

EMMANUEL ARNHOLD

**EFICIÊNCIA RELATIVA DE MÉTODOS DE SELEÇÃO DE
PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO-PIPOCA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2006

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

EMMANUEL ARNHOLD

**EFICIÊNCIA RELATIVA DE MÉTODOS DE SELEÇÃO DE
PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO-PIPOCA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 09 de novembro de 2006.

Prof. Cosme Damião Cruz
(Co-Orientador)

Prof. Múcio Silva Reis

Dr. Cleso Antônio Patto Pacheco

Prof. Valéria Carpentieri Pípolo

Prof. José Marcelo Soriano Viana
(Orientador)

"O pensamento lógico pode levar você de A a B, mas a imaginação te leva a qualquer parte do Universo".

Albert Einstein

"O que sabemos é uma gota, o que não sabemos é um oceano".

Isaac Newton

Aos meus pais Armando e Marineusa.
À minha esposa Denilma.

AGRADECIMENTO

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade oferecida para a realização deste trabalho.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pelo suporte financeiro concedido.

Ao Professor José Marcelo Soriano Viana, pela sua orientação, imprescindível na realização deste trabalho, e por todo o apoio e ensinamento que me passou durante tantos anos.

Aos Professores Cosme Damiano Cruz, Glauco Vieira Miranda, Múcio Silva Reis e Valéria Carpentieri Pipolo, pelas valiosas sugestões.

Ao Pesquisador Cleso Antônio Patto Pacheco, pelas valiosas sugestões.

Aos funcionários do Campo da Genética, Vicente, Antônio e Márcio, pelos ensinamentos práticos e pela agradável convivência.

As funcionárias da secretaria do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento, Rita, Rose e Conceição, pela atenção e pelo apoio.

A todos os professores do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento, em especial aqueles que contribuíram de alguma forma em minha formação acadêmica e que contribuem para a qualidade do programa.

À minha esposa Denilma, por toda amizade, pelo companheirismo e pelo apoio.

Aos meus irmãos Alexandre e Vanessa e ao Tio Cóco, por tantos anos de convivência feliz.

Aos meus pais, Armando e Marineusa, pelo grande apoio e pelo incentivo na busca de conhecimento e sabedoria.

A sociedade brasileira, que arcou, na forma de impostos, com os custos de grande parte de minha formação acadêmica.

A todos que contribuíram e contribuem para o desenvolvimento da ciência e do conhecimento humano.

BIOGRAFIA

EMMANUEL ARNHOLD, filho de Armando Arnhold e Marineusa Arnhold, nasceu em 24 de novembro de 1978, na cidade de Pérola do Oeste, Paraná.

Morou até os quatro anos nesta cidade, quando se mudou para Pitanga, situada no mesmo estado, onde estudou até a oitava série do primário no Colégio Dom Pedro I. O segundo grau foi cursado em internato (Instituto Adventista Paranaense, IAP) situado em Maringá, Paraná.

Em março de 1996, iniciou o Curso de Engenharia Química na Universidade Estadual de Maringá (UEM), tendo desistido no mesmo ano por não ter se identificado com o curso.

Em março de 1997, iniciou o Curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, concluindo-o em maio de 2002.

Em maio de 2002, iniciou o programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento, em nível de mestrado, na Universidade Federal de Viçosa, o qual foi concluído em março de 2004.

Em abril de 2004, iniciou o programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento, em nível de doutorado, na Universidade Federal de Viçosa.

SUMÁRIO

RESUMO	x
ABSTRACT	xii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Obtenção de linhagens para produção de híbridos	3
2.1.1. Testes de famílias endogâmicas com objetivo de seleção em desempenho <i>per se</i>	4
2.1.2. Seleção de famílias endogâmicas em desempenho híbrido ('topcross')	8
3. MATERIAL E MÉTODOS	14
3.1. Material	14
3.2. Métodos	14
3.2.1. Testes de famílias endogâmicas	14
3.2.1.1. Análises de variância	16
3.2.1.2. Estimação de parâmetros genéticos	17

3.2.1.2.1. Variâncias genotípicas entre e dentro de famílias	17
3.2.1.2.2. Variâncias genotípicas ao nível de planta	18
3.2.1.2.3. Herdabilidades	18
3.2.1.3. Correlações genotípicas	18
3.2.1.4. Ganhos genéticos preditos	19
3.2.2. Teste de híbridos 'topcross'	19
3.2.3. Métodos de seleção	21
3.2.3.1. Seleção massal	21
3.2.3.2. Seleção entre e dentro	21
3.2.3.3. Seleção combinada de família, seguida de seleção dentro	21
3.2.4. Aplicação e avaliação dos métodos de seleção	24
3.2.4.1. Primeiro esquema de seleção	24
3.2.4.2. Segundo esquema de seleção	25
3.2.5. Avaliação da importância do desempenho <i>per se</i> de famílias S_3 , como preditor do desempenho em híbridos 'topcross'	26
3.2.6. Seleção de quatro grupos de 20 famílias S_5	27
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	28
4.1. Análises de variância de famílias endogâmicas	28
4.2. Parâmetros genéticos e correlações genotípicas de famílias endogâmicas	34
4.3. Avaliação dos métodos no primeiro esquema de seleção	37
4.3.1. Ganhos genéticos preditos	37
4.3.2. Ganhos realizados	40
4.3.3. Comparação entre médias de famílias selecionadas por três métodos	43
4.3.4. Diferenças entre as médias de famílias, selecionadas por três métodos, com a média da testemunha	46
4.4. Avaliação dos métodos no segundo esquema de seleção	48

4.4.1. Comparação entre médias de famílias selecionadas pelos três métodos	48
4.5. Análise de variância de híbridos 'topcross'	49
4.6. Avaliação da importância do desempenho <i>per se</i> de famílias S ₃ , como preditor do desempenho em híbridos 'topcross'	52
4.7. Conjuntos de 20 famílias S ₅	57
5. RESUMO E CONCLUSÕES	61
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	64

RESUMO

ARNHOLD, Emmanuel, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, Novembro de 2006. **Eficiência relativa de métodos de seleção de progênies endogâmicas de milho-pipoca.** Orientador: José Marcelo Soriano Viana. Co-Orientadores: Cosme Damião Cruz e Glauco Vieira Miranda.

Visando avaliar a eficiência relativa de diferentes métodos de seleção de linhagens, para produção de híbridos de milho-pipoca com elevada produtividade e qualidade, objetivou-se: *i)* comparar e avaliar a eficiência relativa da seleção massal, seleção entre e dentro e seleção combinada de família seguida de seleção dentro; *ii)* avaliar a importância do desempenho *per se* de famílias S_3 , como preditor de seu desempenho em cruzamento e; *iii)* selecionar quatro conjuntos de 20 famílias S_5 . Foram utilizados dados de 290 famílias e 687 plantas S_1 , 253 famílias e 772 plantas S_2 , 229 famílias e 872 plantas S_3 , 249 famílias e 661 plantas S_4 e 174 famílias e 599 plantas S_5 , obtidas da população Viçosa, pertencente ao banco de germoplasma do Setor de Genética, do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Viçosa. Também foram utilizados dados de um ensaio de híbridos 'topcross', obtidos do cruzamento entre famílias S_3 da população Viçosa e a população Beija-Flor (testadora), sendo esta última também pertencente à mesma instituição, departamento e setor. A seleção massal consistiu na seleção de plantas autofecundadas, a seleção entre e dentro na seleção de famílias e,

posteriormente à seleção de plantas autofecundadas dentro destas famílias e, a seleção combinada consistiu na seleção de famílias pelo índice de seleção combinada proposto e, posteriormente, a seleção de plantas autofecundadas dentro destas famílias (seleção dentro). Selecionou-se em capacidade de expansão e simultaneamente em capacidade de expansão e produção de grãos, com auxílio do índice de Mulamba e Mock (1978), com peso 3 em capacidade de expansão e 1 em produção de grãos. A eficiência relativa dos métodos de seleção foi avaliada pela comparação de médias entre diferentes conjuntos de famílias S_n , obtidas por seleção com base nos três métodos em S_{n-1} . Foram feitos quatro ciclos de seleção, sequencialmente de S_1 até S_4 . Com o ensaio de híbridos 'topcross', julgou-se a associação entre desempenho *per se* e em cruzamento de famílias S_3 , pelo cálculo da correlação entre pai (família S_3) e filho (híbrido 'topcross'), considerando produção de grãos e capacidade de expansão. Concluiu-se que: *i*) em geral, tem-se uma maior eficiência da seleção combinada seguida da seleção dentro e da seleção entre e dentro, relativamente à seleção massal; *ii*) A seleção combinada seguida de seleção dentro e a seleção entre e dentro apresentaram, em geral, resultados praticamente equivalentes na seleção praticada nas gerações S_1 , S_2 , e S_3 . Porém, a seleção combinada seguida da seleção dentro superou a seleção entre e dentro na seleção feita no ensaio de famílias S_4 e, apresentou uma tendência de aumento de eficiência, relativamente à seleção entre e dentro, com o aumento da endogamia; *iii*) a utilização do índice de seleção de Mulamba e Mock, com peso 3 para capacidade de expansão e 1 para produção de grãos proporcionou, em geral, ganhos satisfatórios em capacidade de expansão e produção de grãos; *iv*) o desempenho *per se* de famílias S_3 não foi um bom preditor de desempenho em cruzamento, tanto para capacidade de expansão como para produção de grãos e; *v*) os híbridos de capacidade de expansão mais elevada foram, em geral, obtidos de famílias S_3 de capacidade de expansão média a alta.

ABSTRACT

ARNHOLD, Emmanuel, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, November of 2006. **Relative efficiencies of methods of selection of inbred progenies of popcorn.** Adviser: José Marcelo Soriano Viana. Co-Advisers: Cosme Damião Cruz and Glauco Vieira Miranda.

Aiming at to evaluate the relative efficiency of different methods of selection of lines, for production of popcorn hybrid with high productivity and quality, it was aimed at: *i)* to compare and to evaluate the relative efficiency of the mass selection, selection among and within and combined selection of family following by selection within; *ii)* to evaluate the importance of “performance” of S_3 families, as predictor of it’s “performance” in crossing and; *iii)* to select four groups of 20 S_5 families. Were used data of 290 S_1 families and 687 S_1 plants, 253 S_2 families and 772 S_2 plants, 229 S_3 families and 872 S_3 plants, 249 S_4 families and 661 S_4 plants and 174 S_5 families and 599 S_5 plants, obtained of the Viçosa population, belonging to the germoplasma bank of the Sector of Genetics, of the Biology Department of the Viçosa Federal University. Topcross data of obtained from crossing among S_3 families with the Beija-Flor population were also used. The mass selection consisted of the selection of plants, the selection among and within consisted in the selection of families and, later to the selection of plants within of these families and, the combined selection

consisted of the selection of families for the combined index selection proposed and, later, the selection of plants within of these families (selection within). It was selected in popping expansion and simultaneously in popping expansion and yield, with aid of the index of Mulamba and Mock (1978), with weight 3 in popping expansion and 1 in yield. The relative efficiency of the selection methods was evaluated by the comparison of averages among different groups of S_n families, obtained by selection with base in the three methods in S_{n-1} . They were made four selection cycles, of S_1 to S_4 . With the rehearsal of 'topcross' hybrid, it's felt the association among performance of S_3 families and performance in crossing of S_3 families, for the I make calculations of the correlation among father (S_3 family) and son ('topcross' hybrid), considering yield and popping expansion. It was ended that: *i)* in general, a larger efficiency of the combined selection following by the selection within and of the selection among and within, relatively to the mass selection; *ii)* the combined selection following by the selection within and the selection among and within they presented, in general, resulted practically equivalent in the selection practiced in the S_1 , S_2 , and S_3 generations. However, the combined selection following by the selection within overcame the selection among and within in the selection done in the rehearsal of S_4 families and, it presented a tendency of efficiency increase, relatively to the selection among and within, with the increase of the inbreeding depression; *iii)* the use of the index of selection of Mulamba and Mock, with weight 3 for popping expansion and 1 for yield provided, in general, satisfactory gains in popping expansion and yield; *iv)* the performance of S_3 families was not a good predictor in crossing, so much for popping expansion and yield; *v)* the hybrid of popping expansion higher were, in general, obtained of S_3 families of medium and high popping expansion.

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca, assim como o milho comum e outros tipos especiais de milho, é uma gramínea da família Poaceae, da tribo Maydeae, do gênero *Zea* e da espécie *mays*. É taxonomicamente identificado como *Zea mays* L. spp. *mays*, para distinguir do seu parente mais próximo, o teosinto, atualmente considerado da mesma espécie e com várias subespécies. O milho possui $2n=20$ cromossomos e é uma planta alógama, com separação da inflorescência feminina (espiga) da masculina (pendão) (Paterniani e Campos, 1999). A diversidade genética existente no milho permite o seu cultivo nos mais diversos ambientes. O milho é cultivado desde a latitude 58°N até 40°S , desenvolvendo-se desde o nível do mar até 3.800 m de altitude (Hallauer e Miranda Filho, 1981). Segundo Paterniani e Campos (1999) o milho foi se diversificando com a seleção do homem juntamente com a seleção natural, reconhecendo-se hoje mais de 250 raças.

Esta gramínea de origem americana se espalhou pelo mundo e, segundo Paterniani e Campos (1999), ocupa lugar de destaque, não só pelo grande progresso no acúmulo de conhecimentos científicos relacionados a esta espécie, mas também em razão do grande valor econômico e do imenso potencial que ela representa. O milho é a espécie vegetal geneticamente mais estudada e, conseqüentemente, a herança de inúmeros caracteres e o seu genoma são bem conhecidos. A importância econômica, a sua estrutura genética, o número de cromossomos, o tipo de reprodução, a facilidade para

realizar polinizações manuais e a possibilidade de gerar diferentes tipos de famílias, são fatores que muito contribuíram no sentido de tornar este cereal um modelo para as espécies alógamas.

O Brasil, como um grande produtor de grãos, é também um destacado produtor de milho. Porém, quando se trata do tipo pipoca, o país ainda deixa a desejar, apesar de ser um grande consumidor deste tipo de milho. Há, também, escassez de informações oficiais sobre a área semeada, produtividade e quantidade importada. Estima-se que a produção nacional seja de aproximadamente 20 mil toneladas, e que o consumo atual esteja em torno de 81 mil toneladas de grãos (Galvão et al., 2000; Pereira e Amaral Júnior, 2001). Esta situação ocorre em razão de a cultura do milho-pipoca não ter recebido a mesma atenção que a cultura do milho comum. No Brasil, apenas sete cultivares híbridas de milho-pipoca estão registradas no SNPC (Serviço Nacional de Proteção de Cultivares), das quais seis são de acesso restrito aos produtores parceiros das empresas detentoras de sementes (Sawazaki, 2001).

Portanto, programas de melhoramento de milho-pipoca são necessários para o desenvolvimento dessa cultura no país, pois além de ser importador de grãos, poucas populações melhoradas, inclusive híbridos, estão disponíveis aos produtores (Matta e Viana, 2003).

Assim, o objetivo geral desta tese foi avaliar a eficiência relativa de diferentes métodos de seleção de linhagens, para produção de híbridos de milho-pipoca.

Os objetivos específicos foram:

- comparar e avaliar a eficiência da seleção massal, seleção entre e dentro e seleção combinada em capacidade de expansão e simultaneamente em capacidade de expansão e produção de grãos, em quatro ciclos de seleção (da primeira geração de autofecundação até a quarta).

- avaliar a importância do desempenho *per se* de famílias S_3 , como preditor de híbridos superiores em produção de grãos e capacidade de expansão.

- selecionar quatro grupos de 20 famílias S_5 , para serem utilizados em futuros experimentos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Obtenção de linhagens para produção de híbridos

A importância do método de hibridação no melhoramento do milho transcende a própria cultura, dados os fatos históricos, científicos e econômicos que estão a ele associados. A diferença entre híbridos e variedades, observada por ocasião dos trabalhos pioneiros, permitiu vislumbrar o potencial da hibridação no aumento da produtividade do cereal, deflagrando um caudaloso fluxo de trabalhos científicos, que não só resultaram na situação atual do milho, mas permitiram melhor compreensão dos fenômenos genéticos e do melhoramento de plantas em geral (Paterniani e Campos, 1999).

No processo de obtenção de linhagens, há uma rápida perda do vigor com as primeiras autofecundações, estabilizando-se em seguida, sendo que a partir da sétima geração de autofecundação, considera-se a linhagem como “pura” ou homozigótica (Paterniani e Campos 1999). Segundo Paterniani e Campos (1999), o método genealógico continua sendo o mais utilizado na obtenção de linhagens.

Em um programa de desenvolvimento de linhagens, várias etapas são conduzidas até que se consiga a identificação de material promissor. Durante essas etapas, várias linhagens são descartadas precocemente, devido à sua performance inferior ou a resultados no teste precoce, e outras são eliminadas posteriormente, por testes de capacidades geral e específica de combinação.

Atualmente, o desempenho das linhagens de milho é geralmente avaliado em gerações precoces, principalmente S_3 , em combinações híbridas chamadas 'topcross'. Esta análise do desempenho das linhagens foi sugerida por Jenkins (1935), que demonstrou que estas adquirem sua individualidade como genitores de 'topcross'es muito cedo no processo de endogamia e, permanecem relativamente estáveis daí por diante.

Porém, a seleção de linhagens não apenas com base em seu desempenho em 'topcross' é necessária, para um menor custo de produção de sementes híbridas. No caso do milho-pipoca, o potencial *per se* das linhagens ganha importância, devido à necessidade de qualidade da pipoca. Melhor qualidade pode ser adquirida elevando-se a capacidade de expansão (CE), que é a razão do volume de pipoca estourada em mililitros, pelo peso de grãos em grama (Nascimento e Boiteux, 1994). Outras características, como resistência ao acamamento, quebramento e doenças, tamanho, formato e cor dos grãos, também são relevantes (Ziegler e Ashman, 1994).

2.1.1. Testes de famílias endogâmicas com objetivo de seleção em desempenho *per se*

É natural quando se pensa em melhoramento genético, objetivar o aumento de produtividade como uma prioridade. Porém, o milho-pipoca, diferentemente do milho comum, é destinado exclusivamente à alimentação humana na forma de pipoca e, portanto, deve-se pensar na qualidade como um fator altamente limitante de sua comercialização. Portanto, além do desempenho produtivo, deve-se considerar também a capacidade de expansão do material a ser comercializado.

A capacidade de expansão apresenta dominância positiva, negativa ou nula (Scapim et al., 2002), dificultando a exploração da heterose e, portanto, alguns autores recomendam a seleção em capacidade de expansão, em programas de obtenção de linhagens para produção de híbridos. Em um trabalho clássico com milho-pipoca, Lysterly (1942) relata que em um processo de melhoramento onde se deseja obter híbridos de elevada qualidade, deve-se praticar seleção com base em capacidade de expansão durante a fase de obtenção de linhagens, pois cruzamentos entre linhagens de alta capacidade de expansão tendem a produzir híbridos com capacidade de expansão

elevada, embora algumas linhagens de baixa capacidade de expansão possam ser de valor em cruzamentos com linhagens de alta capacidade de expansão. Cruzamentos entre linhagens de alta e baixa capacidade de expansão tendem a produzir híbridos com valores intermediários de capacidade de expansão.

A capacidade de expansão é uma característica poligênica, com estimativas de herdabilidade variando de 70 a 90% (Pereira e Amaral Júnior, 2001). Estudos de herança realizados por Dofing et al. (1991) e Pereira e Amaral Júnior (2001) demonstraram que o principal componente de variação genética da capacidade de expansão foram os efeitos genéticos aditivos, sendo que, em alguns casos, contribuíram os efeitos de dominância, enquanto que os efeitos epistáticos não foram significativos. Resultados semelhantes foram relatados por Lyerly (1942), que observou predominância de efeitos aditivos, embora, em alguns cruzamentos, tenham ocorrido efeitos de dominância e de sobredominância. As elevadas herdabilidades e a predominância dos efeitos gênicos aditivos aumentam a eficiência da seleção deste caráter, justificando métodos de melhoramento com menor controle ambiental, como a seleção massal. Portanto, é justificável a seleção de linhagens com base em capacidade de expansão para obtenção de híbridos de maior qualidade.

Apesar da elevada herdabilidade que se pode estimar em capacidade de expansão, valores abaixo de 70% são facilmente encontrados na literatura. Pacheco et al. (1998) estimaram valores de herdabilidade ao nível de famílias de meios-irmãos de 57,6% para a população CMS 42 ciclo 1 e 60,1% para a população CMS-43. Em um teste de famílias S_2 da população de milho-pipoca Beija-Flor, Santos et al. (2004) encontraram herdabilidade em sentido amplo de 72%. Já Vilarinho et al. (2003), trabalhando com famílias S_1 e S_2 da mesma população, encontraram herdabilidades em sentido amplo mais baixas, 60% e 32%, respectivamente.

Simon (2000) submeteu oito populações de milho-pipoca a uma geração de autofecundação, comparando-as com as populações originais durante dois anos. No primeiro ano foram observados valores de depressão endogâmica para peso de grãos entre 5,38% (Catedral) e 58,80% (CMS-42), e no segundo ano entre 13,73% (Zaeli) e 67,89% (CMS-42). Para capacidade de expansão, obteve valores de depressão endogâmica entre -9,09% (CMS-43) a 26,09%

(Catedral), e entre -14,29% (Catedral) e 27,27% (UEM-M2). Segundo o autor, foram observados menores valores de depressão endogâmica para capacidade de expansão, em relação ao rendimento de grãos, em virtude da predominância de efeitos gênicos aditivos.

Selecionar famílias endogâmicas com base em produtividade é, sem dúvida, mais difícil relativamente a capacidade de expansão, pois a produção apresenta herdabilidades em geral mais baixas que as estimadas em capacidade de expansão, apresentando também, grande efeito heterótico positivo devido a predominância dos efeitos de dominância para esta característica. Pacheco et al. (1998) estimaram herdabilidades para produção ao nível de famílias de meios-irmãos, de 27,4% para a população CMS 42 ciclo 1, e de 27,4% para a população CMS-43. Em um teste de famílias S_2 da população de milho-pipoca Beija-Flor, Santos et al. (2004) encontraram herdabilidade em sentido amplo de 56,92%. Vilarinho et al. (2003), trabalhando com famílias S_1 e S_2 da mesma população, estimaram herdabilidades em sentido amplo de 33,58% e 27,83%, respectivamente.

Porém, a seleção de linhagens com base em produção é necessária para um menor custo de produção de sementes híbridas. Segundo Ziegler e Ashman (1994), um fator que pode afetar a escolha do tipo de híbrido de milho-pipoca é o desempenho agrônômico inferior de suas linhagens, relativamente às linhagens de milho normal, especialmente na produção de sementes.

Devido à importância de se praticar seleção em famílias endogâmicas quanto a capacidade de expansão e produção de grãos, deve-se praticar seleção simultânea para estas características sempre que possível. Porém, a seleção simultânea é dificultada pela correlação genética negativa que se estima entre estas características (Granate et al., 2002; Coimbra et al., 2001). Apesar da correlação genética comumente estimada entre produção de grãos e capacidade de expansão ser negativa, como as estimadas nos trabalhos realizados por Brunson (1931), Dofing et al. (1991), Granate et al. (2002), Vilarinho et al. (2003) e Santos et al. (2004), cujos valores estimados foram -0,59, -0,34, -0,31, -0,38, -0,39 e -0,14 respectivamente, pode-se encontrar trabalhos onde foi estimada correlação genética nula (Câmara, 2002) e positiva (0,42), estimada por Arnhold (2004).

Trabalhos com seleção simultânea em capacidade de expansão e produção de grãos, em processo de obtenção de linhagens com milho-pipoca são descritos em Vilarinho et al. (2002, 2003), em famílias S_1 e S_2 , e Santos et al. (2004) também em famílias S_2 . Mesmo com correlação genética negativa entre estas duas características, os autores estimaram ganhos preditos e recomendaram a seleção simultânea com uso do índice de Mulamba e Mock (1978). Recomendaram utilizar pesos 1 para produção de grãos e 2 a 3 para capacidade de expansão, justificados pela maior importância da seleção em capacidade de expansão, no processo de obtenção de linhagens. Com estes pesos, os autores previram ganhos em capacidade de expansão maiores que 90% do ganho máximo em capacidade de expansão, com ganho em produção de grãos.

Câmara (2002) e Arnhold (2004) também praticaram seleção simultânea com base em capacidade de expansão e produção de grãos, utilizando o índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 para capacidade de expansão e 1 para produção de grãos. As famílias endogâmicas eram S_3 e S_4 , respectivamente, e as correlações foram menos desfavoráveis, 0,00 e 0,42, respectivamente.

Com análise dos ganhos realizados, demonstrando a eficiência da seleção, Vilarinho (2001), Santos (2002), Câmara (2002) e Arnhold (2004) recomendaram na seleção de famílias S_1 , S_2 , S_3 e S_4 , visando à produção de linhagens de milho-pipoca, o uso do índice de seleção de Mulamba e Mock, com peso 1 para produção de grãos e pesos variando de 2 a 3 para capacidade de expansão.

É importante salientar ainda, a elevada importância da seleção dentro de famílias endogâmicas, demonstrada nos trabalhos de Santos et al. (2004), Câmara (2002) e Arnhold (2004), respectivamente em famílias S_2 , S_3 e S_4 . Porém, no processo de obtenção de linhagens, deve-se ficar atento também na diminuição da eficiência da seleção dentro, pois, segundo Hallauer e Miranda Filho (1981), após duas gerações de autofecundação ($F = 0,75$) a variância genética aditiva entre é seis vezes maior que dentro de famílias. A endogamia faz aumentar a eficiência da seleção entre famílias, porém diminui a eficiência da seleção entre indivíduos de uma mesma família.

Apesar da diminuição da eficiência da seleção dentro de famílias endogâmicas, mesmo na geração S_4 , Arnhold (2004) estimou variância

genética dentro mais elevada que entre famílias, para capacidade de expansão e produção de grãos, contrariando o que teoricamente era esperado. Também demonstrou a realização de ganhos com seleção dentro, tanto em capacidade de expansão, como em produção de grãos, sendo ambos de magnitude satisfatória.

2.1.2. Seleção de famílias endogâmicas em desempenho híbrido ('topcross')

O principal objetivo do melhorista de milho, segundo Russel et al. (1992), é o desenvolvimento de linhagens que apresentem desempenho superior em combinações híbridas. Portanto, avaliar o desempenho *per se* das linhagens, pelo menos quanto à produção de grãos, não é muito informativo a respeito de seu desempenho em combinações híbridas. Assim, uma boa linhagem de milho-pipoca deve ter um bom desempenho *per se* em produção de grãos, para diminuir o custo da produção de sementes e, principalmente um bom desempenho em capacidade de expansão e produção de grãos em combinação híbrida. Como salientado anteriormente, o desempenho *per se* em capacidade de expansão também é importante, devido à elevada importância que os efeitos aditivos assumem no controle deste caráter, o que leva muitas vezes a heterose nula, ou quase nula.

A principal dificuldade observada no desenvolvimento de linhagens é a avaliação destas, principalmente devido à grande quantidade de material que se obtém ao se iniciar um programa de melhoramento. Visando facilitar os trabalhos de seleção, vários métodos foram propostos, buscando avaliar o comportamento de linhagens e predizer quais seriam as melhores a serem levadas adiante no programa de melhoramento. Um esquema prático e que obteve resultados confiáveis na avaliação da capacidade de combinação de linhagens endogâmicas foi proposto por Davis (1927), o qual sugeriu o uso de 'topcross' (um tipo de teste de famílias) para avaliar a capacidade de combinação de linhagens melhoradas, em um programa de melhoramento para produção de híbridos. Segundo Borém (1998), 'topcross' é um cruzamento entre seleções, linhagens ou clones, com um genitor masculino comum (testador).

No início dos programas de melhoramento, quando se tinham relativamente poucas linhagens, as $n(n-1)/2$ combinações possíveis de determinadas n linhagens poderiam ser testadas para avaliação da performance de seus cruzamentos. Com o avanço dos programas, o número de linhagens aumentou e os cruzamentos das mesmas tornaram-se inviáveis, já que a avaliação das linhagens melhoradas *per se* tem pouco valor, devido à inconsistência da correlação entre caracteres das linhagens e a performance da F_1 (Hallauer e Miranda Filho, 1981; Smith, 1986). Uma alternativa apropriada para avaliação das linhagens é o 'topcross', por possibilitar a discriminação das linhagens melhoradas, levando em conta a capacidade de combinação com um testador de base genética ampla ou estreita.

Depois que Jenkins e Brunson (1932) atestaram a eficiência do 'topcross', este foi amplamente adotado nos programas de melhoramento. Johnson e Hayes (1936) indicaram aumento na eficiência da seleção de linhagens superiores para produção, avaliadas pelo método de 'topcross', devido ao grande número de linhagens que podem ser descartadas com base em um teste preliminar, sendo possível a avaliação das linhagens selecionadas em combinações de híbridos simples ou duplos.

Posteriormente, novos procedimentos para o uso do 'topcross' foram sugeridos, como os métodos de seleção recorrente (Jenkins, 1940; Hull, 1945; Comstock et al., 1949; Lonquist, 1949), que são amplamente utilizados no melhoramento de populações de milho. Na seleção para capacidade geral de combinação, uma população de base genética ampla é usada como testadora, podendo ser uma população parental ou variedade de polinização aberta. Em todas as situações, os genótipos são testados com uma amostra representativa de genótipos do testador, isto é, cada planta da população-base é cruzada com uma amostra de gametas do testador. Portanto, cada 'topcross' é um tipo de família de meios-irmãos.

Baktash et al. (1981), ao estimarem coeficiente de correlação entre 'topcross' e cruzamentos dialélicos envolvendo 10 linhagens, observaram correlações positivas e significativas entre os 'topcross' e os híbridos simples para produção de grãos, número de grãos por espigas e comprimento de espiga, indicando que o método de 'topcross' pode ser usado eficientemente na avaliação de linhagens.

Os termos capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foram descritos por Sprague e Tatum (1942) como sendo, respectivamente, o comportamento médio de uma linhagem em combinações híbridas e o comportamento de certa combinação de linhagens em relação ao desempenho geral das linhagens. Para Miranda Filho e Viégas (1987), a capacidade geral de combinação refere-se ao comportamento médio de uma linhagem em uma série de híbridos, isto é, o comportamento dessa linhagem quando cruzada com várias outras. A capacidade específica de combinação refere-se ao comportamento de uma linhagem quando cruzada com outra, num híbrido simples.

Jenkins (1935) relatou que linhagens melhoradas adquirem sua individualidade, em relação à capacidade de combinação, já no início do processo de melhoramento, permanecendo relativamente estáveis dali em diante.

Outra questão que ainda hoje gera muita controvérsia, pois influencia decisivamente a seleção das linhagens, é a escolha do testador. Green (1948), estudando a herança da capacidade de combinação, concluiu que a capacidade de combinação média de linhagens melhoradas provavelmente não poderia ser medida por um testador de mesma origem das linhagens. A base genética dos testadores é a principal diferença entre capacidades geral e específica de combinação. Para Hallauer e Miranda Filho (1981), tais diferenças são essencialmente em termos de frequências gênicas, pois em um testador de base genética ampla as frequências para os diferentes locos se distribuem na amplitude de 0 a 1. Essa característica faz com que os testadores de base genética ampla sejam usados sob a hipótese de que a superioridade das linhagens selecionadas é devida à sua maior capacidade geral de combinação, a qual está associada aos efeitos gênicos aditivos. No testador de base genética estreita, as frequências gênicas se limitam a 0 ou 1, nas linhagens, e a 0, 1/2 ou 1, nos híbridos simples.

A avaliação de populações por meio de 'topcross' e comportamento *per se* foi estudada por Abel e Pollak (1991), que utilizaram oito testadores, incluindo linhagens e híbridos simples das mesmas. De cada 'topcross' foram colhidas, arbitrariamente, 50 espigas, para avaliação do rendimento de grãos, representando o tamanho da amostra de cada acesso. Os resultados obtidos

indicaram que os testadores classificaram similarmente as populações, para rendimento de grãos, mas extremas diferenças na classificação por diferentes testadores também ocorreram. A classificação das populações com base no comportamento *per se*, para rendimento de grãos, foi diferente da classificação por testadores. Com relação a outras características, como umidade de grãos, volume radicular, resistência ao tombamento, dias para a antese, altura de planta e de espiga, a classificação na avaliação *per se* foi similar à por testadores.

Segundo Bauman (1981), entre os melhoristas de milho, 78% avaliam a capacidade de combinação por 'topcross', usando uma das três primeiras gerações de autofecundação (S_1 , S_2 ou S_3). A avaliação do 'topcross' para a geração S_1 ou S_2 é chamada de teste precoce. Famílias que não apresentam boa "performance" são descartadas precocemente, para permitir o gasto de recursos nas mais promissoras.

Lile e Hallauer (1994), estudando a capacidade de combinação de linhagens em gerações precoce (S_2) e tardia, no processo de melhoramento de duas populações de milho, observaram altas correlações genóticas entre as gerações S_2 e tardia para rendimento de grãos (0,97 para a população BS13(s)CI e 0,86 para a população BSCB1(R)C7). Esses resultados indicam que os dados do 'topcross' na geração S_2 foram altamente preditivos dos dados do 'topcross' da geração S_8 , evidenciando que o teste precoce foi efetivo na discriminação das linhagens, com relação à capacidade de combinação para gerações posteriores de melhoramento.

No trabalho de Gama e Hallauer (1977), caracteres de plantas e espigas de linhagens de milho não foram bons indicadores de seu desempenho em híbridos simples. As correlações da produção de linhagens com produção de híbridos simples foram de 0,09 e 0,11.

Evidências de que as linhas S_1 de mais alta produção tendem a produzir os cruzamentos de mais alta produção, mesmo que nem todas as linhas S_1 o façam, foram encontradas por Genter e Alexander (1966). Apesar disso, os autores observaram que a correlação entre produção de linhas endógamas e seus cruzamentos tende a diminuir com a endogamia continuada, o que poderia ser explicado pela influência de genes deletérios na expressão de genes desejáveis nas linhas endogâmicas. Alguns autores, como Jenkins

(1929), Hayes e Johnson (1939) e Russell e Teich (1967), encontraram correlação positiva entre características de vigor das linhagens e o comportamento de seus híbridos.

Mihaljevic et al. (2005), empregando famílias F_3 a F_6 , estimaram correlações genotípicas entre desempenhos *per se* e em cruzamento. As estimativas para produção variaram de 0,28 a 0,56.

Com base no 'topcross' de 48 famílias S_2 , usando duas linhagens elites como testadores, Presterl et al. (2002) verificaram correlações genotípicas baixas, médias e altas, entre os desempenhos *per se* e em cruzamento, dependendo do caráter e do nível de nitrogênio. Sob baixa disponibilidade deste nutriente, a correlação relativa à produção foi elevada.

Buitrago (1996) fez a comparação de três processos seletivos para identificação de linhagens superiores em duas populações de milho (BR-105 e BR-106), e obteve correlações genéticas entre S_1 *per se* e 'topcross' bem superiores entre as famílias da população BR-106 (0,56-0,57), em comparação com as famílias da população BR-105 (0,18-0,24). Segundo o autor, tais discrepâncias resultaram, possivelmente, de diferenças na estrutura genética nas populações.

Estudos teóricos foram realizados por Smith (1986), a respeito da relação entre linhagens *per se* e o comportamento em 'topcross', para examinar as possíveis razões dos baixos valores das correlações. Os resultados indicaram que, no que concerne a caracteres condicionados por um grande número de locos com dominância completa, espera-se que as correlações entre linhagens *per se* e em 'topcross' sejam menores que 0,5. A baixa correlação entre linhagens *per se* e em 'topcross' indica que a quantidade de ação gênica não-aditiva está afetando de forma significativa o comportamento dos 'topcross'.

Elias et al. (2000) estimaram o coeficiente de correlação classificatória de Spearman entre o desempenho de famílias S_2 e seus híbridos 'topcross'. Constataram que todas as estimativas não diferiram de zero, encontrando-se valores entre -0,0852 e 0,1026, indicando, assim, que a classificação das famílias foi diferente de acordo com o testador utilizado.

Visando avaliar as importâncias relativas do desempenho *per se* e em cruzamento na seleção de famílias S_3 da população de milho-pipoca Beija-Flor,

Câmara (2002) concluiu que, entre as famílias de 'topcross' de maior capacidade de expansão, com efeitos de capacidade geral de combinação positivos, predominaram as provenientes de famílias selecionadas em razão de seu desempenho *per se*. A seleção de famílias com base nos desempenhos individuais e em cruzamento proporcionou estimativas de ganhos equivalentes em qualidade e superiores em produção, para dois dos quatro índices empregados, comparativamente aos critérios que consideraram somente desempenho individual.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

Foram utilizados dados de 290 famílias e 687 plantas S_1 , 253 famílias e 772 plantas S_2 , 229 famílias e 872 plantas S_3 , 249 famílias e 661 plantas S_4 e 174 famílias e 599 plantas S_5 , obtidas da população Viçosa, pertencente ao banco de germoplasma do Setor de Genética, do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Viçosa. Também foram utilizados dados de um ensaio de híbridos 'topcross', obtidos do cruzamento entre famílias S_3 da população Viçosa com a população Beija-Flor ciclo 1 (testadora), sendo esta última também pertencente à mesma instituição, departamento e setor.

3.2. Métodos

3.2.1. Testes de famílias endogâmicas

O teste de famílias S_1 foi instalado em delineamento inteiramente casualizado. Os demais testes de famílias endogâmicas foram delineados em blocos incompletos, proposto por Federer (1955). Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 30 plantas, o que equivale a uma densidade de 66.666

plantas por hectare. O espaçamento entre fileiras foi de 0,9 m. Por ocasião do plantio foram usados 350 kg.ha⁻¹ da formulação NPK 04-14-08 e na adubação de cobertura foi usado sulfato de amônio, na dosagem de 60 kg.ha⁻¹. Procurou-se autofecundar pelo menos cinco plantas superiores em desenvolvimento vegetativo dentro de cada progênie. Os experimentos foram instalados em lotes isolados no tempo e as testemunhas foram despendoadas, garantindo a recombinação apenas entre as famílias.

Os testes de famílias S₁, S₂, S₃, S₄ e S₅ foram avaliados em Viçosa, Minas Gerais, respectivamente nas seguintes safras: 2000/2001, 2001/2002, 2002/2003, 2003/2004 e 2004/2005.

No teste de famílias S₁ foi utilizado como testemunha o híbrido simples modificado IAC 112. Nos testes de famílias S₂ e S₃, as testemunhas foram IAC 112 e Zélia. Nestes três testes, as testemunhas foram intercaladas a cada dez famílias. Nos testes de famílias S₄ e S₅, as testemunhas foram IAC 112 e uma família S₆ obtida da população Beija-Flor. Nestes dois últimos testes, as testemunhas foram distribuídas aleatoriamente entre as famílias.

Os caracteres avaliados por parcela foram: estande final (covariável), produção de grãos (kg.ha⁻¹), umidade dos grãos (%) e capacidade de expansão (CE) - relação entre o volume de pipoca e o peso de grãos (mL.g⁻¹).

Os dados de produção de grãos foram corrigidos para a umidade padrão de 14,5%, em base úmida, antes das análises estatísticas, utilizando-se a seguinte expressão:

$$PG_c = PG \cdot \frac{(100 - U)}{85,5},$$

sendo PG o peso de campo e U a umidade (%).

Os dados de produção também foram corrigidos para o estande de 30 plantas por parcela, utilizando-se o método da covariância proposto por Vencovsky e Cruz (1991), de acordo com a seguinte expressão:

$$Z_{ij} = Y_{ij} - b(ST - 30),$$

em que:

Z_{ij} é o rendimento corrigido da j -ésima repetição do tratamento i ;

Y_{ij} é o rendimento do tratamento i na repetição j ;

b é o coeficiente de regressão residual de Y_{ij} em função do estande final; e ST é o estande final.

O coeficiente b é obtido pela seguinte expressão:

$$b = \frac{Cov_r(PG, ST)}{V_r(ST)},$$

sendo $Cov_r(PG, ST)$ a covariância residual entre peso de grãos e estande final, e $V_r(ST)$ a variância residual da característica estande final.

Na determinação da capacidade de expansão, foram utilizadas amostras de 30 g de grãos de cada parcela, e 10 g de cada planta autofecundada. Para o pipocamento foi utilizada uma pipoqueira de ar quente com 1200 watts de potência. O sistema empregado consiste em colocar os grãos no recipiente da pipoqueira quando a temperatura atinge 100°C. Esse processo de pré-aquecimento é recomendado pelos melhoristas de milho-pipoca, com o objetivo de reduzir à variação existente entre mensurações.

3.2.1.1. Análises de variância

As análises de variância foram feitas considerando delineamento em blocos incompletos (Federer, 1955) (Tabela 1).

O modelo estatístico para esta análise é (Cruz et al., 2004):

$$Y_{ij} = \mu + t_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} = valor da característica para o i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco;

μ = constante associada ao modelo;

t_i = efeito do i -ésimo tratamento, que pode ser decomposto em:

T_i = efeito da i -ésima testemunha, com $i = 1, 2 \dots t$;

G_i = efeito do i -ésimo genótipo, com $i = 1, 2 \dots g$;

B_j = efeito do j -ésimo bloco, com $j = 1, 2, \dots b$;

ε_{ij} = erro aleatório.

Tabela 1. Esquema da análise de variância de experimento no delineamento em blocos incompletos, com f famílias não repetidas e t testemunhas repetidas r vezes^{1/}

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	r - 1	QMB	-
Famílias	f - 1	QMF	$\sigma_{PeF}^2 = \sigma^2 + \sigma_{GeF}^2$
Testemunhas	t - 1	QMT	-
F. vs. T.	1	QMFvsT	-
Resíduo	(r - 1)(t - 1)	QMR	σ^2

3.2.1.2. Estimação de parâmetros genéticos

Os componentes de variância foram estimados pelo método dos momentos, a partir da análise de variância.

3.2.1.2.1. Variâncias genotípicas entre e dentro de famílias

O estimador da variância genotípica entre é

$$\hat{\sigma}_{GeF}^2 = QMF - QMR$$

O estimador da variância genotípica dentro de família é

$$\hat{\sigma}_{GdF}^2 = \hat{\sigma}_{PdF}^2 - \hat{\sigma}_d^2$$

em que:

$\hat{\sigma}_{PdF}^2$ é a variância fenotípica média dentro de famílias;

$\hat{\sigma}_d^2$ é a variância fenotípica média dentro do IAC 112 (ensaio das gerações S₁, S₂ e S₃) ou da família S₆ (ensaio das gerações S₄ e S₅).

O IAC 112 é um híbrido simples modificado e, portanto, assim como a família S₆, possui variância genotípica desprezível.

Para obtenção das variâncias dentro de famílias, foram utilizados os dados de produção de grãos e capacidade de expansão das espigas autofecundadas. A estimativa da variância fenotípica dentro foi obtida pela média ponderada das variâncias fenotípicas dentro de cada família. A variância residual foi obtida pela média das variâncias dentro de cada fileira da testemunha IAC 112, nos testes de famílias S₁, S₂ e S₃, e pela média das variâncias em cada fileira da testemunha família S₆ de Beija-Flor, nos testes de

famílias S₄ e S₅. A variância genotípica foi obtida pela diferença entre variâncias fenotípica e ambiental.

3.2.1.2.2. Variâncias genotípicas ao nível de planta

O estimador da variância genotípica ao nível de planta é

$$\hat{\sigma}_{GT}^2 = \hat{\sigma}_{PT}^2 - \hat{\sigma}_{AT}^2$$

em que:

$\hat{\sigma}_{PT}^2$ é a variância fenotípica total de plantas autofecundadas;

$\hat{\sigma}_{AT}^2$ é a variância fenotípica total do IAC 112 (ensaios das gerações S₁, S₂ e S₃) ou da família S₆ (ensaios das gerações S₄ e S₅).

3.2.1.2.3. Herdabilidades

A herdabilidade em nível de média de família é dada por

$$h_{eF}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{GeF}^2}{\hat{\sigma}_{PeF}^2}$$

A herdabilidade ao nível de planta dentro de família é

$$h_{dF}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{GdF}^2}{\hat{\sigma}_{PdF}^2}$$

A herdabilidade ao nível de planta é

$$h_p^2 = \frac{\hat{\sigma}_{GT}^2}{\hat{\sigma}_{PT}^2}$$

3.2.1.3. Correlações genotípicas

As associações genotípicas, quantificadas pela correlação, podem contribuir, mas também podem ser um obstáculo no processo de melhoramento em que se desejam obter ganhos genéticos para duas ou mais características. Visando avaliar os efeitos indiretos dos processos de seleção, foram estimadas correlações genotípicas entre capacidade de expansão e produção de grãos. A correlação genotípica entre os caracteres X e Y é, genericamente,

$$\rho_{G_{X,Y}} = \frac{\sigma_{G_{XY}}}{\sqrt{\sigma_{G_X}^2 \sigma_{G_Y}^2}}$$

sendo $\sigma_{G_{XY}}$ a covariância genotípica, cujo estimador é

$$\hat{\sigma}_{G_{XY}} = \frac{\hat{\sigma}_{G_{(X+Y)}}^2 - \hat{\sigma}_{G_X}^2 - \hat{\sigma}_{G_Y}^2}{2}$$

em que $\hat{\sigma}_{G_{(X+Y)}}^2$, $\hat{\sigma}_{G_X}^2$ e $\hat{\sigma}_{G_Y}^2$ são os estimadores das variâncias genotípicas para as variáveis X+Y, X e Y, respectivamente.

3.2.1.4. Ganhos genéticos preditos

O ganho direto com seleção é, genericamente

$$\Delta G = p \cdot DS \cdot h^2$$

em que:

p é o controle parental (p = 1);

DS é o diferencial de seleção;

h^2 é a herdabilidade.

O ganho indireto em Y, devido à seleção com base em X é

$$\Delta G_{Y(X)} = p \cdot DS_{Y(X)} \cdot h_Y^2$$

em que:

p é o controle parental (p = 1);

$DS_{Y(X)}$ é o diferencial de seleção indireto, obtido em função da média do caráter Y dos indivíduos selecionados, cuja superioridade é evidenciada com base no caráter X; e

h_Y^2 é a herdabilidade do caráter Y.

3.2.2. Teste de híbridos 'topcross'

Foram avaliados 135 híbridos 'topcross' em Capinópolis-MG, na Central de Experimentação, Pesquisa e Extensão do Triângulo Mineiro (CEPET), na safra 2003/2004. O experimento foi instalado no delineamento em blocos completos, com três repetições. As testemunhas foram IAC 112, Zélia, BRS Angela, Viçosa, Viçosa ciclo 1, Viçosa ciclo 2, Beija-Flor, Beija-Flor ciclo 1 (testador) e Beija-Flor ciclo 2. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 30 plantas, o que equivale a uma densidade de 66.666 plantas por hectare. O espaçamento entre fileiras foi de 0,9 m. Por ocasião do plantio,

foram usados 350 kg.ha⁻¹ da formulação NPK 04-14-08 e, na adubação de cobertura foi usado sulfato de amônio na dosagem de 60 kg.ha⁻¹.

Os caracteres avaliados por parcela foram: estande final, produção de grãos (kg.ha⁻¹), umidade dos grãos (%) e capacidade de expansão, cujos valores foram obtidos utilizando pipoqueira de ar quente e a pipoqueira Metric Weight Volume Tester (MWVT). Excetuando a avaliação de capacidade de expansão na MWVT, as correções de estande, umidade e mensuração de capacidade de expansão em pipoqueira de ar quente, seguem a mesma metodologia do item 3.2.1.

A capacidade de expansão mensurada na MWVT foi obtida a partir de amostras de 250 g.

Foi realizada análise de variância para produção de grãos e capacidade de expansão adotando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

em que

Y_{ij} = valor observado no i-ésimo tratamento (combinação híbrida ou testemunha) ($i = 1, 2, \dots, t$), no j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, r$);

μ = média geral do ensaio;

t_i = efeito do i-ésimo tratamento;

b_j = efeito do j-ésimo bloco; e

ε_{ij} = erro aleatório associado à observação Y_{ij} .

Os efeitos de testemunhas foram considerados fixos e os demais aleatórios. O esquema da análise de variância encontra-se na Tabela 2.

Tabela 2. Esquema da análise de variância de um experimento em blocos casualizados com b repetições

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	b - 1	QMB	-
Tratamentos	t - 1	QMT	-
Híbridos 'topcross'	h - 1	QMH	$\sigma^2 + b\sigma_h^2$
Testemunhas	te - 1	QMTe	-
Híb. vs Test.	(h - 1)(te - 1)	QMH vs Te	-
Resíduo	(b - 1)(t - 1)	QMR	σ^2
Total	bt - 1	QMTotal	

3.2.3. Métodos de seleção

3.2.3.1. Seleção massal

A seleção massal consiste em selecionar as plantas superiores para os caracteres considerados na seleção.

3.2.3.2. Seleção entre e dentro

A seleção entre e dentro consiste em selecionar famílias e, posteriormente selecionar as melhores plantas dentro das famílias selecionadas.

3.2.3.3. Seleção combinada de famílias, seguida de seleção dentro

A seleção combinada consiste em selecionar famílias com base no índice de seleção combinada proposto a seguir e, posteriormente, selecionar as melhores plantas dentro de cada família selecionada.

O índice de seleção combinada proposto é representado matematicamente por:

$$IC = b_1 P_{S_{n-1}} + b_2 \bar{P}_{FSn}$$

em que:

$P_{S_{n-1}}$ é o valor fenotípico da planta S_{n-1} ;

\bar{P}_{FS_n} é o valor fenotípico da família S_n , descendente da planta S_{n-1} ;

b_1 é o peso do valor fenotípico individual;

b_2 é o peso do valor fenotípico médio da família;

Os pesos b_1 e b_2 são os que minimizam a variância da diferença entre o índice (I) e o valor genético aditivo da planta $S_{n-1}(A_{S_{n-1}})$. Assim, $V(I - A_{S_{n-1}}) = V(I) + V(A_{S_{n-1}}) - 2Cov(I, A_{S_{n-1}})$, Então,

$$V(I) = b_1^2 \sigma_{PS_{n-1}}^2 + b_2^2 \sigma_{PaS_{n-1}}^2 + 2b_1 b_2 Cov(P_{S_{n-1}}, \bar{P}_{FS_n})$$

ou

$$V(I) = b_1^2 \sigma_{PS_{n-1}}^2 + b_2^2 \sigma_{PaS_{n-1}}^2 + 2b_1 b_2 Cov(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FS_n})$$

em que,

$\sigma_{PS_{n-1}}^2$ é a variância dos valores fenotípicos das plantas S_{n-1} ;

$\sigma_{PaS_{n-1}}^2$ é a variância dos valores fenotípicos das famílias S_n ; e

$Cov(P_{S_{n-1}}, \bar{P}_{FS_n}) = Cov(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FS_n})$ é a covariância entre o valor fenotípico de planta S_{n-1} e o valor fenotípico médio de família S_n , que é igual à covariância entre o valor genotípico de planta S_{n-1} ($G_{S_{n-1}}$) e o valor genotípico médio de família S_n (\bar{G}_{FS_n}).

O valor genotípico de planta S_{n-1} é dado por:

$$G_{S_{n-1}} = M_{S_n} + A_{S_{n-1}} + D_{S_{n-1}} + 2F_{S_{n-1}} \sum_{i=1}^k p_i q_i d_i$$

O valor genotípico de família S_n é dado por:

$$\bar{G}_{FS_n} = M_{S_n} + A_{S_{n-1}} + \bar{D}_{FS_n} + 2F_{S_n} \sum_{i=1}^k p_i q_i d_i$$

em que,

M_{S_n} é a média da geração S_n ;

$A_{S_{n-1}}$ é o valor genético aditivo da planta S_{n-1} ;

$D_{S_{n-1}}$ é o valor genético devido a dominância de planta S_{n-1} ;

\bar{D}_{FS_n} é o valor genético devido a dominância ao nível de família S_n ;

$F_{S_{n-1}}$ o coeficiente de endogamia da geração S_{n-1} ;

F_{S_n} o coeficiente de endogamia da geração S_n .

Logo, a variância da diferença entre o índice e o valor genético aditivo de planta S_{n-1} é:

$$\begin{aligned} V(I - A_{S_{n-1}}) &= b_1^2 \sigma_{PS_{n-1}}^2 + b_2^2 \sigma_{FSn}^2 + 2b_1 b_2 \text{Cov}(G_{PS_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) + V(A_{S_{n-1}}) - 2\text{Cov}(I, A_{S_{n-1}}) \\ &= b_1^2 \sigma_{PS_{n-1}}^2 + b_2^2 \sigma_{FSn}^2 + 2b_1 b_2 (A_{S_{n-1}}) + 2b_1 b_2 \text{Cov}(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) + 2b_1 b_2 \text{Cov}(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) \\ &+ 2b_1 b_2 \text{Cov}(\bar{D}_{FSn}, D_{S_{n-1}}) + V(A_{S_{n-1}}) - 2(b_1 + b_2)V(A_{S_{n-1}}) - 2b_1 \text{Cov}(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) \\ &- 2b_2 \text{Cov}(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) \end{aligned}$$

Derivando e igualando a zero, resulta que

$$\begin{aligned} \frac{\partial V(I - A_{S_{n-1}})}{\partial b_1} &= 2\hat{b}_1 \sigma_{PS_{n-1}}^2 + 2\hat{b}_2 V(A_{S_{n-1}}) + 2\hat{b}_2 \text{Cov}(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) + 2\hat{b}_2 \text{Cov}(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) \\ &+ 2\hat{b}_2 \text{Cov}(D_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) - 2V(A_{S_{n-1}}) - 2\text{Cov}(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) = 0 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial V(I - A_{S_{n-1}})}{\partial b_2} &= 2\hat{b}_2 \sigma_{PaFSn}^2 + 2\hat{b}_1 V(A_{S_{n-1}}) + 2\hat{b}_1 \text{Cov}(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) + 2\hat{b}_1 \text{Cov}(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) \\ &+ 2\hat{b}_1 \text{Cov}(D_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) - 2V(A_{S_{n-1}}) - 2\text{Cov}(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) = 0 \end{aligned}$$

Ou ainda,

$$\begin{bmatrix} \sigma_{PS_{n-1}}^2 & \text{Cov}(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) \\ \text{Cov}(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) & \sigma_{PaFSn}^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2F_{Sn} \sigma_A^2 + \text{Cov}(A_{S_{n-1}}, D_{S_{n-1}}) \\ 2F_{Sn} \sigma_A^2 + \text{Cov}(A_{S_{n-1}}, \bar{D}_{FSn}) \end{bmatrix}$$

Então,

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix} = \frac{1}{\det} \begin{bmatrix} \sigma_{PaFSn}^2 & -\text{Cov}(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) \\ -\text{Cov}(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) & \sigma_{PS_{n-1}}^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \overbrace{2F_{Sn} \sigma_A^2 + (2F_{Sn} - 1) 4 \sum_{i=1}^k p_i q_i (p_i - q_i) \alpha_i d_i}^a \\ \underbrace{2F_{Sn} \sigma_A^2 + \left(\frac{3F_{Sn} - 1}{2}\right) 4 \sum_{i=1}^k p_i q_i (p_i - q_i) \alpha_i d_i}_b \end{bmatrix}$$

em que:

$$\det = \sigma_{PS_{n-1}}^2 \sigma_{PaFSn}^2 - [\text{Cov}(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn})]^2$$

p_i é a frequência do alelo que aumenta a expressão do caráter no loco i ;

q_i é a frequência do alelo que diminui a expressão do caráter no loco i ;

α_i é o efeito médio da substituição gênica no loco i ;

d_i é o desvio entre o valor genotípico do heterozigoto e a média dos valores genotípicos dos homozigotos (desvio de dominância), em relação ao loco i .

Considerando (a) e (b) desprezíveis, resulta que:

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix} = \frac{1}{\sigma_{P_{S_{n-1}}}^2 \sigma_{P_{aFSn}}^2 - [\text{Cov}(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn})]^2} \begin{bmatrix} \sigma_{P_{aFSn}}^2 - \text{Cov}(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) \\ \sigma_{P_{S_{n-1}}}^2 - \text{Cov}(G_{S_{n-1}}, \bar{G}_{FSn}) \end{bmatrix}$$

3.2.4. Aplicação e avaliação dos métodos de seleção

Nos ensaios de famílias S_n analisados, cada geração S_n foi avançada por seleção massal de S_0 até S_5 . Porém, algumas plantas não selecionadas também foram avançadas. Os métodos de seleção propostos foram aplicados nestes ensaios (ver material), em dois esquemas diferentes.

3.2.4.1. Primeiro esquema de seleção

No primeiro esquema, fez-se seleção em S_{n-1} , utilizando cada método proposto. Em seguida, foram obtidas e comparadas às médias das descendências S_n , obtidas por cada método de seleção aplicado em S_{n-1} . Assim, um método é considerado relativamente mais eficiente, quando a descendência obtida pelo mesmo possuir média superior à descendência obtida pelos demais métodos avaliados.

Na avaliação da eficiência relativa de cada método, obtiveram-se também, as diferenças entre a média das famílias (S_n) descendentes das selecionadas por cada método em S_{n-1} , com a média geral de famílias do ensaio S_n . Estas diferenças foram chamadas de ganhos realizados. E também, foram obtidas as diferenças entre a média das descendentes das selecionadas por cada método, com a média da testemunha comum (IAC 112) em cada ensaio.

Como nem todas as selecionadas em S_{n-1} estavam presentes em S_n , as descendências avaliadas foram consideradas amostras das selecionadas por cada método.

Assim, selecionou-se em S_1 e avaliou-se em S_2 , selecionou-se em S_2 e avaliou-se em S_3 , selecionou-se em S_3 e avaliou-se em S_4 e, selecionou-se em S_4 e avaliou-se em S_5 . Portanto, foram quatro ciclos de seleção, realizados em

cada ensaio de famílias S_1 , S_2 , S_3 e S_4 . As avaliações da eficiência relativa de cada método foram feitas, respectivamente, nos ensaios de famílias S_2 , S_3 , S_4 e S_5 .

É importante destacar que, a seleção com base em um método em S_n não foi realizada somente na descendência das selecionadas em S_{n-1} , mas em todas as famílias e ou plantas de cada ensaio. Assim, cada método aplicado em uma geração não tem ligação com as suas seleções anteriores.

Neste primeiro esquema, foram selecionados os seguintes números de famílias e plantas dentro de cada ensaio:

Na seleção massal, selecionou-se 300, 150, 100 e 20 plantas superiores em capacidade de expansão, respectivamente nos ensaios de famílias S_1 , S_2 , S_3 e S_4 . Selecionou-se também, o mesmo número de plantas em cada ensaio, simultaneamente em capacidade de expansão e produção de grãos, com auxílio do índice de Mulamba e Mock (1978), com peso 3 em capacidade de expansão e 1 em produção de grãos.

Na seleção entre e dentro e na seleção combinada, considerando somente capacidade de expansão, selecionou-se 150 famílias e 300 plantas, 150 famílias e 150 plantas, 100 famílias e 100 plantas e 20 famílias e 20 plantas, respectivamente nos ensaios de famílias S_1 , S_2 , S_3 e S_4 . A mesma quantidade de selecionadas foi obtida em cada ensaio por seleção simultânea em capacidade de expansão e produção de grãos, com auxílio do índice de Mulamba e Mock (1978), com peso 3 em capacidade de expansão e 1 em produção de grãos.

Os ganhos genéticos preditos também foram computados, com o objetivo de fazer algumas considerações teóricas entre os métodos.

3.2.4.2. Segundo esquema de seleção

No segundo esquema de avaliação dos métodos, os procedimentos foram semelhantes. Porém, neste caso, a seleção com base em um método em S_n foi realizada somente na sua descendência, obtida por seleção em S_{n-1} . Desta forma, partiu-se de S_1 com um número igual de famílias e plantas para todos os métodos, sendo que a partir de S_2 o número de famílias e plantas já era diferente para cada método. De uma geração para outra, se obteve apenas amostras de famílias descendentes das selecionadas por cada método, assim,

houve tendência, em geral, de queda acentuada do número de famílias e plantas de S₁ até S₅.

Neste esquema, só foi feita seleção em capacidade de expansão. Para os três métodos utilizados, o ensaio S₁ foi igual ao utilizado no primeiro esquema. O número de selecionadas também. A partir de S₂, selecionou-se em torno de 30% a 35% de plantas em cada geração.

Com seleção massal, obteve-se 244 famílias e 670 plantas em S₂, 196 famílias e 738 plantas em S₃, 204 famílias e 525 plantas em S₄ e, 124 famílias em S₅.

Com seleção entre e dentro, obteve-se 150 famílias e 304 plantas em S₂, 99 famílias e 200 plantas em S₃, 61 famílias e 126 plantas em S₄ e, 28 famílias em S₅.

Com seleção combinada, obteve-se 142 famílias e 308 plantas em S₂, 95 famílias e 195 plantas em S₃, 56 famílias e 121 plantas em S₄ e, 23 famílias em S₅.

A avaliação da eficiência relativa dos métodos, neste segundo esquema, foi feita apenas pela comparação das médias de famílias, obtidas por cada método, nos ensaios S₂, S₃, S₄ e S₅.

3.2.5. Avaliação da importância do desempenho *per se* de famílias S₃, como preditor do desempenho em híbridos 'topcross'

Para avaliar a importância do desempenho *per se* de famílias S₃ como preditor em cruzamento 'topcross', foi feita a correlação entre o desempenho *per se* de famílias S₃ com o desempenho em híbrido 'topcross', considerando capacidade de expansão e produção de grãos. Se a correlação for elevada, espera-se que as famílias de maior desempenho *per se* tenham o melhor desempenho em cruzamento para a característica cuja correlação foi elevada.

Foram selecionados 10 híbridos 'topcross' em capacidade de expansão, dentro de um conjunto de híbridos com produção de grãos acima de 3000 kg.ha⁻¹. A seguir, foi avaliada a capacidade de expansão das 10 famílias S₃ que deram origem a estes híbridos. Com esta análise, será observado se os híbridos 'topcross' de maior capacidade de expansão são formados por famílias S₃ com capacidade de expansão elevada.

3.2.6. Seleção de quatro grupos de 20 famílias S₅

Selecionaram-se quatro grupos de 20 famílias S₅, com finalidade de utilização futura, em cruzamentos dialélicos. Os quatro grupos foram obtidos das seguintes formas:

- o primeiro grupo foi obtido pela seleção de 20 plantas superiores em capacidade de expansão, dentro de um conjunto de 395 plantas obtidas por seleção massal em capacidade de expansão, pelo segundo esquema de seleção. A seleção foi com base na capacidade de expansão de planta autofecundada, porém, selecionou-se a família da qual a planta selecionada faz parte.

- o segundo grupo foi obtido pela seleção de 20 famílias superiores em capacidade de expansão, dentro de um conjunto de 28 famílias obtidas por seleção entre e dentro em capacidade de expansão, pelo segundo esquema de seleção.

- o terceiro grupo foi obtido pela seleção combinada de 20 famílias em capacidade de expansão, dentro de um conjunto de 23 famílias obtidas por seleção combinada em capacidade de expansão, pelo segundo esquema de seleção.

- o quarto grupo foi obtido pela seleção de 20 famílias superiores em capacidade de expansão, dentro de um conjunto de 69 famílias S₅. Estas 69 famílias são descendentes de 100 famílias S₃, que formaram 100 híbridos 'topcross' com maior capacidade de expansão, em um conjunto de híbridos com produtividade acima de 3000 kg.ha⁻¹.

Nos cruzamentos dialélicos, cada família S₅ será representada por um "buck" de sementes, obtido das plantas autofecundadas dentro da mesma. Como ainda deve existir algum grau de heterozigose entre plantas de uma mesma família, eliminaram-se, dentro de cada família, as plantas de valores de capacidade de expansão discrepantes.

O procedimento de eliminação consistiu na obtenção da amplitude de capacidade de expansão, das plantas autofecundadas do IAC 112. A amplitude obtida (11 mL.g⁻¹) foi dividida por dois. O valor obtido (5,5 mL.g⁻¹) foi somado e subtraído da média de cada família S₅ selecionada. Assim, foram eliminadas as plantas que possuem capacidade de expansão acima ou abaixo de 5,5 mL.g⁻¹, em relação a média de plantas autofecundadas da família a qual faz parte.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises de variância de famílias endogâmicas

No ensaio da primeira geração de autofecundação (famílias S_1), verificou-se variabilidade genotípica em relação a capacidade de expansão e produção de grãos das famílias (Tabela 4). Assim, foi possível praticar seleção visando o aumento da frequência de genes favoráveis a maior produtividade e melhor qualidade.

Considerando o contraste de média de famílias versus média da testemunha IAC 112 (híbrido simples), as diferenças não foram significativas para produção de grãos, apesar da maior produtividade média do híbrido (Tabela 4). As médias baixas revelam um ambiente desfavorável para produtividade nas condições experimentais (Tabela 4). No entanto, uma família S_1 teve média de $3854,3 \text{ kg.ha}^{-1}$, excelente para milho-pipoca. Quanto a capacidade de expansão, a diferença foi significativa (Tabela 4). As famílias foram, em média, bastante inferiores em qualidade ($23,3 \text{ mL.g}^{-1}$) em comparação com o híbrido ($35,3 \text{ mL.g}^{-1}$). Porém, estimou-se uma capacidade de expansão máxima de $40,0 \text{ mL.g}^{-1}$, ou seja, uma excelente qualidade de pipoca.

Com a análise dos coeficientes de variação da primeira geração de autofecundação (Tabela 4), verifica-se um baixo controle dos fatores não introduzidos intencionalmente no experimento. Considerando produção de

grãos, o coeficiente de variação de 34,2% é considerado muito alto por Scapim et al. (1995).

Tabela 4. Análises de variância assumindo delineamento inteiramente ao acaso com testemunhas intercalares, em relação a produção de grãos (PG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL.g⁻¹) de famílias S₁

FV	GL	QM	
		PG	CE
Famílias	289	335409,6341 *	31,3666*
F vs T	1	671682,9405 ^{ns}	4123,9662 **
Resíduo	31	223126,5222	20,0951
Máximo de Famílias		3854,3	40,0
Média de Famílias		1367,5	23,3
Mínimo de Famílias		106,1	6,7
Média do IAC 112		1520,1	35,3
CV (%)		34,2	18,3

* significativo a 10%;** significativo a 5%; ^{ns} não significativo

Com relação a capacidade de expansão, com base em um conjunto de coeficientes de variação encontrados na literatura (Tabela 5), o coeficiente de variação estimado será considerado alto quando superior a média do conjunto, ou baixo quando inferior a média do conjunto. Como o valor estimado para o coeficiente de variação para capacidade de expansão (18,3%) em famílias S₁ foi superior a média do conjunto de trabalhos (14%), apresentado na Tabela 5, pode-se considerar que a precisão experimental também foi baixa para esta variável.

No ensaio da segunda geração de autofecundação (famílias S₂), também se verificou variabilidade genotípica para capacidade de expansão e produção de grãos das famílias (Tabela 6). Assim, foi possível praticar seleção visando o aumento da frequência de genes favoráveis ao aumento da produtividade e da qualidade.

Não ocorreram diferenças significativas entre as testemunhas para produção de grãos (Tabela 6). As médias mais elevadas para esta variável indicam que o ambiente experimental foi mais favorável à produtividade quando comparado com as condições experimentais do ensaio de famílias S₁. Considerando capacidade de expansão, a média de Zélia (34,4 mL.g⁻¹) foi significativamente superior a média do IAC 112 (32,4 mL.g⁻¹).

Tabela 5. Coeficientes de variação em porcentagem (CV %) para capacidade de expansão, em oito trabalhos encontrados na literatura

Referência	CV (%)
Carpentieri-Pipolo et al. (2005)	10,8
Santos et al. (2004)	19,2
Simon et al. (2004)	9,7
Simon et al. (2004)	9,1
Miranda et al. (2003)	15,0
Matta e Vianna (2003)	12,7
Vilarinho et al. (2002)	16,4
Vilarinho et al. (2002)	14,9
Vendruscolo et al. (2001)	13,8
Pacheco et al. (1998)	17,7
Pacheco et al. (1998)	15,1
Média	14,0

Considerando o contraste de famílias versus testemunhas (IAC 112 e Zélia), as diferenças foram significativas para produção de grãos e capacidade de expansão (Tabela 6), evidenciando uma maior produtividade e qualidade dos híbridos (testemunhas). Porém, observaram-se famílias superiores aos híbridos para estas características.

Tabela 6. Análises de variância assumindo delineamento em blocos incompletos, em relação à produção de grãos (PG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL.g⁻¹) de famílias S₂

FV	GL	QM	
		PG	CE
Blocos	25	663347,4243 **	11,4493 ^{ns}
Famílias	252	498028,5931 *	40,4547 **
Testemunhas	1	608,1050 ^{ns}	50,0741 *
F vs T	1	52887030,3364 **	2115,9711 **
Resíduo	27	242780,2202	14,8090
Máximo de Famílias		3872,4	43,0
Média de Famílias		1859,5	26,7
Mínimo de Famílias		162,8	3,5
Média do IAC 112		2961,1	32,4
Média de Zélia		2954,4	34,4
CV (%)		24,1	13,8

* significativo a 10%; ** significativo a 5%; ^{ns} não significativo

Com a análise dos coeficientes de variação da segunda geração de autofecundação (Tabela 6), verifica-se um melhor controle dos fatores não introduzidos intencionalmente no experimento, quando comparado com o ensaio de famílias S₁. Considerando produção de grãos, o coeficiente de variação de 24,1% é considerado muito alto por Scapim et al. (1995). Considerando capacidade de expansão, o coeficiente de variação (13,8%) pode ser considerado baixo, pois esta abaixo do valor médio normalmente encontrado na literatura (Tabela 5).

No ensaio da terceira geração de autofecundação (famílias S₃), também ocorreu variabilidade genotípica para capacidade de expansão e produção de grãos das famílias (Tabela 7). Assim, novamente foi possível praticar seleção visando o aumento da frequência de genes favoráveis ao aumento da produtividade e da qualidade.

Não ocorreram diferenças significativas entre as testemunhas para produção de grãos e capacidade de expansão (Tabela 7). As médias mais elevadas para produção de grãos indicam que o ambiente experimental foi mais favorável à produtividade quando comparado com as condições experimentais do ensaio de famílias S₁ e S₂.

Considerando o contraste famílias versus testemunhas (IAC 112 e Zélia), as diferenças foram significativas para produção de grãos e capacidade de expansão (Tabela 7), evidenciando uma maior produtividade e qualidade dos híbridos (testemunhas). Porém, observaram-se novamente famílias superiores aos híbridos para estas características.

Com a análise dos coeficientes de variação (Tabela 7), verifica-se, pela classificação de Scapim et al. (1995), uma alta variação experimental para produção de grãos (26,8%). Considerando a capacidade de expansão, o coeficiente de variação (8,8%) pode ser considerado baixo, pois é muito inferior ao valor médio apresentado em vários artigos encontrados na literatura (Tabela 5).

Tabela 7. Análises de variância assumindo delineamento em blocos incompletos, em relação à produção de grãos (PG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL.g⁻¹) de famílias S₃

FV	GL	QM	
		PG	CE
Blocos	22	641792,8037 ^{ns}	15,6700 ^{**}
Famílias	228	641630,7879 [*]	22,3677 [*]
Testemunhas	1	190444,1375 ^{ns}	1,5188 ^{ns}
F vs T	1	54804036,6508 ^{**}	780,3557 ^{**}
Resíduo	20	372884,6149	6,3556
Máximo de Famílias		4418,9	51,1
Média de Famílias		2083,7	28,0
Mínimo de Famílias		103,2	14,2
Média do IAC 112		3256,3	33,0
Média de Zélia		3375,8	32,3
CV (%)		26,8	8,8

* significativo a 10%; ** significativo a 5%; ^{ns} não significativo

No ensaio da quarta geração de autofecundação (famílias S₄), também ocorreu diferenças significativas entre as estimativas de médias de capacidade de expansão e produção de grãos das famílias (Tabela 8). Assim, foi possível praticar seleção visando o aumento da frequência de genes favoráveis ao aumento da produtividade e da qualidade.

Também ocorreram diferenças significativas entre as testemunhas para produção de grãos e capacidade de expansão (Tabela 8). A testemunha IAC 112 foi superior em produção de grãos e capacidade de expansão, em relação à média da família S₆ da população de milho-pipoca Beija-flor, também usada como testemunha.

Considerando o contraste de famílias versus testemunhas (IAC 112 e família S₆ da população Beija-flor), as diferenças também foram significativas para produção de grãos e capacidade de expansão (Tabela 8), evidenciando uma maior produtividade e qualidade das testemunhas. Porém, observa-se (Tabela 8) média equivalente de famílias S₅ da população Viçosa e média de família S₆ da população Beija-flor, para produção de grãos e capacidade de expansão. A menor produtividade média das famílias em relação ao IAC 112 é devida, principalmente, aos efeitos deletérios da endogamia.

Com a análise dos coeficientes de variação (Tabela 8), verifica-se um controle adequado dos fatores de variação não introduzidos intencionalmente no experimento. Verifica-se, pela classificação de Scapim et al. (1995), uma variação experimental média para produção de grãos (17,3%). Considerando a capacidade de expansão, o coeficiente de variação (7,8%) pode ser considerado baixo, pois é muito inferior ao valor médio normalmente encontrado na literatura (Tabela 5).

Tabela 8. Análises de variância assumindo delineamento em blocos incompletos, em relação à produção de grãos (PG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL.g⁻¹) de famílias S₄

FV	GL	QM	
		PG	CE
Blocos	11	497446,6463 ^{ns}	14,1633 ^{ns}
Famílias	248	508894,8529 *	18,1971 *
Testemunhas	1	18166190,3056 **	57,6000 **
F vs T	1	16716979,7581 **	74,8343 **
Resíduo	4	145201,2147	4,7111
Máximo de Famílias		4796,7	39,9
Média de Famílias		2147,9	27,7
Mínimo de Famílias		418,0	9,6
Média do IAC 112		4420,0	32,3
Média da família S ₆		2148,6	27,6
CV (%)		17,3	7,8

* significativo a 10%; ** significativo a 5%; ^{ns} não significativo

No ensaio da quinta geração de autofecundação (famílias S₅), também se verificou variabilidade genotípica em capacidade de expansão e produção de grãos das famílias (Tabela 9). Também ocorreram diferenças significativas entre as testemunhas para produção de grãos e capacidade de expansão (Tabela 9). A testemunha IAC 112 foi novamente superior em produção de grãos e capacidade de expansão, em relação à média de família S₆ da população Beija-flor. O experimento também favoreceu elevadas produtividades, constatado com a média elevada do IAC 112 (3597,2 kg.ha⁻¹).

Considerando o contraste de famílias versus testemunhas (IAC 112 e família S₆ da população Beija-flor), as diferenças também foram significativas para produção de grãos e capacidade de expansão (Tabela 9), evidenciando

novamente uma maior produtividade e qualidade das testemunhas. Porém, observa-se (Tabela 9) média superior de famílias S₅ da população Viçosa em relação à média de família S₆ da população Beija-flor, para capacidade de expansão. O contrário ocorreu para produção de grãos.

Tabela 9. Análises de variância assumindo delineamento em blocos incompletos, em relação à produção de grãos (PG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL.g⁻¹) de famílias S₅

FV	GL	QM	
		PG	CE
Blocos	9	342330,4094 ^{ns}	5,0464 ^{ns}
Famílias	173	592042,8705 *	19,9544 *
Testemunhas	1	3088020,6803 **	150,0000 **
F vs T	1	31870302,7396 **	12,0283 **
Resíduo	2	58158,7638	2,0000
Máximo de Famílias		4668,1	38,9
Média de Famílias		1447,4	25,5
Mínimo de Famílias		82,8	14,9
Média do IAC 112		3597,2	31,9
Média da família S ₆		2524,3	21,6
CV (%)		15,7	5,5

* significativo a 10%; ** significativo a 5%; ns não significativo

Verifica-se, com a análise dos coeficientes de variação (Tabela 9), um controle adequado dos fatores de variação não introduzidos intencionalmente no experimento. Pela classificação de Scapim et al. (1995), a variação experimental para produção de grãos (15,7%) é classificada como média. Considerando a capacidade de expansão, o coeficiente de variação (5,5%) pode ser considerado baixo, pois é inferior ao valor médio normalmente encontrado na literatura (Tabela 5).

4.2. Parâmetros genéticos e correlações genóticas de famílias endogâmicas

Com a análise da variância genotípica entre famílias para produção de grãos (Tabela 10), verifica-se um aumento consecutivo da mesma, da primeira até a quinta geração de autofecundação. No entanto, para capacidade de expansão, a variância genotípica entre famílias não teve aumento consecutivo

da primeira para a quinta geração de autofecundação (Tabela 10). Este fato ocorreu, provavelmente, pela pressão de seleção em capacidade de expansão, que pode ter contribuído para diminuir a variância genotípica entre famílias.

Tabela 10. Variâncias genotípicas entre famílias S₁, S₂, S₃, S₄ e S₅ (σ_{GeF}), em relação a produção de grãos (PG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL.g⁻¹)

	S ₁	S ₂	S ₃	S ₄	S ₅
σ_{GeF} (PG)	112283,11	255248,37	268746,17	363693,64	533884,11
σ_{GeF} (CE)	11,27	25,65	16,01	13,49	17,95

A herdabilidade, que segundo Viana (2002) é a correlação entre o valor fenotípico da progênie e o valor genético aditivo do pai comum, foi superior em capacidade de expansão, em relação à produção de grãos, em quase todas as situações (Tabela 11). Portanto, a variação em capacidade de expansão foi, geralmente, mais influenciada por genes quando comparada a produção de grãos.

Segundo Pereira e Amaral Júnior (2001), a capacidade de expansão é uma característica com estimativas de herdabilidade variando de 70% a 90%. Observando a Tabela 11, verifica-se que em muitas situações as herdabilidades estimadas para capacidade de expansão foram inferiores a 70%, principalmente nas condições de controle ambiental menos eficiente. Porém, valores mais baixos que 70% são facilmente encontrados na literatura, como por exemplo, herdabilidades de 57,6% e 60,1% em Pacheco et al. (1998) e 33,6% e 27,8% em Vilarinho et al. (2003).

Analisando a herdabilidade em sentido amplo ao nível de médias de famílias (Tabela 11), a tendência foi de aumento não consecutivo para produção de grãos e consecutivo para capacidade de expansão, da primeira até a quinta geração de autofecundação. Este aumento é devido ao aumento do controle ambiental e, em alguns casos, também pelo aumento da variância genotípica entre famílias.

As estimativas de herdabilidade ao nível de média de famílias não foram, em geral, superiores as herdabilidades estimadas ao nível de planta dentro de família e ao nível de planta (Tabela 11). Vencovsky e BARRIGA (1992) comentam que a herdabilidade é maior quando utilizadas médias de vários indivíduos ao

invés de um único indivíduo, pois as médias minimizam os erros experimentais. Portanto, seria esperado herdabilidades mais elevadas considerando a herdabilidade ao nível de média de famílias, quando comparada com a herdabilidade ao nível de planta dentro de família e de planta.

Quando comparadas as herdabilidades em sentido amplo ao nível de planta dentro de família e ao nível de planta, observa-se (Tabela 11), herdabilidades maiores em todas as situações ao nível de planta dentro de família, quando considerada capacidade de expansão. Esse fato também ocorre, porém com uma exceção, para produção de grãos. A superioridade das herdabilidades ao nível de planta dentro de família ocorreu pela maior precisão das estimativas obtidas. Neste caso, foi utilizada a média ponderada das variâncias entre plantas autofecundadas dentro de família (variância fenotípica dentro) e a média das variâncias de planta autofecundada dentro da testemunha (variância ambiental). Para a estimativa das herdabilidades ao nível de planta, considerou-se a variância total de todas as plantas autofecundadas no experimento (variância fenotípica total) e variância total de todas as plantas autofecundadas da testemunha (variância ambiental total).

Tabela 11. Herdabilidades ao nível de médias de famílias (h^2_{ef}), planta dentro de famílias (h^2_{df}) e plantas (h^2_p), e correlação genotípica (r_G), em relação a produção de grãos (PG, $kg.ha^{-1}$) e capacidade de expansão (CE, $mL.g^{-1}$) de famílias S_1, S_2, S_3, S_4 e S_5

	S_1		S_2		S_3		S_4		S_5	
	PG	CE	PG	CE	PG	CE	PG	CE	PG	CE
h^2_{ef}	33,48	35,93	51,25	63,39	41,88	71,59	71,47	74,11	90,18	90,00
h^2_{df}	53,09	69,20	52,12	64,44	22,47	59,13	37,76	88,79	55,99	88,72
h^2_p	48,82	58,98	14,80	63,12	24,09	16,92	33,00	80,53	21,93	81,73
r_G	-0,04		0,33		0,52		0,66		0,12	

Quanto às estimativas de correlações genotípicas entre produção de grãos e capacidade de expansão, observa-se (Tabela 11), uma tendência de aumento consecutivo da primeira até a quarta geração de autofecundação. Porém, da quarta para a quinta geração ocorreu uma diminuição. A correlação estimada na primeira geração de autofecundação (-0,04) é mais semelhante ao que normalmente se encontra na literatura, como em Brunson (1931), Dofing et al. (1991), Granate et al. (2002), Vilarinho et al. (2003) e Santos et al. (2004),

cujos valores estimados foram -0,59, -0,34, -0,31, -0,38, -0,39 e -0,14. Correlação positiva, como das gerações S₂ até S₅, somente foi encontrada em Arnhold (2004).

Os valores dos pesos b₁ e b₂ do índice de seleção combinada para capacidade de expansão e produção de grãos podem ser observados na Tabela 12. As estimativas foram obtidas considerando modelo aditivo.

Tabela 12. Índices b₁ e b₂ para capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG), utilizados na seleção combinada de famílias S₁, S₂, S₃ e S₄

Geração	Índices	CE	PG
S ₁	b ₁	0,0153	-
	b ₂	0,0306	-
S ₂	b ₁	0,0223	8,9705 E ⁻⁰⁷
	b ₂	0,0239	1,8297 E ⁻⁰⁶
S ₃	b ₁	0,0131	5,9536 E ⁻⁰⁷
	b ₂	0,0430	1,4668 E ⁻⁰⁶
S ₄	b ₁	0,0777	1,0012 E ⁻⁰⁶
	b ₂	0,0801	2,2482 E ⁻⁰⁶

4.3. Avaliação dos métodos no primeiro esquema de seleção

4.3.1. Ganhos genéticos preditos

Com seleção direta em capacidade de expansão, a seleção entre e dentro obteve os maiores ganhos preditos para capacidade de expansão, nos ensaios das gerações S₁, S₂ e S₃ (Tabela 13). Na geração S₄, a seleção massal obteve o maior ganho em capacidade de expansão (Tabela 13).

A seleção combinada obteve ganhos, em capacidade de expansão, inferiores a seleção entre e dentro em todas as gerações e, superiores a seleção massal nas gerações S₁ e S₃ (Tabela 13).

Na geração S₃ ocorreu a menor eficiência da seleção massal (Tabela 13), e também, ocorreu a menor herdabilidade em nível de planta, estimada em capacidade de expansão (Tabela 11). É importante esclarecer, que na seleção de famílias, tanto na seleção entre como na combinada, utiliza-se a herdabilidade ao nível de família. E na seleção de planta dentro destas famílias, utiliza-se a herdabilidade ao nível de planta dentro de família. Na seleção massal, a herdabilidade utilizada na predição de ganho foi ao nível de planta.

Quanto aos ganhos preditos indiretamente em produção de grãos, obteve-se ganhos positivos com a seleção massal e seleção entre e dentro (Tabela 13). Na seleção combinada, os ganhos preditos indiretamente em produção foram positivos na primeira e na quarta geração, e negativos na segunda e terceira geração. A seleção entre e dentro obteve os maiores ganhos preditos indiretos na primeira e segunda geração, a seleção massal obteve o maior ganho predito indireto na terceira geração, e a seleção combinada obteve o maior ganho predito indireto na quarta geração (Tabela 13).

Os ganhos indiretos em produção de grãos foram mais elevados na quarta geração (Tabela 14), esta também foi à geração onde a correlação genotípica estimada entre peso de grãos e capacidade de expansão foi maior (0,66).

Tabela 13. Ganhos preditos em capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG) nas gerações S₁, S₂, S₃ e S₄, com seleção em capacidade de expansão, por seleção entre e dentro, seleção massal e seleção combinada

Geração	Ganho em CE (mL.g ⁻¹)		
	entre e dentro	massal	combinada
S ₁	4,10	3,15	3,93
S ₂	6,87	6,31	4,10
S ₃	6,69	2,40	6,28
S ₄	11,10	12,53	9,17
Ganho em PG (kg.ha ⁻¹)			
S ₁	103,81	87,54	78,67
S ₂	67,52	25,32	-21,42
S ₃	70,59	128,73	-27,99
S ₄	308,93	121,89	446,53

Com seleção simultânea em capacidade de expansão e produção de grãos, com auxílio do índice de Mulamba e Mock (1978), a seleção entre e dentro obteve os maiores ganhos preditos para capacidade de expansão, nos ensaios das gerações S₁ e S₂ (Tabela 14). Na geração S₄, a seleção massal obteve o maior ganho em capacidade de expansão (Tabela 14).

Na geração S₁, como não estavam disponíveis os dados de produção de grãos de plantas S₀, não foi possível praticar seleção combinada simultaneamente em produção de grãos e capacidade de expansão.

Na geração S₃, novamente ocorreu a menor eficiência da seleção massal (Tabela 14), devida a menor herdabilidade estimada em capacidade de expansão em nível de planta (Tabela 11).

Com relação aos ganhos em produção de grãos, a seleção entre e dentro obteve os maiores ganhos preditos na primeira, segunda e quarta geração, e a seleção massal obteve o maior ganho predito na terceira geração (Tabela 14).

Tabela 14. Ganhos preditos em capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG) nas gerações S₁, S₂, S₃ e S₄, com seleção simultânea em capacidade de expansão, por seleção entre e dentro, seleção massal e seleção combinada

Geração	Ganho em CE (mL.g ⁻¹)		
	entre e dentro	massal	combinada
S ₁	4,11	3,04	-
S ₂	6,47	6,07	4,28
S ₃	6,02	2,15	6,01
S ₄	9,47	9,85	8,45
Ganho em PG (kg.ha ⁻¹)			
S ₁	193,06	155,29	-
S ₂	264,95	78,41	42,49
S ₃	362,60	401,91	97,74
S ₄	968,56	557,84	745,29

Analisando os ganhos preditos com seleção direta em capacidade de expansão (Tabela 13) e seleção simultânea em capacidade de expansão e produção de grãos (Tabela 14), observa-se, que as duas estratégias foram praticamente equivalentes em predizer ganhos em capacidade de expansão. Quando considerados os ganhos preditos em produção de grãos, nota-se (Tabelas 13 e 14), superioridade da seleção simultânea em capacidade de expansão e produção de grãos, em relação à seleção direta em capacidade de expansão. Resultados semelhantes, também com famílias endogâmicas, foram encontrados por Vilarinho (2001), Câmara (2002), Santos (2002) e Arnhold (2004).

Por fim, se a eficiência dos métodos fosse julgada com ganhos preditos, a seleção entre e dentro seria considerado o método mais eficiente, seguido pela seleção massal que, em geral, foi um pouco superior a seleção combinada.

4.3.2. Ganhos realizados

Os ganhos obtidos pela diferença de média de famílias S_n , selecionadas em S_{n-1} , pela média geral de famílias do ensaio S_n , como descrito no material e métodos, foram chamados de ganhos realizados. Estes foram obtidos com a seleção em S_1 , S_2 , S_3 e S_4 e, puderam ser calculados, respectivamente, nos ensaios de famílias S_2 , S_3 , S_4 e S_5 . Os ganhos realizados, calculados em cada ensaio, podem ser observados nas Tabelas 15 e 16.

Pode-se observar (Tabela 15), que a seleção massal em capacidade de expansão não foi eficiente na seleção para esta característica em nenhum ciclo de seleção. Além de ser o método de seleção onde se obteve o menor ganho total em capacidade de expansão $0,36 \text{ mL.g}^{-1}$, também foi inferior aos demais em todos os ciclos de seleção (Tabela 15).

A seleção entre e dentro em capacidade de expansão foi diminuindo em eficiência do primeiro até o quarto ciclo de seleção (Tabela 15). É um fato estranho, pois a intensidade de seleção foi aumentando. Poder-se-ia atribuir este fato à diminuição da variabilidade genética. Porém, observa-se o contrário com seleção combinada em capacidade de expansão (Tabela 15). O ganho total em capacidade de expansão com a seleção entre e dentro foi de $3,73 \text{ mL.g}^{-1}$, superior a seleção massal ($0,36 \text{ mL.g}^{-1}$).

Quando considerada a seleção em capacidade de expansão, a seleção combinada, apesar dos menores ganhos preditos, foi a melhor estratégia quando considerados os ganhos realizados em capacidade de expansão (Tabela 15). O ganho realizado total foi de $6,28 \text{ (mL.g}^{-1})$, ou seja, quase o dobro da segunda melhor estratégia ($3,73 \text{ mL.g}^{-1}$).

É interessante observar (Tabela 15), que a seleção combinada foi equivalente a seleção entre e dentro no primeiro ciclo, inferior no segundo, sendo superior apenas nos dois seguintes. Assim, parece haver uma equivalência na eficiência da seleção entre e dentro com a seleção combinada, em menores níveis de endogamia. No entanto, a seleção combinada supera a seleção entre e dentro em níveis mais acentuados de endogamia. Talvez esse fato ocorra, por haver uma menor correlação entre pai e filho em níveis mais baixos de endogamia, diminuindo a eficiência da seleção combinada.

Por fim, é interessante destacar que os ganhos indiretos realizados em produção de grãos foram, em geral, baixos (positivos e negativos) nos três

primeiros ciclos de seleção (Tabela 15). No entanto, foram obtidos, na sua quase totalidade, no último ciclo de seleção. Resultado semelhante também ocorreu nos ganhos preditos indiretos em produção de grãos (Tabela 13). Esse fato deve ter ocorrido, pelo menos em parte, pela maior correlação genotípica entre produção de grãos e capacidade de expansão (0,66), estimada no ensaio de famílias S₄. Somado a este fato, a maior pressão de seleção em S₄ também deve ter contribuído para um maior ganho indireto em produção de grãos.

Tabela 15. Ganhos realizados para capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG), com seleção entre e dentro, seleção massal e seleção combinada em capacidade de expansão

Ensaio	Ganho em CE (mL.g ⁻¹)			Ganho em PG (kg.ha ⁻¹)		
	entre e dentro	massal	combinada	entre e dentro	massal	combinada
S ₂	1,20	0,07	1,20	7,11	-2,62	20,76
S ₃	1,37	0,38	0,72	-43,98	-16,35	72,22
S ₄	0,63	0,26	0,93	-53,62	-44,66	-85,59
S ₅	0,53	-0,35	3,43	549,29	553,06	464,50
Total	3,73	0,36	6,28	462,57	489,43	400,39

	Ganho em CE (%)			Ganho em PG (%)		
	entre e dentro	massal	combinada	entre e dentro	massal	combinada
S ₂	4,50	0,28	4,50	0,38	-0,14	1,12
S ₃	4,90	1,38	2,59	-2,12	-0,79	3,48
S ₄	2,27	0,92	3,35	-2,51	-2,09	-4,00
S ₅	2,09	-1,38	13,47	38,44	38,70	32,50
Total	13,75	1,19	23,91	34,19	35,68	33,11

Analisando os ganhos realizados com seleção simultânea em capacidade de expansão e produção de grãos, pode-se observar (Tabela 16), que a seleção massal, mais uma vez, não foi eficiente na seleção para capacidade de expansão.

A seleção entre e dentro em capacidade de expansão, obteve ganhos bem mais satisfatórios, quando comparada à seleção massal (Tabela 16). O ganho total predito em capacidade de expansão, com seleção entre e dentro, foi de 2,74 mL.g⁻¹ ou 8,61%.

Quanto à seleção combinada em capacidade de expansão, pode-se observar (Tabela 16), que esta estratégia foi novamente superior à seleção entre e dentro na obtenção do ganho total em capacidade de expansão.

Novamente este fato ocorreu, devido principalmente ao elevado ganho obtido no quarto ciclo de seleção. No entanto, a seleção combinada, apesar de superar ou ser equivalente à seleção massal nas seleções feitas em S₂ e S₃, não superou a seleção entre e dentro nestes dois ciclos de seleção.

Em produção de grãos, a seleção massal foi o método mais eficiente nos dois primeiros ciclos de seleção, a seleção entre e dentro foi mais eficiente no terceiro ciclo e, a seleção combinada foi mais eficiente no quarto ciclo. O ganho total em produção de grãos foi mais elevado com a seleção entre e dentro (658,98 kg.ha⁻¹ ou 44,13%), seguido pela seleção combinada (621,34 kg.ha⁻¹ ou 42,45%), e seleção massal (388,94 kg.ha⁻¹ ou 24,33%).

Tabela 16. Ganhos realizados para capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG), com seleção entre e dentro, seleção massal e seleção combinada em capacidade de expansão e produção de grãos

Ensaio	Ganho em CE (mL.g ⁻¹)			Ganho em PG (kg.ha ⁻¹)		
	entre e dentro	massal	combinada	entre e dentro	massal	combinada
S ₂	0,70	0,15	-	46,80	83,65	-
S ₃	1,03	0,06	0,48	39,57	94,15	65,97
S ₄	0,59	0,17	0,17	16,32	-21,07	-17,31
S ₅	0,44	-0,27	2,80	556,29	232,21	572,68
Total	2,75	0,10	3,45	658,98	388,94	621,34
	Ganho em CE (%)			Ganho em PG (%)		
	entre e dentro	massal	combinada	entre e dentro	massal	combinada
S ₂	2,62	0,54	-	2,53	4,52	-
S ₃	3,69	0,22	1,71	1,91	4,54	3,18
S ₄	2,12	0,60	0,61	0,76	-0,99	-0,81
S ₅	1,71	-1,08	10,99	38,93	16,25	40,07
Total	8,61	-0,14	13,31	44,13	24,33	42,45

Nota-se (Tabela 16), a ausência de ganho no primeiro ciclo de seleção combinada, tanto em capacidade de expansão como em produção de grãos. Estes ganhos não puderam ser obtidos, porque os valores de produção de grãos de plantas S₀ não estavam disponíveis, sendo estes necessários na obtenção dos índices de seleção combinada quando considerada também a produção de grãos.

Comparando os ganhos realizados com seleção em capacidade de expansão (Tabela 15), com os ganhos realizados com seleção simultânea em

capacidade de expansão e produção de grãos (Tabela 16), observa-se que tanto a seleção entre e dentro como a seleção combinada tiveram resultados semelhantes aos obtidos por Vilarinho (2001), Santos (2002) e Câmara (2002), que recomendaram na seleção de famílias S_1 , S_2 e S_3 , respectivamente, visando à produção de linhagens de milho-pipoca, o uso do índice de seleção de Mulamba e Mock, com peso 1 para produção e pesos variando de 2 a 3 para capacidade de expansão. Neste caso, perde-se um pouco em capacidade de expansão, para obter maiores ganhos em produção de grãos.

Por fim, é importante destacar, que em nenhum ciclo de seleção, a seleção massal superou a seleção entre e dentro e a seleção combinada em ganhos realizados em capacidade de expansão (Tabelas 15 e 16). Notas-se também, que a discriminação da eficiência dos métodos é diferente da obtida pelos ganhos preditos (Tabelas 13, 14, 15 e 16).

4.3.3. Comparação entre médias de famílias selecionadas por três métodos

Na comparação dos métodos de seleção (entre e dentro, massal e combinada), também se fez à comparação entre médias de famílias descendentes de selecionadas em cada método.

Com seleção somente em capacidade de expansão, nota-se (Tabela 17), que o grupo de famílias S_2 com maior capacidade de expansão média foi selecionado por seleção entre e dentro e seleção combinada ($27,9 \text{ mL.g}^{-1}$), seguido por seleção massal ($26,8 \text{ mL.g}^{-1}$). Para produção de grãos, a média foi maior no grupo selecionado por seleção combinada, seguida pela seleção entre e dentro e seleção massal. O IAC 112 teve media em capacidade de expansão ($32,4 \text{ mL.g}^{-1}$) e produção de grãos ($2961,1 \text{ kg.ha}^{-1}$) bem mais elevada, pois é um híbrido comercial.

No ensaio da geração S_3 (Tabela 17), nota-se que a seleção entre e dentro foi o método de seleção em S_2 que obteve o grupo com maior média em capacidade de expansão em S_3 , seguido pela seleção combinada e a seleção massal. Para produção de grãos, no entanto, a seleção massal selecionou indiretamente as melhores plantas em S_2 , seguida pela seleção combinada e seleção entre e dentro (Tabela 17). A média do IAC 112, no ensaio de famílias

S₃, foi novamente mais elevada, tanto em capacidade de expansão como em produção de grãos (Tabela 17).

A seleção combinada selecionou conjuntos de plantas em S₃ e S₄, que tiveram a descendência de maior média em capacidade de expansão, respectivamente em S₄ e S₅, seguida pela seleção entre e dentro e a seleção massal (Tabela 17). Para produção, considerando estes mesmos conjuntos de famílias selecionadas, teve-se, no ensaio de famílias S₄, superioridade do conjunto descendente da seleção massal em S₃, seguido pelo conjunto obtido pela seleção combinada e da seleção entre e dentro (Tabela 17). No último caso considerado (ensaio de famílias S₅), a seleção combinada obteve o conjunto de maior média em produção de grãos, seguida pela seleção massal e seleção entre e dentro de famílias (Tabela 17). Tanto a capacidade de expansão como a produção de grãos do híbrido, foram superiores à média dos conjuntos descendentes de famílias selecionadas, no ensaio de famílias S₄ e S₅.

É interessante ressaltar, que a média do híbrido em capacidade de expansão aumenta de S₂ para S₃, e diminui de S₃ até S₅ (Tabela 17). Note-se que o mesmo ocorre com a média das selecionadas por seleção entre e dentro e seleção massal. Com seleção combinada, ocorre aumento de S₂ para S₃, a média permanece praticamente a mesma de S₃ para S₄, e aumenta de S₄ para S₅ (Tabela 17). Com estes dados, pode-se considerar que o ambiente do ensaio de famílias S₃ foi mais favorável a valores elevados de capacidade de expansão, enquanto o ambiente do ensaio de famílias S₅ foi mais desfavorável a valores elevados em capacidade de expansão.

Os principais fatores não genéticos que afetam a capacidade de expansão são a umidade dos grãos e a temperatura. Outro muito importante é o nível de dano no pericarpo e endosperma causados na colheita, secagem e armazenamento dos grãos e por ataques de pragas e patógenos (Alexander e Creech, 1977; Hosney et al., 1983; Pacheco et al., 1996). No entanto, como a umidade e a temperatura são padronizadas e estão dentro da faixa recomendada, esses fatores não devem ter contribuído para valores mais baixos ou mais altos de capacidade de expansão. Assim, um ataque mais intenso de patógenos, pode ter sido a principal causa de valores mais baixos de capacidade de expansão em alguns ensaios.

Tabela 17. Médias em capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG) da testemunha IAC 112, e de famílias S₂, S₃, S₄ e S₅ selecionadas em capacidade de expansão, por seleção entre e dentro, seleção massal e seleção combinada

	Ensaio de Famílias S _n	Média do IAC 112	Médias de famílias selecionadas em CE		
			entre e dentro	massal	combinada
CE (mL.g ⁻¹)	S ₂	32,4	27,9	26,8	27,9
	S ₃	33,0	29,3	28,3	28,7
	S ₄	32,3	28,3	27,9	28,6
	S ₅	31,9	26,0	25,1	28,9
PG (kg.ha ⁻¹)	S ₂	2961,1	1858,1	1848,3	1871,7
	S ₃	3256,3	2028,7	2056,4	2144,9
	S ₄	4420,0	2085,8	2094,8	2053,8
	S ₅	3597,2	1978,4	1982,1	1893,6

Com seleção simultânea em capacidade de expansão e produção de grãos (Tabela 18), em comparação com a seleção em capacidade de expansão (Tabela 17), nota-se, em geral, pouca diferença entre médias de capacidade de expansão. Porém, para produção de grãos, as médias de famílias obtidas com a seleção simultânea foram, em geral, mais elevadas (Tabela 18), quando comparadas às médias obtidas com seleção indireta (Tabela 17).

Na seleção simultânea, considerando as médias de capacidade de expansão, a seleção entre e dentro foi superior nos três primeiros ciclos, e a seleção combinada foi superior no quarto (Tabela 18). Assim, a seleção combinada mais uma vez demonstrou superioridade apenas quando o nível de endogamia foi mais elevado.

Considerando produção de grãos, a seleção massal foi superior nos dois primeiros ciclos, a seleção entre e dentro foi superior no terceiro e, a seleção combinada foi superior no quarto (Tabela 18).

Os resultados mostram (Tabelas 17 e 18), que a seleção simultânea obtém médias mais elevadas em produção de grãos, e médias praticamente equivalentes em capacidade de expansão, quando comparada com a seleção direta em capacidade de expansão. Este resultado é semelhante ao observado com ganhos preditos (Tabelas 13 e 14).

Tabela 18. Médias em capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG) da testemunha IAC 112, e de famílias S₂, S₃, S₄ e S₅ selecionadas em capacidade de expansão e produção de grãos, por seleção entre e dentro, seleção massal e seleção combinada

	Ensaio de Famílias S _n	Média do IAC 112	Médias de famílias selecionadas em CE		
			entre e dentro	massal	combinada
CE (mL.g ⁻¹)	S ₂	32,4	27,4	26,8	-
	S ₃	33,0	29,0	28,0	28,4
	S ₄	32,3	28,2	27,8	27,8
	S ₅	31,9	25,9	25,2	28,3
PG (kg.ha ⁻¹)	S ₂	2961,1	1897,8	1934,6	-
	S ₃	3256,3	2112,3	2166,9	2138,7
	S ₄	4420,0	2155,8	2118,4	2122,1
	S ₅	3597,2	1985,4	1661,3	2001,8

4.3.4. Diferenças entre as médias de famílias, selecionadas por três métodos, com a média da testemunha

Analisando as diferenças das médias de famílias em relação às médias do IAC 112, nota-se, com seleção somente em capacidade de expansão (Tabela 19), que a menor diferença média entre o híbrido e as famílias selecionadas foi obtida com a seleção combinada (3,8 mL.g⁻¹ ou 11,8%). A maior diferença média foi obtida com a seleção massal (5,4 mL.g⁻¹ ou 16,6%). Como constatado anteriormente, a seleção combinada superou a seleção entre e dentro apenas no terceiro e quarto ciclo de seleção.

Com a seleção indireta em produção de grãos, nota-se, pelas diferenças médias entre famílias e IAC 112 (Tabela 19), que os três métodos foram praticamente equivalentes.

Com seleção simultânea, nota-se (Tabela 20), novamente a superioridade da seleção combinada relativamente à seleção entre e dentro, apenas na seleção realizada no quarto ciclo de seleção.

As diferenças entre média de famílias e média do IAC 112 mostram, em todos os ensaios, superioridade do híbrido em relação à média de famílias selecionadas (Tabelas 19 e 20).

Tabela 19. Diferença de médias em capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG), entre a testemunha IAC 112 e famílias S₂, S₃, S₄ e S₅, selecionadas em capacidade de expansão, por seleção entre e dentro, seleção massal e seleção combinada

Ensaio de	entre e dentro		massal		combinada		
	Famílias	Diferença	Diferença	Diferença	Diferença	Diferença	
S _n	(mL.g ⁻¹)	%	(mL.g ⁻¹)	%	(mL.g ⁻¹)	%	
CE	S ₂	4,5	13,9	5,6	17,4	4,5	13,9
	S ₃	3,7	11,2	4,7	14,2	4,3	13,2
	S ₄	4,0	12,4	4,4	13,6	3,7	11,5
	S ₅	5,9	18,5	6,8	21,3	3,0	9,4
média	4,5	14,0	5,4	16,6	3,8	11,8	
		Diferença	Diferença	Diferença	Diferença	Diferença	Diferença
		(kg.ha ⁻¹)	%	(kg.ha ⁻¹)	%	(kg.ha ⁻¹)	%
PG	S ₂	1103,0	37,3	1112,8	37,6	1089,4	36,8
	S ₃	1227,6	37,7	1199,9	36,8	1111,4	34,1
	S ₄	2334,2	52,8	2325,2	52,6	2366,2	53,5
	S ₅	1618,8	45,0	1615,1	44,9	1703,6	47,4
média	1570,9	43,2	1563,2	43,0	1567,6	43,0	

Tabela 20. Diferença de médias em capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG), entre a testemunha IAC 112 e famílias S₂, S₃, S₄ e S₅, selecionadas em capacidade de expansão e produção de grãos, por seleção entre e dentro, seleção massal e seleção combinada

Ensaio de	Entre e dentro		massal		combinada		
	Famílias	Diferença	Diferença	Diferença	Diferença	Diferença	
S _n	(mL.g ⁻¹)	%	(mL.g ⁻¹)	%	(mL.g ⁻¹)	%	
CE	S ₂	5,0	15,5	5,6	17,2	-	-
	S ₃	4,0	12,2	5,0	15,2	4,6	13,9
	S ₄	4,1	12,6	4,5	13,9	4,5	13,9
	S ₅	6,0	18,8	6,7	21,0	3,6	11,4
média	4,8	14,8	5,4	16,8	4,2	13,1	
		Diferença	Diferença	Diferença	Diferença	Diferença	Diferença
		(kg.ha ⁻¹)	%	(kg.ha ⁻¹)	%	(kg.ha ⁻¹)	%
PG	S ₂	1063,3	35,9	1026,5	34,7	-	-
	S ₃	1144,0	35,1	1089,4	33,5	1117,6	34,3
	S ₄	2264,2	51,2	2301,6	52,1	2297,9	52,0
	S ₅	1611,8	44,8	1935,9	53,8	1595,4	44,4
média	1520,9	41,8	1588,4	43,5	1670,3	43,6	

Com os resultados mais relevantes obtidos até aqui (Tabelas 15, 16, 17, 18, 19 e 20), pode-se concluir que a seleção massal não é, relativamente, um bom método de seleção de linhagens em capacidade de expansão e, simultaneamente em capacidade de expansão e produção de grãos. A seleção combinada e a seleção entre e dentro são, em geral, superiores a seleção massal nas situações analisadas.

Também se pôde observar (Tabelas 15, 16, 17, 18, 19 e 20), que a seleção combinada e a seleção entre e dentro foram praticamente equivalentes nas seleções feitas em S_1 , S_2 e S_3 . No entanto, a seleção combinada superou a seleção entre e dentro no quarto ciclo de seleção (ensaio de famílias S_4).

Percebe-se também, aumento da eficiência da seleção combinada com o aumento do nível de endogamia. Como a seleção combinada seleciona famílias (S_n) considerando também os pais (planta S_{n-1}), pode-se supor, que o aumento da correlação pai/filho em níveis mais elevados de endogamia, aumenta a eficiência da seleção combinada.

4.4. Avaliação dos métodos no segundo esquema de seleção

4.4.1. Comparação entre médias de famílias selecionadas pelos três métodos

No segundo esquema de seleção, a seleção em S_n (a partir de S_2) foi feita somente na descendência de selecionadas em S_{n-1} . Neste esquema, verificou-se que a seleção combinada foi o método mais eficiente na seleção em capacidade de expansão. Esse fato é demonstrado pelas médias mais elevadas em capacidade de expansão, obtidas pela seleção combinada (Tabela 21). A seleção entre e dentro obteve, em geral, médias inferiores as obtidas por seleção combinada (Tabela 21). Porém, a diferença foi, em geral, pequena. A seleção massal teve eficiência menor e mais acentuada, quando comparada com a seleção combinada e a seleção entre e dentro (Tabela 21).

A maior diferença entre os métodos ocorreu no ensaio de famílias S_5 , onde as famílias descendentes de plantas selecionadas por seleção entre e dentro tiveram média de $27,4 \text{ mL.g}^{-1}$, as famílias descendentes de plantas selecionadas por seleção massal tiveram média de $25,7 \text{ mL.g}^{-1}$, e as famílias descendentes de plantas selecionadas por seleção combinada tiveram média de $28,2 \text{ mL.g}^{-1}$,

Quanto à seleção indireta em produção de grãos, teve-se superioridade da média de famílias obtidas por seleção combinada em famílias S₂ e S₃, superioridade da seleção entre e dentro em famílias S₄, e superioridade da seleção massal em famílias S₅ (Tabela 21).

Tabela 21. Médias de famílias S₂, S₃, S₄ e S₅, obtidas por seleção em capacidade de expansão, utilizando sistematicamente seleção entre e dentro, seleção massal e seleção combinada

Método de seleção	Médias em Capacidade de Expansão (mL.g ⁻¹)				
	Famílias S ₂	Famílias S ₃	Famílias S ₄	Famílias S ₅	
Seleção entre e dentro	27,9	28,3	28,7	27,4	
Seleção massal	26,8	28,1	27,8	25,7	
Seleção combinada	27,9	28,8	29,3	28,2	
Método de seleção	Médias em Produção de Grãos (kg.ha ⁻¹)				
	Seleção entre e dentro	1858,1	2099,6	2329,3	1450,4
	Seleção massal	1848,4	2087,8	2146,9	1507,3
	Seleção combinada	1871,7	2126,5	2270,9	1391,4

Portanto, no segundo esquema de seleção, verificou-se novamente que a seleção massal não foi eficiente, relativamente à seleção entre e dentro e combinada. Neste esquema, também se verificou um aumento crescente da eficiência da seleção combinada, relativamente à seleção entre e dentro, com o aumento do nível de endogamia.

4.5. Análise de variância de híbridos ‘topcross’

No ensaio de híbridos ‘topcross’ realizado no CEPET, localizado em Capinópolis, Minas Gerais, verificou-se variabilidade genotípica em relação à capacidade de expansão (ar quente e MWVT) e produção de grãos dos híbridos ‘topcross’ (Tabela 22). Assim, foi possível selecionar famílias S₃ com maior desempenho em ‘topcross’ para estes caracteres.

Também se verificou variabilidade entre blocos pelo teste F, considerando produção de grãos e capacidade de expansão obtida em pipoqueira de ar quente (Tabela 22). Portanto, o uso de blocos foi importante no controle de fatores não introduzidos intencionalmente no experimento, apesar de não ter ocorrido variabilidade para blocos, considerando capacidade de expansão obtida na MWVT.

Considerando híbridos 'topcross' versus testemunhas (IAC 112, Zélia, BRS Angela, Viçosa, Viçosa ciclo 1 e 2, Beija-Flor, Beija-Flor ciclo 1 e 2), verifica-se que as diferenças foram significativas pelo teste F, para produção de grãos e capacidade de expansão (ar quente e MWVT) (Tabela 22).

Nota-se (Tabela 22), que os híbridos 'topcross' foram em média mais produtivos que a média das testemunhas. Os híbridos 'topcross' tiveram uma produtividade média de 3588,53 kg.ha⁻¹, muito satisfatória considerando milho-pipoca. Esta média foi superada apenas pela média do IAC 112, que é um híbrido simples comercial, cuja média foi de 3680,47 kg.ha⁻¹. A produtividade máxima dos híbridos foi de 5519,27 kg.ha⁻¹.

No entanto, considerando a capacidade de expansão, que é o principal parâmetro que determina a qualidade do milho-pipoca para consumo, nota-se (Tabela 22), que os híbridos 'topcross' tiveram médias inferiores às médias das testemunhas. A média dos híbridos 'topcross', considerando capacidade de expansão obtida em pipoqueira de ar quente, foi de 22,11 mL.g⁻¹. Considerando a capacidade de expansão obtida na MWVT, foi de 27,05 mL.g⁻¹. São médias baixas, pois existem híbridos comerciais com valores de capacidade de expansão acima de 30 mL.g⁻¹. No entanto, a testemunha Zélia, que é um híbrido triplo comercial, teve capacidade de expansão de 27,22 mL.g⁻¹ (ar quente) e 29,50 mL.g⁻¹ (MWVT). E a testemunha Ângela, que é uma variedade de polinização aberta comercial, teve capacidade de expansão de 22,89 mL.g⁻¹ (ar quente) e 28,67 mL.g⁻¹ (MWVT). Apenas a testemunha IAC 112 teve valores de capacidade de expansão acima de 30 mL.g⁻¹, com valores de 32,22 mL.g⁻¹ (ar quente) e 32,33 mL.g⁻¹ (MWVT). Contudo, a capacidade de expansão máxima dos híbridos foi de 32,67 mL.g⁻¹ (ar quente) e 34,00 mL.g⁻¹ (MWVT), indicando que alguns híbridos obtidos apresentaram capacidade de expansão de nível comercial.

Também se observa equivalência da capacidade de expansão média dos híbridos deste trabalho (22,11 mL.g⁻¹), com a média dos topcrosses obtidos por Seifert et al. (2006) (22,55 mL.g⁻¹), onde se avaliou material considerado promissor no melhoramento do milho-pipoca.

Verificou-se também, que as diferenças médias entre as testemunhas foram significativas pelo teste F, considerando capacidade de expansão obtida na MWVT (Tabela 22). Porém, diferenças significativas entre médias das

testemunhas não ocorreram pelo teste F, considerando produção de grãos e capacidade de expansão obtida em pipoqueira de ar quente (Tabela 22).

Com a análise dos coeficientes de variação do ensaio dos híbridos (Tabela 22), verifica-se um controle adequado dos fatores não introduzidos intencionalmente no experimento. Considerando produção de grãos, o coeficiente de variação de 15,99% é considerado médio por Scapim et al. (1995).

Tabela 22. Análise de variância de híbridos ‘topcross’ em delineamento de blocos ao acaso, em relação à produção de grãos (PG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, mL.g⁻¹) obtida em pipoqueira de ar quente e na MWVT

FV	GL	QM		
		PG	CE AR QUENTE	CE MWVT
BLOCOS	2	2121297,8330**	140,9455**	5,6186 ^{ns}
TRATAMENTOS	(143)	454030,0545**	24,3642**	7,4949**
Híbridos ‘topcross’	134	454526,0101**	22,6556**	7,0058**
Testemunhas	8	155052,8423 ^{ns}	37,6667 ^{ns}	12,3912**
F vs T	1	2779389,6943**	146,9021**	33,8723**
RESÍDUO	286	325535,8241	7,9123	4,5248
CV %		15,99	12,64	7,84
Máximo de híbridos		5519,27	32,67	34,00
Média de híbridos		3588,53	22,11	27,05
Mínimo de híbridos		1670,83	13,00	18,00
Média de testemunhas		3257,16	24,52	28,20
Média de Beija-Flor		3196,88	21,22	27,17
Média de Beija-Flor ciclo 1		3154,54	24,67	28,33
Média de Beija-Flor ciclo 2		3374,83	22,22	25,00
Média de Viçosa		2956,39	22,44	27,67
Média de Viçosa ciclo 1		3305,97	26,11	28,50
Média de Viçosa ciclo 2		2953,56	21,67	26,67
Média de Zélia		3293,44	27,22	29,50
Média do IAC 112		3680,47	32,22	32,33
Média de Ângela		3398,37	22,89	28,67
Média das testemunhas		3257,16	24,52	28,20

** significativo a 5%; ^{ns} não significativo

Considerando a capacidade de expansão, os coeficientes de variação foram de 12,64% (ar quente) e 7,84% (MWVT). Portanto, têm-se baixos coeficientes de variação no ensaio dos híbridos. Nota-se que a MWVT foi mais

eficiente no controle dos fatores desconhecidos. Esse fato ocorreu, provavelmente, pela maior quantidade de pipoca utilizada nas estimativas de capacidade de expansão com esta pipoqueira. Na pipoqueira de ar quente coloca-se 30g, enquanto a na MWVT coloca-se 250g.

Quanto à produtividade, nota-se (Tabela 22), que para muitos genótipos, incluindo a média dos híbridos 'topcross', a média de produção de grãos ficou acima dos 3000 kg.ha⁻¹. Portanto, o ambiente deste ensaio favoreceu elevadas produtividades.

É importante destacar também, a heterose observada na produtividade dos híbridos (Tabela 22). A média de Beija-Flor ciclo 1 (testadora) e de Viçosa foi inferior a dos híbridos 'topcross'. No entanto, não se observa heterose em capacidade de expansão (Tabela 22), pois a média dos pais e dos híbridos são muito próximas. Esse fato pode ter ocorrido pela ausência de heterose e, ou, heterose bidirecional, como constatado por Scapim et al. (2002). Esse fato dificulta a exploração da heterose e, portanto, alguns autores recomendam a seleção em capacidade de expansão num programa de obtenção de linhagens para produção de híbridos.

As herdabilidades estimadas em produção de grãos e capacidade de expansão (ar quente e MWVT) para os híbridos 'topcross' foram, respectivamente, 26,49%, 67,89% e 33,25%. A correlação genotípica entre produção de grãos e capacidade de expansão obtida em pipoqueira de ar quente foi nula (-0,06). Entre produção de grãos e capacidade de expansão obtida na MWVT foi de -0,34. E entre capacidade de expansão obtida em pipoqueira de ar quente e capacidade de expansão obtida na MWVT foi de 0,80.

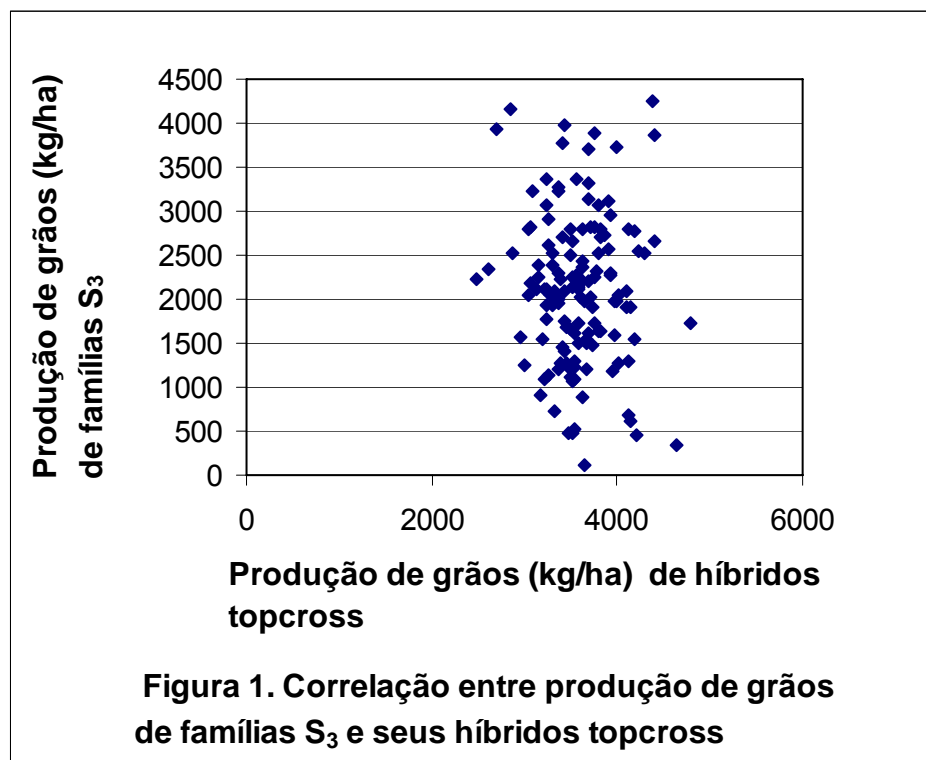
4.6. Avaliação da importância do desempenho *per se* de famílias S₃, como preditor do desempenho em híbridos 'topcross'

Analisando a Figura 1, observa-se que para produção de grãos, como esperado, a correlação entre as famílias S₃ em desempenho *per se*, com seus híbridos 'topcross', foi aproximadamente nula (-0,07). Elias et al. (2000) encontraram baixas correlações entre híbridos 'topcross' e famílias S₂ para produção de grãos em milho normal. Estes autores ressaltam que a correlação pode ter sido baixa por algumas razões: a primeira delas é a baixa precisão

experimental com que foram obtidas as médias, especialmente das famílias *per se*. Este fato também pode ter contribuído para baixas correlações neste trabalho, pois as famílias S_3 foram avaliadas em delineamento de blocos aumentados de Federer (1955), onde nem todos os tratamentos são repetidos.

Uma segunda causa também ressaltada por Elias et al. (2000) está relacionada à amostragem deficiente das famílias endogâmicas. Considerando segregação dentro das famílias, é possível que o número avaliado não seja suficiente para representá-la. Essa observação também é válida na amostragem de plantas endogâmicas para a obtenção do 'topcross'. Esse erro amostral deve contribuir para reduzir as estimativas das correlações entre o desempenho *per se* e em 'topcross'.

A terceira causa da baixa correlação ressaltada por Elias et al. (2000) é a diferença na depressão endogâmica das famílias utilizadas. Esse fato, segundo Elias et al. (2000), contribui também para que não haja concordância no desempenho das famílias *per se* e os respectivos híbridos 'topcross'.



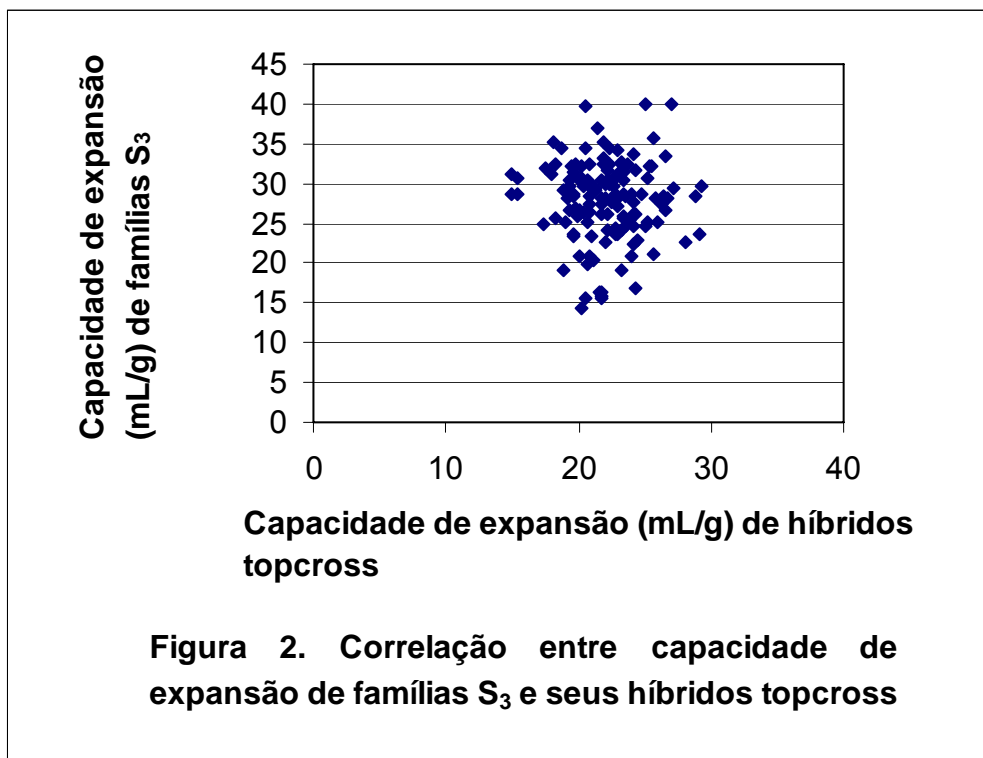
Gama e Hallauer (1977) também fizeram considerações quanto à grande variação das estimativas de correlações em diferentes experimentos. Apresentam como possíveis causas o tamanho de amostra das populações, os

tipos de cruzamentos avaliados, e as diferenças ambientais em que as linhagens e híbridos são avaliados.

Realmente, as diferenças ambientais, juntamente com os efeitos gênicos não aditivos devem ser os principais determinantes da baixa correlação estimada.

Uma amostragem inadequada do testador também pode contribuir para falta de correlação, desde que, o testador seja de base genética ampla. Porém, este fator não deve ter contribuído de maneira significativa para a falta de correlação, observada entre famílias e híbridos para produção de grãos.

Como a capacidade de expansão possui como principal componente de variação genética os efeitos genéticos aditivos (Lyerly, 1942; Dofing et al., 1991; Pereira e Amaral Júnior, 2001), era de se esperar que as correlações entre as famílias S_3 em desempenho *per se* com seus híbridos 'topcross' fossem maiores que as estimadas para produção de grãos. Porém, isso não ocorreu (Figura 2), pois a correlação entre famílias e híbridos também foi aproximadamente nula (-0,01) para capacidade de expansão.



Os efeitos de dominância em capacidade de expansão são realmente menores que os efeitos de dominância em produção de grãos, como constatado em Simon et al. (2004). A variação na capacidade de expansão

também é menos influenciada pelo ambiente. Este fato pode ser constatado na maior herdabilidade de capacidade de expansão em relação à produção de grãos.

Então, como explicar a baixa correlação entre pai (famílias S_3) e filho (híbrido 'topcross'). Talvez o fato da capacidade de expansão possuir dominância positiva, negativa ou nula (Scapim et al., 2002), tenha contribuído significativamente para a baixa correlação.

Outras causas, como diferenças ambientais e amostragens inadequadas de famílias S_3 e testador, também podem ter contribuído para a falta de correlação entre famílias e híbridos, considerando capacidade de expansão.

Por fim, pode-se concluir que para produção de grãos, o resultado esta de acordo com os encontrados na literatura (Smith, 1986; Buitrago, 1996; Elias et al., 2000; Presterl et al., 2002; Mihaljevic et al., 2005; entre outros) e esta de acordo com os resultados esperados, deduzidos por aspectos teóricos. Portanto, por uma conclusão tanto indutiva como dedutiva, pode-se recomendar que: a seleção de linhagens a serem utilizadas em dialelos, para a avaliação de seus híbridos quanto à produção de grãos, devem ser aquelas de maior desempenho em 'topcross' para este caráter.

Quanto à capacidade de expansão, se fossem selecionadas 20 famílias S_3 com base no desempenho *per se* e 20 famílias S_3 com base no desempenho 'topcross', os dois grupos só teriam duas famílias em comum. Esse resultado, somado a correlação aproximadamente nula entre famílias S_3 e seus híbridos, induz a concluir que: a seleção de linhagens a serem utilizadas em dialelos, para a avaliação de seus híbridos quanto à capacidade de expansão, devem ser aquelas de maior desempenho em 'topcross' para este caráter.

Por fim, foram selecionados 10 híbridos 'topcross' em capacidade de expansão, dentro de um conjunto de híbridos com produção de grãos acima de 3000 kg.ha⁻¹ (Tabela 23). A seguir (Tabela 24), pode-se observar a capacidade de expansão das 10 famílias S_3 que deram origem a estes híbridos. Assim, observando os valores de capacidade de expansão das famílias S_3 das quais os híbridos se originaram (Tabela 24), percebe-se, que em geral, famílias de capacidade de expansão elevada ou média formaram os híbridos selecionados. Essa tendência também foi verificada por Lysterly (1942).

Tabela 23. Produção de grãos (PG) e capacidade de expansão (CE) de híbridos ‘topcross’

Híbrido	PG	CE (ar quente)
90	3144,9	29,2
89	3313,8	29,1
2	3961,9	28,8
152	3960,9	28,0
133	3607,3	27,1
40	4143,5	27,0
62	3185,4	26,7
113	3545,5	26,6
158	3305,1	26,6
229	4406,9	26,4
média	3657,5	27,6

Tabela 24. Origens, produção de grãos (PG) e capacidade de expansão (CE) das 10 famílias S₃ que deram origem aos híbridos ‘topcross’ listados na Tabela 28

Híbrido*	Origem	PG	CE
90	02-124-1	3067,6	37,1
133	02-390-2	1621,2	32,1
89	02-252-4	2227,9	31,7
113	02-249-3	481,8	30,7
229	02-202-3	2827,1	30,4
2	02-295-5	2111,4	28,5
158	02-131-5	909,9	27,7
62	02-295-2	1286,3	27,7
152	02-150-1	1734,8	26,4
40	02-297-3	3308,4	25,4
média		1957,6	29,8

*Híbrido formado pela família S₃

Deve-se destacar também, que a heterose observada em capacidade de expansão é positiva, negativa ou nula (Scapim et al., 2002; Simon et al., 2004). E ainda, quando os valores são positivos ou negativos a heterose é, em geral, de pequena magnitude (Scapim et al., 2002; Simon et al., 2004). Portanto, era de se esperar que híbridos de elevada capacidade de expansão fossem obtidos de família S₃ com, em geral, elevada capacidade de expansão.

Contudo, apesar dos 10 híbridos 'topcross' superiores em capacidade de expansão serem formados, em geral, por famílias S_3 de elevada capacidade de expansão, apenas a família de origem 02-124-1 se encontra entre as 10 famílias S_3 de maior capacidade de expansão. Esta família é a oitava de maior capacidade de expansão no ensaio de famílias S_3 . Assim, se fossem selecionadas 10 famílias S_3 com base em seu desempenho *per se* em capacidade de expansão, apenas um formaria um híbrido 'topcross' com capacidade de expansão no nível do 10 melhores híbridos 'topcross' para esta variável.

Portanto, este resultado também indica que a seleção de linhagens com base em seu desempenho *per se* não foi um bom preditor de seu desempenho em cruzamento. Por fim, pode-se afirmar que linhagens com capacidade de expansão muito baixa, em geral, não tem valor em cruzamento, como comentado por Lyerly (1942).

4.7. Conjuntos de 20 famílias S_5

Pode-se observar nas Tabelas 25 e 26, as origens dos quatro conjuntos de famílias selecionadas para futuros cruzamentos dialélicos. As médias de capacidade de expansão e produção de grãos, tanto de parcelas como de plantas autofecundadas, também se encontram nas tabelas. Porém, não é oportuno julgar eficiência dos métodos com estes valores, pois os métodos foram aplicados em situações desiguais e, portanto, alguns foram mais favorecidos que outros.

No código de origem (ano-fff-p), o número quatro indica o ano de plantio do ensaio de origem, o número seguinte (fff) identifica a família genitora, seguido da identificação da planta autofecundada dentro da família (p). Note (Tabelas 25 e 26), que a seleção combinada e a seleção entre e dentro foram os métodos com o maior número de famílias comuns entre si (treze famílias). Pode-se observar também, que os quatro conjuntos possuem famílias comuns entre si. As famílias S_5 de origem 04-252-5, 04-315-1, 04-372-1e 04-387-1 foram comuns a todos os conjuntos. A capacidade de expansão das quatro famílias comuns foram, respectivamente, 31,6, 38,9, 31,7 e 29,6 mL.g⁻¹. Pela elevada capacidade de expansão destas famílias, e por terem sido

selecionadas nos quatro conjuntos, recomenda-se que sejam utilizadas em cruzamentos para formação de híbridos.

Tabela 25. Origens e médias de capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG), de parcela e plantas autofecundadas de famílias S₅

Método	Origem de família S ₅	Família S ₅	Planta S ₅	Médias			
				CE parcela (mL.g ⁻¹)	PG parcela (kg.ha ⁻¹)	CE planta (mL.g ⁻¹)	PG planta (g)
'Topcross'	04-238-1	05-379	2;3;4				
	04-252-5	05-408	1;10;3;4;5				
	04-256-3	05-374	1;2;3				
	04-261-3	05-477	1;2;3;4				
	04-304-1	05-376	1;2;3;				
	04-310-1	05-347	1				
	04-315-1	05-391	1				
	04-326-4	05-420	3;5				
	04-372-1	05-426	1;2;3;4;5;6				
	04-376-3	05-381	2	32,2	1113,6	31,0	31,9
	04-383-3	05-425	1;2;3;4;5				
	04-387-1	05-345	1				
	04-388-1	05-286	1				
	04-407-4	05-329	3;4				
	04-428-1	05-327	1				
	04-439-2	05-371	4;5				
	04-453-3	05-343	1				
	04-464-4	05-466	1;2;3;4;5;6;7;8				
	04-502-3	05-470	1;2;3;4				
	04-507-2	05-380	1;3;4;5;6;8				
Seleção massal	04-252-5	05-408	1;10;3;4;5				
	04-266-1	05-351	2;3;4;7;8				
	04-273-3	05-361	1;2;3;4				
	04-284-3	05-447	3;4;5;6;7;8				
	04-294-2	05-313	4				
	04-305-2	05-356	1;2;3				
	04-315-1	05-391	1				
	04-338-5	05-285	1;2;5				
	04-372-1	05-426	1;2;3;4;5;6				
	04-376-5	05-274	3	27,2	1860,2	32,4	42,4
	04-383-3	05-425	1;2;3;4;5				
	04-387-1	05-345	1				
	04-388-1	05-286	1				
	04-402-1	05-273	2;4;5				
	04-403-2	05-452	3;5;6				
	04-425-1	05-301	1;2;3;5;6;7;8				
	04-436-4	05-284	1;2;3;4;5;7;8				
	04-439-2	05-371	4;5				
	04-487-1	05-406	2;4;5;6;7				
	04-503-2	05-358	1;3				

Tabela 26. Origens e médias de capacidade de expansão (CE) e produção de grãos (PG), de parcela e plantas autofecundadas de famílias S₅

Método	Origem de família S ₅	Família S ₅	Planta S ₅	Médias			
				CE parcela (mL.g ⁻¹)	PG parcela (kg.ha ⁻¹)	CE planta (mL.g ⁻¹)	PG planta (g)
Seleção entre e dentro	04-252-5	05-408	1;10;3;4;5				
	04-297-2	05-382	1				
	04-305-2	05-356	1;2;3				
	04-315-1	05-391	1				
	04-315-2	05-423	1;2;3;4;5;6				
	04-319-1	05-456	3				
	04-338-5	05-285	1;2;5				
	04-344-4	05-322	1				
	04-354-1	05-389	1;2;3;4				
	04-358-3	05-344	2;4;6;8	29,7	1365,4	30,4	34,5
	04-359-2	05-298	2;3				
	04-372-1	05-426	1;2;3;4;5;6				
	04-376-3	05-381	2				
	04-376-5	05-274	3				
	04-383-3	05-425	1;2;3;4;5;				
	04-387-1	05-345	1				
	04-453-3	05-343	1				
	04-482-3	05-383	1				
	04-488-1	05-394	1;2				
	04-488-3	05-388	1				
Seleção combinada	04-252-5	05-408	1;10;3;4;5				
	04-295-1	05-393	2;4				
	04-305-2	05-356	1;2;3				
	04-314-4	05-328	1				
	04-315-1	05-391	1				
	04-329-1	05-462	1;3				
	04-344-4	05-322	1				
	04-353-2	05-402	1;2;3				
	04-354-1	05-389	1;2;3;4				
	04-358-3	05-344	2;4;6;8	28,9	1367,3	29,3	33,2
	04-359-2	05-298	2;3				
	04-372-1	05-426	1;2;3;4;5;6				
	04-376-3	05-381	2				
	04-376-5	05-274	3				
	04-387-1	05-345	1				
	04-402-1	05-273	2;4;5				
	04-488-1	05-394	1;2				
	04-488-3	05-388	1				
	04-502-3	05-470	1;2;3;4				
	04-503-3	05-299	1;2;4;5				

Por fim, deve-se destacar, que a seleção massal foi o método mais favorecido na seleção, e ainda assim, obteve média baixa para capacidade de expansão de famílias, em comparação com os outros métodos (Tabelas 25 e

26). Porém, o conjunto obtido pela seleção massal foi o de maior média em capacidade de expansão, considerando a média de plantas autofecundadas ($32,4 \text{ mL.g}^{-1}$).

5. RESUMO E CONCLUSÕES

Visando avaliar a eficiência relativa de diferentes métodos de seleção de linhagens, para produção de híbridos de milho-pipoca com elevada produtividade e qualidade, objetivou-se: *i)* comparar e avaliar a eficiência relativa da seleção massal, seleção entre e dentro e seleção combinada de família seguida de seleção dentro, em capacidade de expansão e simultaneamente em capacidade de expansão e produção de grãos, em quatro ciclos de seleção; *ii)* avaliar a importância do desempenho *per se* de famílias S_3 , como preditor de seu desempenho em cruzamento e; *iii)* selecionar quatro conjuntos de 20 famílias S_5 . Foram utilizados dados de 290 famílias e 687 plantas S_1 , 253 famílias e 772 plantas S_2 , 229 famílias e 872 plantas S_3 , 249 famílias e 661 plantas S_4 e 174 famílias e 599 plantas S_5 , obtidas da população Viçosa, pertencente ao banco de germoplasma do Setor de Genética, do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Viçosa. Também foram utilizados dados de um ensaio de híbridos 'topcross', obtidos do cruzamento entre famílias S_3 da população Viçosa e a população Beija-Flor (testadora), sendo esta última também pertencente à mesma instituição, departamento e setor.

O primeiro ensaio de famílias foi realizado em delineamento inteiramente ao acaso. Todos os demais ensaios de famílias endogâmicas foram realizados em experimento em blocos incompletos, proposto por Federer (1955). No

ensaio de híbridos 'topcross' o experimento foi delineado em blocos ao acaso. A testemunha IAC 112 foi comum em todos os ensaios. E também, em todos os ensaios avaliou-se capacidade de expansão e a produção de grãos.

Foram feitas análises de variâncias em todos os ensaios. Estimaram-se os parâmetros genéticos e também, as correlações genotípicas entre capacidade de expansão e produção de grãos.

A seleção massal consistiu na seleção de plantas autofecundadas, a seleção entre e dentro na seleção de famílias e, posteriormente à seleção de plantas autofecundadas dentro destas famílias e, a seleção combinada consistiu na seleção de famílias pelo índice de seleção combinada proposto e, posteriormente, a seleção de plantas autofecundadas dentro destas famílias.

Selecionou-se em capacidade de expansão e simultaneamente em capacidade de expansão e produção de grãos, com auxílio do índice de Mulamba e Mock (1978), com peso 3 em capacidade de expansão e 1 em produção de grãos.

A eficiência relativa dos métodos de seleção foi avaliada, principalmente, pela comparação de médias entre famílias S_n , obtidas por seleção em S_{n-1} .

Com o ensaio de híbridos 'topcross', julgou-se a associação entre desempenho *per se* e em cruzamento de famílias S_3 , pelo cálculo da correlação entre pai (família S_3) e filho (híbrido 'topcross'), considerando produção de grãos e capacidade de expansão.

Com a análise dos resultados, concluiu-se que:

- em geral, tem-se uma maior eficiência da seleção combinada e da seleção entre e dentro, relativamente à seleção massal.

- a seleção combinada e a seleção entre e dentro apresentaram, em geral, resultados praticamente equivalentes na seleção praticada nas gerações S_1 , S_2 , e S_3 .

- a seleção combinada superou a seleção entre e dentro na seleção feita no ensaio de famílias S_4 .

- a seleção combinada apresentou uma tendência de aumento de eficiência, relativamente à seleção entre e dentro, com o aumento da endogamia.

- o aumento da eficiência da seleção combinada, em níveis mais elevados de endogamia, pode ser atribuído ao aumento da correlação pai/filho.

- a utilização do índice de seleção de Mulamba e Mock (1978), com peso 3 para capacidade de expansão e 1 para produção de grãos proporcionou, em geral, ganhos satisfatórios em capacidade de expansão e produção de grãos.

- o desempenho *per se* não foi um bom preditor de desempenho em cruzamento, tanto para capacidade de expansão como para produção de grãos.

- os híbridos topcross de CE mais elevada foram, em geral, derivados de famílias S₃ com CE média a alta.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABEL, B. C.; POLLAK, L. M. Rank comparisons of unadapted maize populations by testers and per se evaluation. **Crop Science**, Madison, v.31, p.650-656, 1991.

ALEXANDER, D. E.; CREECH, R. G. Popcorn. In: SPRAGUE, F. G. (Ed.). **Corn and corn improvement**. New York: Academic, p.385-386, 1977.

ARNHOLD, E. **Análise da Eficiência de Seleção Dentro de Famílias S₄, em Programa de Produção de Linhagens com Milho-Pipoca (*Zea Mays L.*)**. Viçosa, MG. UFV. 95p. 2004.

BAKTASH, F.Y.; YOUNIS, M. A.; AL-YOUNIS, A. H. Correlation coefficients between 'topcross'es and diallel crosses in corn (*Zea mays L.*). **Mesopotamia Journal of Agriculture**, Mosul, v.15, p.51-58, 1981.

BAUMAN, L. F. Review of methods used by breeders to develop superior inbreds. P.199-208. In: ANNU. CORN SORGHUM IND. RES. CONF., 36,

1981, Chicago. **Proceedings...** Washington, DC.: IL. 9-11 Dec. Am. Seed Trade Assoc., 1981. p.199-208.

BERNARDO, R. Retention of genetically superior lines during early-generation testcrossing of maize. **Crop Science**, Madison, v.32, p.933-937, 1992.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, Editora UFV, 2 ed., 1998. 453p.

BUITRAGO, I.C. **Comparação de três processos seletivos para identificação de linhagens S₁ superiores em milho (*Zea mays* L.)**. 1996. 127p. Dissertação (Doutorado em Genética). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1996.

BRUNSON, A. M. Pop corn selecting for added popping expansion would pay large growers. **Yearbook of Agriculture**, Washington, DC., p.441-443, 1931.

CÂMARA, T. M. M. **Importâncias relativas do desempenho individual e em 'topcross' na seleção de famílias S₃ de milho-pipoca**. Viçosa, MG. Universidade Federal de Viçosa, 96p. 2002.

COIMBRA, R.R.; MIRANDA, G.V.; VIANA, J.M.S.; CRUZ, C.D. Correlações entre caracteres na população de milho-pipoca DFT-1 Ribeirão. **Revista Ceres**, v.48, p.427-43, 2001.

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**, Geneva, v.41, p.360-367, 1949.

CARPENTIERI-PIPOLO, V.P.; RINALDI, D.A.; LIMA, V.E.M. Adaptabilidade e estabilidade de populações de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, p.87-90, 2005.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos**

aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Editora UFV, 3 ed., v.1, 2004. 480p.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística versão Windows.** Viçosa - MG. UFV, 2001. 442 p.

DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. **Ann. Repts. Agr. Exp. Sta.,** Puerto Rico, p.14-15, 1927.

DOFING, S. M.; D'CROZ-MASON, N.; THOMAS-COMPTON, M. A. Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. **Crop Science**, Madison, v.31, n.3, p.715-718, 1991.

ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRÉ, C. G. M. Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.6, p.1135-1142, 2000.

FEDERER, W. T. **Experimental design – Theory and application.** New York: [s.n.], 544 p, 1955.

GALVÃO, J.C.C.; SAWAZAKI, E.; MIRANDA, G.V. Comportamento de híbridos de milho-pipoca em Coimbra, Minas Gerais. **Revista Ceres**, v.47, p.201-218, 2000.

GAMA, E.E.G. e; HALLAUER A.R. Relation between inbred and hybrid traits in maize. **Crop Science**, Madison, v.17, n.5, p.703-706, Sept./Oct. 1977.

GENTER, C. F.; ALEXANDER, M. W. Development and selection of productive S₁ inbred lines of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v. 6, p. 429-431, 1966.

GRANATE, M.J.; CRUZ, C.D.; PACHECO, C.A.P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho-pipoca CMS 43. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.37, p.1001-1008, 2002.

GREEN, J. M. The inheritance of combining ability in maize hybrids. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.40, p.58-63, 1948.

HAYES, H. K.; JOHNSON, I. J. The breeding of improved selfed lines of corn. **Jour. Am. Soc. Agron.**, v. 31, p. 710-724, 1939.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 1981. 468 p.

HOSENEY, R. C.; ZELEZNAK, K.; ABDELRAHMAN, A. Mechanism of popcorn popping. **Journal of Cereal Science**, v. 1, p. 43-52, 1983.

JENKINS, M. T. Correlation studies with inbred and crossbred strains of maize. **Jour. Agr. Res.**, v. 39, p. 677-721, 1929.

JENKINS, M. T.; BRUNSON, A. M. Methods of testing inbred lines of maize in crossbreed combination. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.24, p.523-530, 1932.

JENKINS, M.T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of corn upon the hybrids made after successive generations of selfing. **Iowa State Journal Science**, v.3, p.429-450, 1935.

JENKINS, M. T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.32, p.55-63, 1940.

JOHNSON, I. J.; HAYES, H. K. The combining ability of inbred lines of Golden Bantam sweet corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison, v.26, p.246-252, 1936.

LILE, S. M.; HALLAUER, A. R. Relation between S_2 and later generation testcrosses of two corn populations. **Journal of the Iowa Academy of Science**, Ames, v.101, n.1, p.19-23, 1994.

LYERLY, P.J. Some genetic and morphological characters affecting the popping expansion of popcorn. **Journal of the American Society of Agronomy**, v.34, p.986-999, 1942.

LONNQUIST, J. H. The development and “performance” of synthetic varieties of corn. **Agronomy Journal**, Madison, v.41, p.153-156, 1949.

MATTA, F.P.; VIANA, M.S. Eficiências relativas dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em população de milho-pipoca. **Ciência e Agrotecnologia**, v.27, p.548-556, 2003.

METZGER, D. D.; HSU, K. H.; ZIEGLER, K. E.; BERN, C. J. Effect of moisture content on popcorn popping volume for oil and hot-air popping. **Cereal Chemistry**, Minnesota, v.66, n.3, p.247-248, 1989.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIEGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, cap.5, p.277-340.

MIRANDA, G.V.; COIMBRA, R.R.; GODOY, C.L.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J.M; MELO A.V. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.681-688, 2003.

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt J. Gen. Cytol**, v.7, p. 40 – 51, 1978.

MIHALJEVIC, R.; SCHÖN, C.C.; UTZ, H.F.; MELCHINGER, A.E. Correlations and QTL correspondence between line per se and testcross “performance” for agronomic traits in four populations of European maize. **Crop Science**, Madison, v. 45, p.114-122, 2005.

NASCIMENTO, W. M.; BOITEUX, L.S. Influência do grau de umidade do grão na capacidade de expansão de milho-pipoca. **Horticultura Brasileira**, v.12, p. 179-180, 1994.

PACHECO, C. A. P.; CASTOLDI, F. L.; ALVARENGA, E. M. Efeito do dano mecânico na qualidade fisiológica e na capacidade de expansão de sementes de milho pipoca. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 18 n.2, p. 267-270. 1996.

PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.E.G.; GUIMARÃES, P.E.O.; SANTOS, M.X.; FERREIRA, A.S. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.33, p.1995-2001, 1998.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 1999. p.429-485.

PEREIRA, M.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Estimation of genetic components in popcorn base on the nested design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.1, p.3-10, 2001.

PRESTERL, T.; SEITZ, G.; SCHMIDT, W.; GEIGER, H.H. Improving nitrogen-use efficiency in European maize – Comparison between line per se and testcross “performance” under high and low soil nitrogen. **Maydica**, Bergamo, v.47, 2002.

RUSSELL, W. A.; TEICH, A. H. Selection in *Zea mays* L. by inbred line appearance and testcross “performance” in low and high plant densities. **Iowa Agr. Exp. Sta. Res. Bull.** p.552, 1967.

RUSSEL, W.A.; BLACKBURN, D.J.; LAMKEY, K.R. Evaluation of a modified reciprocal recurrent selection procedure for maize improvement. **Maydica**, v.37, p. 61-7, 1992.

SANTOS, J.F.; VIANA, J.M.S.; VILARINHO, A.A.; CÂMARA, T.M.M. Efficiency of S₂ progeny selection strategies in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, p.183-191, 2004.

SANTOS, J. F. **Eficiências de estratégias de seleção de famílias S₂ de milho-pipoca (*Zea mays L.*)**. Viçosa, MG: UFV, DGU, 2002. 86f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa.

SAWAZAKI, E. A cultura do milho pipoca no Brasil. **O Agrônomo**, v.53, p.11-13, 2001. Piracicaba.

SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30, p.683-86, 1995.

SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; TONET, A.; BRACCINI, A.L.; PINTO, R.J.B. Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. **Bragantia**, v.61, p.219-230, 2002.

SEIFERT, A.L.; CARPENTIERI-PIPOLO, V.; FERREIRA, J.M.; GERAGE, A.C. Análise combinatória de populações de milho pipoca em *topcrosses*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n.5, p.771-778, 2006.

SIMON, G. A.; SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; PINTO, R.J.B.; BRACCINI, A. de L.; TONET, A. Depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. **Bragantia**, v.63, n.1, p.55 – 62, 2004.

SMITH, O. S. Covariance between line per se and testcross “performance”. **Crop Science**, Madison, v.26, p.540-543, 1986.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.34, p.923-932, 1942.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C.D. Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados. I. Dados simulados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.26, p.647 – 657, 1991.

VENDRUSCOLO, E.C.G.; SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; OLIVEIRA, V.R. de; BRACCINI, A. de L. e; ÇONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho-pipoca na região centro-sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.1, p.123 – 130, 2001.

VIANA, J.M.S. Herdabilidade em nível de família. *Revista Árvore*, v.26, p.271-278, 2002.

VILARINHO, A.A.; VIANA, J.M.S.; SANTOS, J.F.; CÂMARA, T.M.M. Eficiência da seleção de famílias S_1 e S_2 de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. **Bragantia**, v.62, p.9-17, 2003.

VILARINHO, A.A. VIANA, J.M.S. CÂMARA, T.M.M.; SANTOS, J.F. Seleção de famílias endogâmicas S_1 e S_2 , em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho-pipoca. **Acta Scientiarum**, v.24, p.1419-1425, 2002.

VILARINHO, A. A. **Seleção de famílias endogâmicas S_1 e S_2 em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho-pipoca (*Zea mays L.*)**. Viçosa, MG: UFV, 79p. 2001.

ZIEGLER, K.E.; ASHMAN, B. Popcorn. In: HALLAUER, A. R. (Ed.). **Specialty Corns**, Iowa, CRC Press, 1994. cap.7, p.189-223.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)