é favorável à seleção, visto que associam média alta e variabilidade genética suficientes para obtenção de progressos adicionais com a seleção e obtenção de híbridos superiores.

As estimativas do ganho com a seleção, para intensidade de seleção 10%, estão apresentadas na Tabela 6. Verifica-se que, apesar da média geral de produtividade ter sido bastante superior no ambiente Lavras/UFLA, considerando as mesmas progênies, os ganhos obtidos para este local foram inferiores ao de Lambari. Isto pode inferir que o experimento, em Lambari, foi mais eficiente em distinguir as melhores progênies das piores.

A comparação entre estimativas de ganho de seleção nem sempre são muito fáceis, pois existem diferenças quanto à precisão experimental das avaliações e quanto à intensidade de seleção utilizada. Contudo, alguma inferência a respeito pode ser formulada. Na literatura, existem relatos de ganho realizado com a seleção recorrente recíproca em longo prazo, com mais de oito ciclos seletivos. Nesses casos, o ganho médio é de, aproximadamente 5,0%, (HALLAUER, 1999; MENZ; HALAUER, 1997; RADEMACHER; HALLAUER; RUSSELL, 1999), portanto, inferior ao relatado no presente trabalho. Esses resultados evidenciam que é possível ter progressos substanciais com a seleção nas populações híbridas derivadas de dois híbridos simples comerciais. Raposo e Ramalho (2004) relatam ganho realizado de 5,2%, após

um ciclo de seleção recorrente recíproca, confirmando a tendência de sucesso já prevista com a utilização desta estratégia.

Nos últimos anos tem sido muito comum a aplicação de marcadores moleculares para fazer o avanço de ciclos de seleção recorrente recíproca (BERILLI et al., 2011; CUNHA et al., 2012; GABRIEL, 2006, 2009; TARDIN, 2006; TARDIN et al., 2003). Em comparação a estes experimentos, o ganho aqui estimado, também, foi relativamente superior, desconsiderando as intensidades de seleção utilizadas, que variaram entre as pesquisas citadas.

Com os resultados obtidos com a resposta correlacionada, constatou-se uma redução significativa no ganho com a seleção. Quando a seleção foi realizada na UFLA e o ganho estimado em Lambari (Figura 5), obteve-se um valor de 9,6% comparado a 24% de ganho quando ambos foram realizados apenas em Lambari. Para a seleção em Lambari e estimativa do ganho na UFLA (Figura 6), os resultados, também, refletiram na redução do ganho com a seleção, obtendo um ganho de 8,4% comparado a 16% que seria obtido normalmente. Estes dados são, ainda, reafirmados quando se observa a tabela com as melhores médias em cada local (Tabela 7). As melhores progênies em Lavras não correspondem exatamente às melhores progênies em Lambari quanto à produtividade média em Kg/parcela.

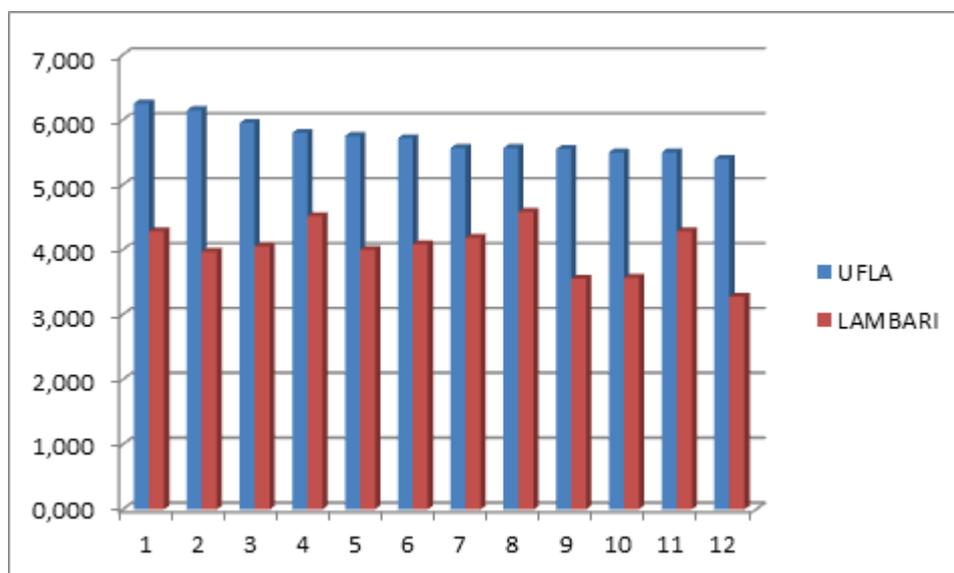


Figura 5 Comparação entre as médias das progênes selecionadas em Lavras/UFLA com suas respectivas produtividades médias obtidas em Lambari

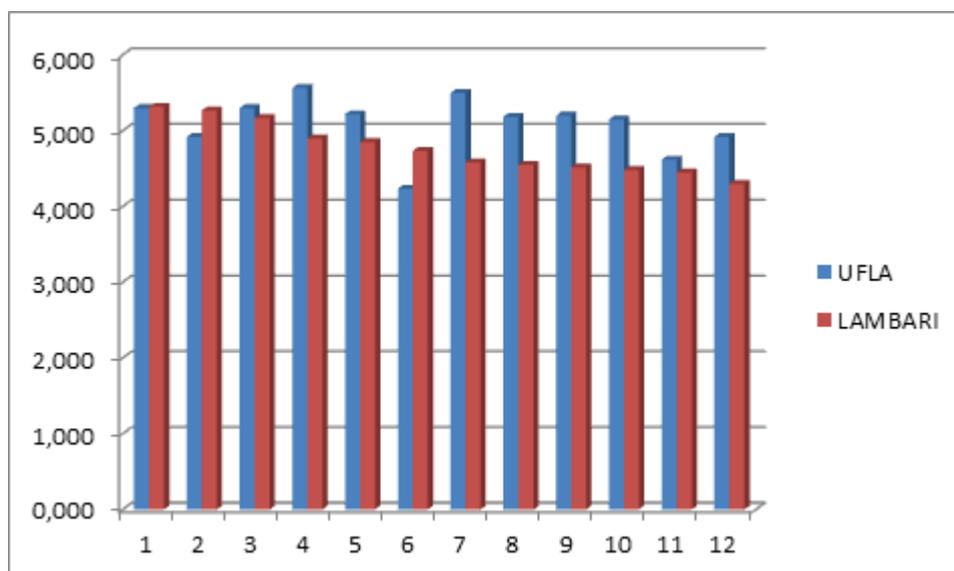


Figura 6 Comparação entre as médias das progênes selecionadas em Lambari com suas respectivas produtividades médias obtidas na UFLA

Tabela 7 Melhores médias observadas em cada local (Kg/parcela)

Progênes	Médias Lavras/UFLA	Progênes	Médias Lambari
61	6,250	31	5,317
38	6,150	17	5,267
107	5,950	4	5,167
51	5,800	120	4,900
48	5,750	59	4,850
113	5,717	54	4,733
37	5,567	64	4,583
45	5,567	115	4,550
9	5,550	45	4,517
64	5,500	112	4,483
108	5,500	84	4,450
7	5,400	14	4,300
Test 1	4,200	Test 1	3,117
Test 2	2,950	Test 2	2,567

Nota: As progênes destacadas acima são equivalentes às 12 melhores, selecionadas com intensidade de seleção de 10%.

Outro dado referente à coincidência do desempenho produtivo das progênes nos dois ambientes é o índice de coincidência, obtido considerando os dois locais (Lavras/UFLA x Lambari) e considerando, também, a análise conjunta ((Conjunta x Lavras/UFLA)x (Conjunta x Lambari)) (Tabela 8). Como pode ser observado, considerando a intensidade de seleção de 10%, a coincidência entre os dois locais foi muito baixa, e, quando considerada a conjunta, foi, ainda, inferior. Com a intensidade de seleção de 20%, a coincidência aumenta, mas ainda é muito baixa em relação à análise conjunta. Estes baixos índices de coincidência mostram o porquê da redução no ganho experimental quando a seleção é realizada em um ambiente e o ganho estimado em outro.

Tabela 8 Índices de coincidência considerando a intensidade de seleção de 10% e 20%

	Índice de coincidência (10%)	Índice de coincidência (20%)
UFLA vs Lamb	16,67%	54%
(Conj vs UFLA)		
(Conj vs Lamb)	8,33%	12,5%
(UFLA vs Lambari)		

Constata-se, portanto, que as progênies, na maioria dos casos, não mantêm o mesmo comportamento fenotípico nos dois ambientes, indicando que os melhores genótipos, em um determinado lugar, podem não ser os melhores em outra localidade. No entanto, a diferença entre os ambientes avaliados não exclui a possibilidade de implementação de um único programa de melhoramento para os dois locais, uma vez que, de acordo com Santos et al. (2005), o mais importante para a seleção é a expressão das médias fenotípicas das cultivares em ambos os ambientes. Nesse contexto, é possível obter ganhos, usando, principalmente, o potencial de índices de seleção (CUNHA et al., 2012).

Com estes resultados, fica claro que praticar a seleção em apenas um ambiente, seja ele Lavras ou Lambari, leva a perdas significativas no ganho com a seleção. Logo, a estratégia mais indicada é realizar a seleção na média dos dois locais, com base nos resultados da análise conjunta.

Como pode ser observado no gráfico de dispersão (Figura 7), houve progênies com bom desempenho, tanto no ambiente de Lavras como no de Lambari.

A média de todas as progênes nos dois locais foi 4,1 kg/parcela, sendo as médias por local iguais a 4,54 Kg/parcela e 3,61 Kg/parcela para Lavras/UFLA e Lambari, respectivamente.

Os destaques em produtividade, simultaneamente para os dois locais, (quadrante I) foram as progênes 4, 31 e 61, que apresentaram valores de produtividade, respectivamente de 5,234 Kg/parcela, 5,309 Kg/parcela e 5,217 Kg/parcela.

As progênes 38, 61, 107 destacaram-se quando avaliadas em Lavras/UFLA . As médias referentes a cada uma delas encontram-se na Tabela 8. Em contrapartida, as mesmas progênes apresentaram rendimento intermediário em Lambari, assumindo valores médios de 4,05 kg/parcela, 4,183 Kg/parcela e 3,55Kg/parcela. Como a produtividade das mesmas em Lambari não foi inferior à média, elas se mantiveram no quadrante I.

Diferentemente, as progênes com maior produtividade kg/parcela em Lambari foram 4, 17 e 31, como mostrado na tabela 8.

Houve progênes com desempenho inferior ao das médias das testemunhas. As parcelas que receberam os indivíduos 6, 18, 78, 80, 97, 98 e 99 obtiveram média inferior a 3Kg/parcela e o tratamento 6 apresentou produtividade de 1,53 kg/parcela em Lambari (quadrante IV).

Foram observados, também, dados bastante discrepantes entre os dois locais. A progêne 82, em Lavras/UFLA, apresentou produtividade média de 5,1 kg/parcela, enquanto em Lambari produziu apenas 2,85 kg/parcela (quadrante II). Diferentemente do esperado, uma vez que a maioria das médias de produtividade foram maiores para Lavras, as progênes 27, 59 e 17 apresentaram desempenho, significativamente, superior em Lambari (quadrante III).

A testemunha GNZ9501 não apresentou uma boa produtividade média, mantendo valores em torno de 2,76 Kg/parcela para os dois locais. Já o híbrido

P30F53 apresentou média de 3,66 kg/parcela nos dois locais mostrando-se, ainda, superior em Lavras, com média de 4,2kg/parcela.

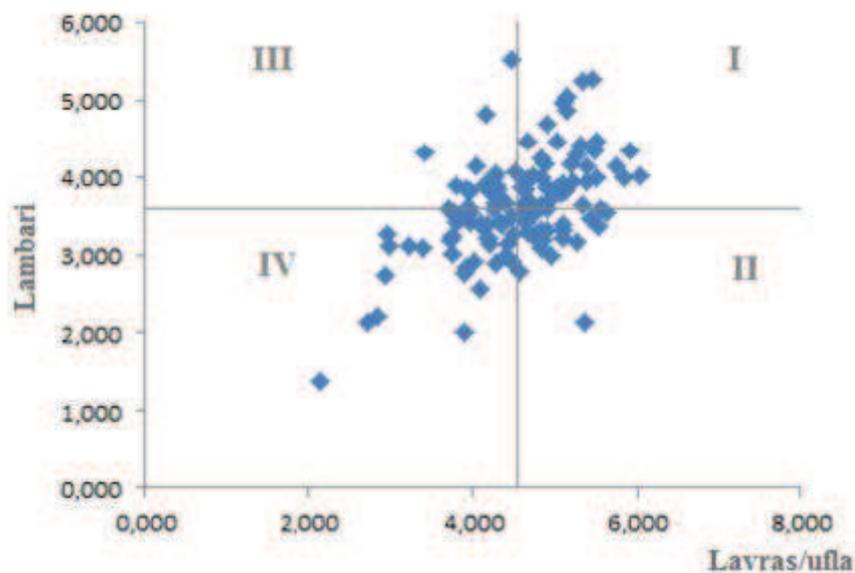


Figura 7 Gráfico de dispersão com base nas médias das progênies e testemunhas

A existência de variação entre os diferentes tipos de progênies interpopulacionais pode ser constatada pela amplitude das médias apresentadas. Isto mostra, como já comentado, o potencial para a utilização destas populações na seleção recorrente recíproca. E mais ainda, a capacidade de se obter combinações superiores aos genitores que originaram as populações  $S_0$ .

Considerando as duas testemunhas, cuja média foi 3,2 Kg/parcela, tem-se 93% das progênies com desempenho médio superior. Em termos de média propriamente dita, a melhor progênie, com média 5,2 Kg/parcela nos dois locais, apresentou desempenho 39% superior à média das duas testemunhas. Estes resultados evidenciam o potencial do programa de seleção recorrente recíproca

da Universidade federal de Lavras em obter híbridos superiores aos presentes no mercado. É, também, um reflexo da escolha adequada das populações 1 e 2, que apresentaram boa complementariedade com base nos resultados.

Segundo Paterniani (1990), a variabilidade genética, o método de seleção empregado, o tamanho da população e a influência do ambiente são fatores que interferem na taxa de elevação das frequências de alelos favoráveis como efeito da seleção. O aumento nas frequências de alelos favoráveis e a melhoria dos híbridos entre as populações a cada ciclo de seleção recorrente recíproca, trazem como consequência o incremento da média para diversas características (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Neste contexto, a implementação do quinto ciclo de seleção recorrente recíproca entre famílias de irmãos completos resultou em êxito ao manter a variabilidade genética e incrementar de forma favorável a média da produtividade dos híbridos (AMARAL JUNIOR et al., 2010; DAROS et al., 2004; FREITAS JUNIOR et al., 2009; SANTOS et al., 2007).

## 5 CONCLUSÕES

- a) Existe variabilidade suficiente para avançar o programa de seleção recorrente recíproca.
- b) Foi possível melhorar a média dos híbridos interpopulacionais quanto ao caráter produtividade.
- c) Comparativamente com as médias apresentadas pelas testemunhas, neste experimento, conclui-se que os híbridos avaliados apresentam potencial para serem explorados comercialmente.

## REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: E. Blucher, 1971. 381 p.
- ALVES, G. F. **Alterações nas propriedades genéticas de uma população submetida a seleção massal para prolificidade**. 2002. 69 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.
- AMARAL JÚNIOR, A. T. et al. Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 1, p. 340-347, 2010.
- AMORIM, E. P.; SOUZA, J. C. de. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S<sub>0</sub> de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 3, p. 561-567, 2005.
- ANDRADE, J. A. da C. **Dialélico parcial circulante interpopulacional em milho (*Zea mays* L.) com dois níveis de endogamia dos parentais**. 1995. 134 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1995.
- ARAÚJO, J. S. de. **Ganhos genéticos obtidos em híbridos e variedades de milho representativos de três décadas de melhoramento no Brasil**. 1995. 64 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1995.
- ARAÚJO, P. M. **Dialelo parcial circulante interpopulacional e cruzamentos “topcrosses” na avaliação de linhagens parcialmente endogâmicas de milho (*Zea mays* L.)**. 2000. 170 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2000.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE SEMENTES. **Anuário 2013**. Disponível em: <<http://www.abrasem.com.br/wp-content/uploads/2013/09/AnuarioAbrasem2013.pdf>>. Acesso em: 17 out. 2013.
- BECKER, H. C.; LÉON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, n. 1, p. 1-23, Jan./Feb. 1988.

- BISON, O. **Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens**. 2001. 62 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2001.
- CARVALHO, H. W. L. et al. Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho em diferentes condições ambientais do nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, n. 2, p. 58-92, maio/ago. 2002.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos, safra 2012/2013**. Brasília, 2013. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13\\_08\\_09\\_10\\_43\\_44\\_boletim\\_portuges\\_agosto\\_2013\\_port.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_08_09_10_43_44_boletim_portuges_agosto_2013_port.pdf)>. Acesso em: 30 nov. 2013.
- COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, Madison, v. 41, n. 8, p. 360-367, Aug. 1949.
- COORS, J. G. Selection methodologies and heterosis. In: COORS, J. G.; PANDEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. p. 524.
- CRUZ, J. C. et al. **Cultivo do milho**. 8. ed. Sete Lagoas: EMBRAPA Milho e Sorgo, 2012. Disponível em: <[http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho\\_8ed/cultivares.htm](http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho_8ed/cultivares.htm)>. Acesso em: 24 out. 2013.
- CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. Hora da escolha. **Cultivar: Grandes Culturas**, Pelotas, v. 7, n. 77, p. 4-11, set. 2005.
- CUNHA, K. S. et al. Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 3, p. 3398-3408, 2012.
- DAROS, M.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Genetic gain for grains yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 3, p. 339-344, 2002.
- DAROS, M. et al. Recurrent selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 6, p. 609-614, Nov./Dec. 2004.

DUVICK, D. N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 86, n. 1, p. 84-138, Jan./Dec. 2005.

DUVICK, D. N. Maize breeding: past, present and future. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 20., 1994, Goiânia. **Anais...** Goiânia: EMBRAPA, 1994. p. 1-19.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Sistema de produção 1**. 8. ed. Sete Lagoas, 2012. Disponível em: <[http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho\\_8ed/mercado.htm](http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho_8ed/mercado.htm)>. Acesso em: 10 dez. 2013.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279 p.

FERNANDER, F. T.; FRAZON, J. F. Third years of genetic progress in maize (*Zea mays* L.) in a tropical environment. **Maydica**, Bergamo, v. 42, n. 1, p. 21-27, 1997.

FREITAS JÚNIOR, S. P. F. et al. Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, p. 1-7, 2009.

FREITAS JÚNIOR, S. P. F. **Seleção recorrente entre famílias de irmãos completos em geração avançada da população UNB-2U de milho pipoca**. 2008. 108 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos do Goytacazes, 2008.

GABRIEL, A. P. C. **Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays* L.) assistida por marcadores moleculares**. 2006. 107 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2006.

GABRIEL, A. C. P. **Seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho comum (*Zea mays* L.) monitorada por marcadores moleculares: avanço de gerações e avaliação de progresso genético**. 2009. 103 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2009.

- GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468 p.
- GONÇALVES, F. M. A. et al. Importância das interações cultivares x local e cultivares x ano na avaliação de milho na safrinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 7, p. 1175-1181, jul. 1999.
- GUILLEN-PORTAL, F. R. et al. Best types of maize hybrids for western high plans of the USA. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 6, p. 2065-2070, Nov./Dec. 2003.
- HALLAUER, A. R. Compediun of recurrent selection methods and their applications. **CRC Review in Plant Science**, Boca Raton, v. 3, p. 1-33, 1986.
- HALLAUER, A. R. Methods used in development of inbreed lines. **Maydica**, Bergamo, v. 35, n. 1, p. 1-16, Jan./Feb. 1990.
- HALLAUER, A. R. Recurrent selection in maize. In: JANICK, J. (Ed.). **Plant breeding reviews**. New York: Wiley, 1992. p. 115-179.
- HALLAUER, A. R. Temperate maize and heterosis. In: COORS, J. G.; PANDEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: ASA, 1999. p. 353-361.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetic in maize breeding**. 3<sup>rd</sup> ed. Ames: Iowa State University, 2010. 664 p. (Handbook of Plant Breeding, 6).
- HALLAUER, A. R.; EBERHART, S. A. Reciprocal full-sib selection. **Crop Science**, Madison, v. 10, n. 3, p. 315-316, May/June 1970.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2<sup>nd</sup> ed. Ames: Iowa State University, 1988. 468 p.
- HAMBLIN, J.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Breeding common bean for yield in mixtures. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 4, p. 245-272, 1986.
- HELMS, T. C. et al. Genetic drift and selection evaluated from selection programs in maize. **Crop Science**, Madison, v. 29, n. 23, p. 602-607, 1989.

HULL, F. H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Washington, v. 37, n. 2, p. 134-145, Feb. 1945.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, p. 192-194, Jan. 1985.

LINARES, E. **Seleção recorrente recíproca em famílias de meio-irmãos em milho pipoca (*Zea mays* L.)**. 1987. 78 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1987.

MACHADO, J. C. et al. Estabilidade de produção de híbridos simples e duplos de milho oriundos de um mesmo conjunto gênico. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 3, p. 627-631, jul./dez. 2008.

MENZ, M. A.; HALAUER, W. A. R. **Comparative response to selection of two reciprocal recurrent selection procedures BS21 and BS22 maize populations**. Ames: Iowa State University, 1997. 354 p.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: . **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 275-340.

MOLL, R. H.; HANSON, W. D. Comparisons of effects of intrapopulation vs. interpopulation selection in maize. **Crop Science**, Madison, v. 24, n. 6, p. 1047-1052, Nov./Dec. 1984.

PALOMINO, E. C.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Tamanho da amostra para avaliação de populações de meios-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 7, p. 1433-1439, jul. 2000.

PATERNIANI, E. **Estudos recentes sobre heterose**. Campinas: Fundação Cargill, 1974. 35 p. (Boletim Técnico, 1).

PATERNIANI, E. Maize breeding in the tropics. **Critical Reviews in Plant Science**, Boca Raton, v. 9, n. 2, p. 125-154, Mar./Apr. 1990.

PATERNIANI, E.; VENCOSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v. 23, n. 4, p. 209-219, Oct./Dec. 1978.

PATERNIANI, E.; VENCOVSKY, R. Reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.) based on testcross of half-sib families. **Maydica**, Bergamo, v. 22, n. 2, p. 141-152, Apr./June 1977.

PEIXOTO, C. de M. **Sementes e mudas**: a evolução da produtividade no milho no Brasil. Disponível em: <<http://www.diadecampo.com.br/zpublisher/materias/Materia.asp?id=24396&secao=Sementes%20e%20Mudas>>. Acesso em: 24 out. 2013.

PIXLEY, K. V. Hybrid and open-pollinated cultivars in modern agriculture. In: LAMKEY, K.; LEE, M. (Ed.). **Proceedings of the Arnel R. Hallauer international symposium on plant breeding**. Ames: Blackwell Professional, 2006. p. 234-250.

RADEMACHER, M. A. M.; HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A. Comparative response of two reciprocal recurrent selection methods in BS21 and BS22 maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 1, p. 89-97, Jan./Feb. 1999.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RANGEL, M. R. et al. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p. 473-481, abr./jun. 2011.

RAPOSO, F. V. **Seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho**. 2002. 106 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P. Componentes de variância genética de populações derivadas de híbridos simples de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 3, p. 402-413, set./dez. 2004.

REIS, M. C. dos et al. Progresso genético com a seleção recorrente recíproca para híbridos interpopulacionais de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1667-1672, dez. 2009.

RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e melhoramento genético**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007. 561 p.

- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 3, n. 37, p. 182-194, 2007.
- SANTOS, M. F. et al. Responses to selection and changes in combining ability after three cycles of a modified reciprocal recurrent selection in maize. **Euphytica**, Wageningen, v. 157, n. 1, p. 185-194, 2007.
- RUSSELL, W. A. Agronomic performance of maize cultivars representing different eras of breeding. **Maydica**, Bergamo, v. 29, n. 4, p. 375-390, 1984.
- SANTOS, M. F. et al. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, n. 4, p. 781-788, Oct./Nov. 2005.
- SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P. de; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, maio 1995.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Comparisons of intra-interpopulation and modified recurrent selection methods. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 1, p. 91-105, 1993.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L. et al. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento**: plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Reciprocal recurrent selection with half-sib progenies obtained alternately from non-inbred (S0) and inbred (S1) plants in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 22, n. 1, p. 19-31, Jan./Mar. 1987.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Recurrent selection and heterosis. In: COORS, J. C.; PANDEY, S. (Ed.). **The genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. p. 247-256.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. de et al. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 4, p. 473-479, abr. 1993.

SOUZA JÚNIOR, C. L. de; PINTO, R. M. C. Responses to a short-term reciprocal recurrent selection procedure in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 45, n. 1, p. 21-28, 2000.

SOUZA SOBRINHO, F. de; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. de. Alternatives for obtaining double cross maize hybrids. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, n. 1, p. 70-76, jan./abr. 2002.

STORCK, L.; BISOGNIN, D. A.; CARGNELUTTI FILHO, A. Ganho genético decorrente da substituição anual de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 9, p. 881-886, set. 2005.

TARDIN, F. D. **Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos**. 2006. 92 p. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos de Goycatazes, 2006.

TARDIN, F. D. et al. Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 7, p. 225-233, 2007.

TARDIN, F. D. et al. Utilização de índices clássicos de seleção aplicados em programa de seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays* L.). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2., 2003, Porto Seguro. **Anais...** Londrina: Brazilian Society of Plant Breeding, 2003. p. 2-3.

TROYER, A. F. Adaptedness and heterosis in corn and mule hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 2, p. 528-543, Mar./Apr. 2006.

TROYER, A. F. Background of U.S. hybrid corn. **Crop Science**, Madison, v. 44, n. 1, p. 55-68, Jan./Dec. 1999.

TROYER, A. F.; ROCHEFORD, T. R. Germoplasm ownership: related corn inbreds. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 1, p. 3-9, Jan./Feb. 2002.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Agricultural research service**. Disponível em: <[http://www.pecad.fas.usda.gov/highlights/2013/05/br\\_15may2013/](http://www.pecad.fas.usda.gov/highlights/2013/05/br_15may2013/)>. Acesso em: 10 dez. 2013.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VENCOVSKY, R. et al. Avaliação do progresso genético devido o melhoramento de milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., 1986, Belo Horizonte. **Anais...** Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS, 1986. p. 300-307.

WEYHRICH, R. A. et al. Effective maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 3, p. 416-423, 1998.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: Walter de Gruyter, 1986. 406 p.