

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES  
DA PLANTA E DA QUALIDADE DO GRÃO  
EM UMA POPULAÇÃO DE MILHO OPACO (*Zea mays*)\*

Geraldo A. Tosello \*\*  
Claudio L. Souza Jr. \*\*  
Isaias O. Geraldi \*\*

RESUMO

Uma população de milho denominada ESALQ-VD-opaco foi utilizada no presente trabalho para se estimar parâmetros genéticos e fenotípicos associados a caracteres de produtividade, altura da planta e da espiga, % triptofano e % triptofano na proteína. Um total de 364 progênies de meios irmãos foram avaliadas em látices com duas repetições. As estimativas das variâncias genéticas aditivas para produção de grãos ( $\sigma_A^2 = 333,44$  g/pl), altura da planta ( $\sigma_A^2 = 187,85$ ) e altura da espiga ( $\sigma_A^2 = 122,08$ ) indicam a existência de suficiente variabilidade genética no material. Para os caracteres de qualidade do grão, detectou-se também suficiente variabilidade aditiva, permitindo obter progressos genéticos com a seleção.

---

\* Entregue para publicação em 29/04/87

\*\* Departamento de Genética - ESALQ/USP.

Estimativas de correlações genéticas entre produção de grãos e altura de planta e da espiga, foram de baixa magnitude favorecendo a seleção para produtividade sem alterar significativamente altura da planta e da espiga. As correlações genéticas entre produção de grãos e caracteres para qualidade protéica foram positiva para proteína ( $r_A = 0,303$ ), negativa para triptofano ( $r_A = -0,178$ ) e negativa para triptofano na proteína ( $r_A = -0,568$ ). Verificou-se também uma correlação negativa entre % proteína e % triptofano na proteína ( $r_A = -0,591$ ). A população mostra que selecionando-se para produtividade haverá uma redução na qualidade da proteína, contudo existe suficiente variabilidade genética presente que permite melhorar o valor nutricional da semente sem prejuízo para a produtividade de grãos.

## INTRODUÇÃO

A introdução do gene recessivo opaco-2 ( $o_2$ ) em variedades ou híbridos de milho (*Zea mays* L.) modifica a composição proteica do endosperma do grão e aumenta o seu valor nutricional, uma vez que ocorre um aumento nos teores dos aminoácidos lisina e triptofano e diminui a fração zeína na proteína do milho (MERTZ *et alii*, 1964; CAVIEDES *et alii*, 1983). Devido a este aspecto, o uso do gene opaco-2 tem sido recomendado para aumentar o valor nutricional do milho, que normalmente é muito baixo. Apesar disto, a incorporação deste gene em cultivares de milho causa um decréscimo na produção de grãos (DUDLEY *et alii*, 1977; MOTTO, 1979; SINGH e ASNANI, 1975; VASAL *et alii*, 1979), o que diminui a sua aceitação.

A seleção para um caráter frequentemente causa alterações em outros caracteres. Assim, o conhecimento da estrutura genética das populações e da correlação entre caracteres é prática comum no melhoramento, pois objetiva-se conduzir a seleção de maneira a evitar que o melhoramento para um caráter piore a população quanto aos demais caracteres (VENCOVSKY, 1978).

Este trabalho reporta estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de caracteres da planta e de caracteres relacionados a qualidade nutricional do grão em uma variedade de milho opaco, visando obter informações que permitam contornar os problemas relacionados com a produtividade e a qualidade do grão.

#### MATERIAL E MÉTODOS

A população de milho ESALQ-VD-opaco possui grãos dentados amarelos opacos, porte alto e ciclo tardio. Foi obtida pelo inter cruzamento da população Maya opaco ( $o_2o_2$ ) do Instituto Agrônomo de Campinas com a população ESALQ-VD-2 do Instituto de Genética da ESALQ/USP. Após o cruzamento inicial, selecionaram-se os grãos homocigotos para o gene opaco-2 ( $o_2o_2$ ) durante a recombinação (TOSELLO, 1980).

O material utilizado compreendeu 364 progênies de meios irmãos da população ESALQ-VD-opaco, as quais foram avaliadas em três lâteses  $10 \times 10$  e um lâtesse  $8 \times 8$ , com 2 repetições em Piracicaba-SP em 1979. Os experimentos foram estabelecidos com parcelas de 5 metros lineares e, com espaçamento de 1,0 m entre parcelas e 0,20 m entre plantas dentro das parcelas, contendo 25 plantas por parcela após o desbaste (50.000 plantas/ha).

Os seguintes caracteres foram avaliados: produção de grãos (PG), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), % de proteína no grão (P), % de triptofano no grão

(T) e % de triptofano na proteína (TP). O caráter PG foi avaliado como peso de grãos em  $\text{kg}/5\text{m}^2$  corrigido para 25 plantas por parcela e, 15,5% de umidade; AP e AE foram avaliadas em 5 plantas por parcela em cm/planta; P corresponde a porcentagem de proteína determinado em uma amostra de 100 grãos pelo método micro-Kjeldahl (A.O.A.C., 1965) em espigas por progênie T(%) corresponde ao teor de triptofano (%) no grão determinado pelo método colorimétrico modificado (HERNANDES e BATES, 1969) e, TP (%) corresponde ao teor de triptofano na proteína, obtido pela expressão:  $(T/P).100$ .

As análises de variância e covariância envolvendo os seis caracteres foram realizados ao nível de parcelas de acordo com o delineamento em lâtiçe. Estimativas da variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) e variância do erro experimental ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) foram calculadas pela manipulação algébrica do quadrado médio de progênies ajustadas ( $QM_p$ ) e quadrado médio do erro intrabloco ( $Q.M_e$ ). A variância genética aditiva:  $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2$ , variância fenotípica entre médias de progênies:  $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2/r = QM_p/r$  e, herdabilidade ao nível de médias de progênies:  $h^2 = \hat{\sigma}_p^2/\hat{\sigma}_F^2$ , foram estimadas, onde r refere-se ao número de repetições. A covariância genética entre progênies ( $C\hat{O}V_p$ ), covariância genética aditiva ( $C\hat{O}V_A = 4 C\hat{O}V_p$ ) e covariância fenotípica entre médias de progênies ( $C\hat{O}V_F = C\hat{O}V_p + C\hat{O}V_e/r$ ), foram calculadas, para as combinações entre os caracteres de interesse, através da manipulação algébrica do produto médio de progênies ( $PM_p$ ) e produto médio do erro intrabloco ( $PM_e$ ). A seguir, os seguintes parâmetros foram estimados utilizando procedimentos relatados por VENCOVSKY (1978):

- progresso esperado com seleção entre progênies de meios-irmãos com sementes remanescentes com 20% de intensidade ( $K = 1,40$ ):

$$G_s = K(1/4)\sigma_A^2/\sigma_F^2;$$

- correlação genética aditiva:

$$r_A = \text{COV}_{A_{x,y}} / (\hat{\sigma}_{A_x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{A_y}^2);$$

- correlação fenotípica entre médias de progênies:

$$r_{\bar{F}} = \text{COV}_{\bar{F}_{x,y}} / (\hat{\sigma}_{\bar{F}_x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{\bar{F}_y}^2).$$

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias, amplitudes de variação e coeficientes de variação experimental dos seis caracteres avaliados encontram-se na Tabela 1. Os coeficientes de variação experimental para todos os caracteres podem ser considerados de magnitudes razoáveis para a experimentação agrônoma, indicando que os ensaios apresentaram boas precisões. A média de produção das progênies foi de 159,48 g/planta (7,97 t/ha), média esta bastante semelhante à média dos híbridos testemunhas Cargill III e Hmd 7974. É importante ressaltar, que apesar de se tratar de milho opaco, a média das 20% melhores progênies (8,50 t/ha) superou a média das testemunhas em 18,5% sobre o Cargill III e em 12,1% sobre o Hmd 7974.

Tabela 1. Média dos caracteres analisados, amplitude de variação, CV% experimental, obtidos da análise conjunta de 364 progênies de meios irmãos.

Caracteres	Média	Amplitude	CV %
PG (g/planta)	159,48	113,64 - 227,96	14,04
AP (cm)	247,610	208,098 - 272,643	6,15
AE (cm)	144,235	117,020 - 169,201	9,33
% Proteína (P)	10,132	9,077 - 11,570	7,38
% Triptofano (T)	0,104	0,082 - 0,144	7,29
% T/P	1,024	0,786 - 1,236	10,24

Quanto aos caracteres de qualidade do grão: % proteína, % triptofano e % de triptofano na proteína, os valores médios destes caracteres são semelhantes aos relatados por ZIMBACK *et alii* (1987) para o Composto Braquítico VD-opaco. Segundo estes autores, a qualidade nutricional do grão do Composto Braquítico VD-opaco representado pela % proteína, % triptofano e % de triptofano na proteína, são 3,29%; 56,39% e 51,97% superiores às médias das testemunhas de grãos normais (não-opacos). Como os valores médios relatados por estes autores são semelhantes aos do presente trabalho, pode-se inferir, também, que a população ESALQ-VD-opaco possui alta qualidade nutricional.

A existência de variação genética entre as progênie para todos os caracteres avaliados pode ser constatado através das significâncias dos quadrados médios (teste F) na Tabela 2, onde verifica-se elevada significância ( $P < 0,01$ ) para todos os caracteres.

A estimativa da variância genética aditiva (Tabela 3) para produção de grãos:  $\hat{\sigma}_A^2 = 333,44$  (g/p), é comparável ao valor médio reportado por RAMALHO (1977) de diversas populações de milho ( $\hat{\sigma}_A^2 = 320,0$ ) e, superior às obtidas por MIRANDA FILHO e PATERNIANI (1983) e SOUZA JR. (1983). Para os caracteres altura da planta e altura da espiga, as estimativas das variâncias genéticas aditivas ( $\hat{\sigma}_A^2 = 187,85$  e,  $\hat{\sigma}_A^2 = 122,08$ , respectivamente) são um pouco inferiores aos valores médios de diversas populações de milho reportadas por GHINI e MIRANDA FILHO (1979) -  $\hat{\sigma}_A^2 = 242,0$  e,  $\hat{\sigma}_A^2 = 160,0$  para AP e AE, respectivamente.

Para os caracteres relacionados à qualidade nutricional, ou seja: % proteína (P), % de triptofano (T) e, % de triptofano na proteína (TP), as estimativas das variâncias genéticas aditivas e dos coeficientes de herdabilidade (Tabela 3), são inferiores às estimativas reportadas por ZIMBACK *et alii* (1987) e por MOTTO (1979). Apesar disto, verifica-se que as estimativas dos progressos

Tabela 2. Análise da variância conjunta dos látices e significância dos quadrados dos médios a nível de parcelas para os caracteres estudados.

	P.G. (x 10 <sup>-2</sup> )	AP	AE	% Prot.	% Try (x 10 <sup>-4</sup> )	% T/P (x 10 <sup>-2</sup> )
Prog. (ajust.)	41,77**	325,92**	242,29**	0,713**	0,79**	1,41**
Erro (Intr. Bl.)	31,34	231,99	181,26	0,559	0,59	1,10

\*\*significância obtida pelo teste F a 1% de probabilidade.

Tabela 3. Estimativas obtidas ao nível de parcelas para variância genética entre progênie (σ<sub>p</sub><sup>2</sup>), variância do erro ambiental entre parcelas (σ<sub>e</sub><sup>2</sup>), variância genética aditiva (σ<sub>A</sub><sup>2</sup>), variância fenotípica entre médias de progênie (σ<sub>F</sub><sup>2</sup>), coeficiente de herdabilidades (h<sub>x</sub><sup>2</sup>) ao nível de médias de progênie e progressos esperados com seleção em valor absoluto (G<sub>s</sub>) e em porcentagem da média (Gs%).

Parâmetros	PG (g/pl)	AP (cm/pl)	AE (cm/pl)	% Prot. (x 10 <sup>-2</sup> )	% Try (x 10 <sup>-2</sup> )	% T/P (x 10 <sup>-2</sup> )
σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	83,36	46,96	30,51	3,14	0,22	0,15
σ <sub>e</sub> <sup>2</sup>	501,44	231,99	181,25	55,87	0,59	1,10
σ <sub>A</sub> <sup>2</sup>	333,44	187,85	122,08	12,55	0,88	0,62
σ <sub>F</sub> <sup>2</sup>	334,08	162,96	121,14	31,07	0,51	0,70
h <sub>x</sub> <sup>2</sup>	24,95	28,82	25,19	10,11	43,14	21,43
G <sub>s</sub>	6,380	5,150	3,880	0,789	0,0432	0,0251
Gs%	4,00	2,10	2,70	0,78	41,45	2,45



esperados com seleção (Tabela 3) indicam a presença de variabilidade genética suficiente para permitir progressos consideráveis com seleção recorrente para estes caracteres. Para o caráter % de triptofano (T), o elevado coeficiente de herdabilidade ( $h_x^2 = 43,14\%$ ) e progresso esperado com seleção ( $G_s = 41,45\%$ ), indicam que quantidade considerável da variação fenotípica total deve-se à variância genética aditiva e, portanto, esquemas simples de seleção como a seleção massal, deverá acarretar aumentos consideráveis neste caráter e, consequentemente melhorar bastante a qualidade nutricional desta população. A existência de magnitudes consideráveis de variância genética aditiva para os caracteres de qualidade nutricional nesta população estão de acordo com os resultados reportados por diversos autores em populações de milho opaco-2 (SREERAMULU e BAUMAN, 1970; DUDLEY *et alii*, 1971, 1975; SINGH e ASNANI, 1975; VASAL, 1975; CHOE *et alii*, 1976, entre outros).

As estimativas das correlações genéticas aditivas envolvendo produção de grãos, altura da planta e espiga são semelhantes as reportadas por SOUZA JR. *et alii* (1980) para a população de milho Suwan e, indica que o caráter produção de grãos não é fortemente influenciado pela altura da planta e espiga e, consequentemente a seleção para produção de grãos pouco irá afetar os caracteres AP e AE, o que constitui uma vantagem para o melhoramento e, difere dos resultados obtidos por diversos autores para milhos tropicais (RISSI e PATERNIANI, 1981; BIANCO, 1984; ZIMBACK, 1985; entre outros).

Para os caracteres de qualidade nutricional e produção de grãos (PG), verifica-se que a correlação genética aditiva entre PG e % de proteína (P) é positiva ( $r_A = 0,303$ ) e, de magnitude semelhante ao relatado por CAVIEDES *et alii* (1983). A correlação entre PG e % de triptofano (T) é negativa ( $r_A = -0,178$ ) mas de magnitude muito baixa e, difere do resultado relatado por MOTTO (1979) quanto ao sinal, mas a magnitude da correlação relatada por este autor também é muito baixa ( $r = 0,12$ ).

Assim, pode-se inferir que a associação entre estes caracteres é fraca, indicando que a seleção para aumentar o teor de triptofano (T) pouco irá alterar a produção de grãos. A correlação genética aditiva entre PG e % de triptofano na proteína (TP) é de magnitude relativamente elevada e negativa ( $r_A = -0,568$ ) e, difere dos resultados relatados por MOTTO (1979) e CAVIEDES *et alii* (1983) que reportaram valores muito baixos de correlações entre estes caracteres ( $r = 0,15$  e  $r = -0,25$ , respectivamente). Assim, a seleção para aumentar a % de triptofano na proteína deverá diminuir de maneira considerável a produção de grãos.

Verifica-se, também, que a correlação entre % de proteína e % de triptofano na proteína é negativa e de magnitude elevada ( $r_A = -0,591$ ), indicando que a melhoria na qualidade da proteína via aumento do teor de triptofano deverá acarretar diminuição na quantidade de proteína total do grão. A seleção para aumentar o teor de triptofano na proteína pode ser feito pelo teor de triptofano no grão, uma vez que a correlação genética aditiva entre % de triptofano e a % de triptofano na proteína é de magnitude elevada e positiva ( $r_A = 0,60$ ).

Assim, as correlações genéticas envolvendo o teor de triptofano no grão e produção de grãos e, % de triptofano na proteína e produção de grãos são negativas, indicando que a seleção para aumentar a qualidade nutricional dos grãos irá diminuir a produtividade e vice-versa. Como a herdabilidade para o teor de triptofano é relativamente alta ( $h^2 = 43,14\%$ ) e, a correlação entre teor de triptofano e % de triptofano na proteína é alta e positiva ( $r_A = 0,60$ ), uma possível solução seria selecionar entre progênies para produtividade e, praticar seleção massal dentro das progênies selecionadas por ocasião da recombinação para o teor de triptofano.

Assim, verifica-se que a população ESALQ-VD opaco possui produtividade média semelhante a híbridos comerciais não opacos e, é muito superior quanto à qualidade

nutricional dos grãos e, ainda, possui variabilidade genética suficiente que permite melhorar, via seleção recorrente, ainda mais a qualidade nutricional dos grãos e aumentar a produtividade.

Tabela 4. Correlações genéticas aditivas ( $r_A$ ) e correlações fenotípicas entre médias de progêniez ( $r_{\bar{F}}$ ) entre caracteres da população ESALQ - VD-opaco de milho.

Caracteres	$r_A$	$r_{\bar{F}}$
PG x AP	0,177	0,147
PG x AE	0,361	0,181
AP x AE	0,760	0,720
PG x % Prot	0,303	0,277
PG x % Try	-0,178	-0,160
PG x + T/P	-0,568	-0,089
% Prot x % T/P	-0,591	-0,497
% Try x % T/P	0,600	0,204

## CONCLUSÕES

Verificou-se que a população ESALQ-VD-opaco apresenta alto potencial genético para ser usada como material básico para seleção visando produtividade e qualidade proteica.

As estimativas de variância genética aditiva para todos os caracteres estudados são de boa magnitude evidenciando que para certos caracteres poderá ser obtido progresso genético empregando-se esquemas simples de seleção.

As correlações genéticas estimadas permitiram interpretar que:

a) selecionando-se para produtividade não haverá alterações para altura da planta ou da espiga;

b) se forcarmos a seleção para produtividade poderá haver um acréscimo no teor de proteína;

c) por outro lado, esse mesmo aumento na % proteína deverá causar um certo decréscimo na qualidade da proteína, uma vez que produção e % proteína estão negativamente correlacionados com % triptofano na proteína.

#### SUMMARY

##### ESTIMATES OF GENETIC AND PHENOTYPIC PARAMETERS FOR PLANT AND SEED CHARACTERISTICS IN AN OPAQUE MAIZE POPULATION.

A single population with a broadening genetic variability having an opaque kernel phenotype was used in this study in order to estimate genetic parameters associated with yielding, plant and ear height, % protein, % tryptophan and % tryptophan in the protein. A total of 364 half-sib progenies were evaluated using a lattice square design with two replications. The additive genetic variances found for yielding ( $\sigma_A^2 = 333,44$  g/pl), plant height ( $\sigma_A^2 = 187,85$ ) and ear height ( $\sigma_A^2 = 122,08$ ) indicated that there are enough genetic variability among progenies. For those characteristics associated with protein quality the genetic additive variance detected among progenies are showing that genetic progress with selection can be achieved within those characters.

Estimates of genetic correlations between yielding and plant or ear height had a low value suggesting that if one select for yielding, the plant and ear height will not be affected. The genetic correlation between yielding and protein quality was positive for % protein ( $r_A = 0,303$ ), negative for % tryptophan ( $r_A = -0,178$ )

and negative for % tryptophan in the protein ( $r_A = -0,568$ ). It was also found a negative genetic correlation for % protein and % tryptophan in the protein ( $r_A = -0,591$ ). The data in this stud has been shown that if one select for yielding ability the protein quality will decay, but because of the enough genetic variability present in the population it will be possible to select for quality without changing the yielding.

#### LITERATURA CITADA

- A.O.A.C. Official methods of analysis of the Association of Official Agricultural Chemistris. Hoewitz, W. Ed. 10ª edição. Washington, D.C. 975p. 1965.
- BIANCO, S. Avaliação do potencial genético de populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico para teor de óleo na semente. Dissertação de Mestrado. ESALQ / USP - Piracicaba-SP, 98p., 1984.
- CAVIÊDES, C.M.; QUIROS, T.A.C.; YAMAKAKE, K. e VILLEGAS, E.M. Correlaciones genotípicas entre rendimento e contenidos de proteína, triptofano e zeína, em famílias de médio hermanos de maiz (*Zea mays* L.) opaco-2 modificado. *Agrociencia*, 54: 101-110, 1983.
- CHOE, B.H.; ZUBER, M.S.; KRAUSE, G.F. e HILDEBRAND, E.S. Inheritance of high lysine in maize. *Crop Sci.* 16: 34-38. 1976
- DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.J. e ALEXANDER, D.E. Variability and relationships among characters in *Zea mays* L. synthetics with improved protein quality. *Crop Sci.*, 11: 512-514, 1971.
- DUDLEY, J.W.; ALEXANDER, D.E. e LAMBERT, R.J. Genetic improvement of modified maize. p.120-135. In: High-quality protein maize. Dowden, Hutchinson and Ross, Inc. Stroudsburg, Pa., 1975.

- DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.J. e de la ROCHE, I.A. Genetic analysis of crosses among corn strains divergently selected for percent oil and protein. *Crop Sci.*, 17: 111-117, 1977.
- GHINI, R. e MIRANDA Fº, J.B. Herdabilidade da altura da planta e da espiga no segundo ciclo de seleção da população ESALQ-PB1 de milho. *Rel. Cient. I. Gen.*, 13: 130-138, 1979.
- HERNANDES, H. e BATES, L. A modified method for rapid tryptophan analysis in maize. *CIMMYT Res. Bull.*, nº 13, 1969.
- MERTZ, E.T.; BATES, L.S. e NELSON, O.E. Mutant gene that changes protein composition and increases lysine content of maize endosperm. *Science*, 145: 279 - 280, 1964.
- MIRANDA Fº, J.B. e PATERNIANI, E. Intra and interpopulation genetic parameter estimates and implications in selection. *Rev. Brasil. Genet.*, 6: 15-27, 1983.
- MOTTO, M. Heritability and interrelations of seed quality and agronomic traits in a modified opaque-2 synthetic variety of maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, 24: 193-202, 1979.
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Tese de Doutorado, Piracicaba, ESALQ/USP, 122p., 1977.
- RISSI, R. e PATERNIANI, E. Estimates of genetic parameters in two subpopulations of the variety of maize (*Zea mays* L.) Piranão. *Rev. Brasil. Genet.* 4: 579-592, 1981.
- SINGH, J. e ASNANI, V.L. Present status and future prospects of breeding for better protein quality in maize

- through opaque-2. p.86-101. **In:** High-quality protein maize. Dowden, Hutchinson and Ross, Inc. Stroudsburg, Pa., 1975.
- SOUZA JR., C.L. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional. Tese de Doutorado, Piracicaba - ESALQ/USP, 151p., 1983.
- SOUZA JR., C.L.; GERALDI, I.O. e ZINSLY, J.R. Correlações genéticas e fenotípicas entre seis caracteres de população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. *Rel. Cient. I. Gen.*, 14: 146-162, 1980.
- SREERAMULU, C. e BAUMAN, L.F. Yield components and protein quality of opaque-2 and normal diallels of maize. *Crop Sci.*, 10: 262-265, 1970.
- TOSELLO, G.A. Obtenção da população de milho ESALQ - VD opaco (não publicado). 1980.
- VASAL, S.K. Use of genetic modifiers to obtain normal - type kernels with the opaque-2 gene: p.197-216. **In:** High-quality protein maize. Dowden, Hutchinson and Ross, Inc.: Stroudsburg, Pa., 1975.
- VASAL, S.K.; VILLEGAS, E. e BAUER, R. Present status of breeding quality protein maize: p.127-148. **In:** Seed protein improvement in cereals and grain legumes. Vol. II. IAEA, Viena, Austria, 1979.
- VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa: p.122-201. **In:** E. Paterniani (Ed.). Melhoramento e Produção do Milho no Brasil. Edição Fundação Cargill, 1978.
- ZIMBACK, L. Estimção de parâmetros genéticos e fenotípicos em uma variedade de milho dentado braquítico opaco. Dissertação de Mestrado, Piracicaba, ESALQ/USP, 169p., 1985.

ZIMBACK, L.; TOSELLO, G.A. e SOUZA JR., C.L. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres de qualidade do grão em milho opaco (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento. Enviado para publicação. 1987.