

**IMPACTO DA SELEÇÃO RECORRENTE NA VARIABILIDADE
GENÉTICA DA POPULAÇÃO UENF-14 DE MILHO-PIPOCA**

RODRIGO MOREIRA RIBEIRO

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY
RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2015**

IMPACTO DA SELEÇÃO RECORRENTE NA VARIABILIDADE
GENÉTICA DA POPULAÇÃO UENF-14 DE MILHO-PIPOCA

RODRIGO MOREIRA RIBEIRO

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Orientador: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2015

IMPACTO DA SELEÇÃO RECORRENTE NA VARIABILIDADE GENÉTICA DA POPULAÇÃO UENF-14 DE MILHO-PIPOCA

RODRIGO MOREIRA RIBEIRO

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas”.

Aprovada em 27 de fevereiro de 2015.

Comissão Examinadora:

Prof. Silvério de Paiva Freitas Júnior (D.Sc. em Genética e Melhoramento)- UFCA

Prof. Henrique Duarte Vieira (D.Sc. em Produção Vegetal) - UENF

Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc. em Produção Vegetal) - UENF

Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc. em Genética e Melhoramento) -
UENF
(Orientador)

²¹Então o Senhor Deus fez o homem cair em profundo sono e, enquanto este dormia, tirou-lhe uma das costelas, fechando o lugar com carne. ²² Com a costela que havia tirado do homem, o Senhor Deus fez uma mulher e a levou até ele. ²³ Disse então o homem: "Esta, sim, é osso dos meus ossos e carne da minha carne! Ela será chamada mulher, porque do homem foi tirada ". ²⁴ Por essa razão, o homem deixará pai e mãe e se unirá à sua mulher, e eles se tornarão uma só carne. (Gênesis 2:21-24)

A mulher mais maravilhosa desse mundo , minha esposa Edicelli, dedico.

Aos meus super pais, Domingos e Maria Aparecida,

Aos meus irmãos queridos, Lincoln, Izabella e Pedro,

Dedico com carinho

AGRADECIMENTOS

A Deus, primeiramente, por ser meu Senhor e Salvador e por permitir que esse sonho se realizasse;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, pela oportunidade de cursar o doutorado, bem como à Faperj, pela concessão da bolsa;

Ao professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pela disponibilidade desta orientação, pela amizade em todos esses anos e pela atenção despendida;

Ao professor Messias, que, em muito, ajudou no desenvolvimento e conclusão deste trabalho, sempre disponível e empenhado em sanar dúvidas;

Aos demais professores do programa de Genética e Melhoramento de Plantas, pelos conhecimentos compartilhados e suporte aos alunos;

Aos membros da banca de defesa de projeto e de defesa de tese, pela disponibilidade em nos auxiliar neste trabalho;

Ao Técnico Agrícola Sr. Geraldo Francisco de Carvalho e aos seus colaboradores de campo, pelo auxílio na implementação e condução dos ensaios;

À minha esposa Edicelli Ribeiro, por estar sempre ao meu lado em todos os momentos e por ser minha base de apoio;

Aos amigos Pedro Diniz, Guilherme Pena e Fernando Higino, que, em muito, contribuíram nesta longa caminhada;

Aos demais amigos do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal e colaboradores de campo, Ismael Freitas, Cássio Vittorazzi, Thiago Rodrigues,

Gabrielle Mafra, Railan Kurosawa, Juliana Saltires, Adriano dos Santos, Amanda Guimarães, Ismael Gerhardt, Luzimara Pereira e Valdinei Cruz, pelo auxílio em diversas etapas na condução deste trabalho, e ao Dr. Marcelo Vivas, por toda ajuda e conhecimentos transmitidos;

Aos demais colegas do LMGV, pelo bom convívio;

Ao Professor Leandro Gonçalves, por toda a ajuda nas análises estatísticas;

Enfim, agradeço a todos os que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	x
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	5
2.1. Milho-pipoca: Aspectos gerais.....	5
2.2. Capacidade de expansão.....	8
2.3. Importância econômica da cultura do milho-pipoca.....	9
2.4. Melhoramento do milho-pipoca.....	10
2.5. Melhoramento da população UENF-14.....	13
2.6. Variabilidade e ganhos genéticos em UENF-14.....	15
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	19
3.1. Locais e anos agrícolas de instalação dos experimentos.....	19
3.2. Obtenção das famílias de meios-irmãos.....	20
3.3. Avaliação das famílias de meios-irmãos.....	21
3.4. Teste de Shapiro-Wilk (1965).....	24
3.5. Análise estatística.....	25
3.6. Componentes genéticos, fenotípicos e de ambiente.....	27
3.6.1. Estimador da variância genotípica entre famílias.....	27
3.6.2. Estimador da variância fenotípica entre famílias.....	27
3.6.3. Estimador da variância residual.....	27

3.6.4. Estimador da variância da interação genótipo “ <i>versus</i> ” ambiente.....	27
3.6.5. Herdabilidade com base na média de famílias.....	27
3.6.6. Estimador do índice de variação.....	28
3.7. Boxplot.....	28
3.8. Ganho genético.....	28
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
4.1. Análise de variância conjunta.....	29
4.2. Parâmetros genéticos.....	34
4.3. Amplitude de variação das características avaliadas na população UENF-14.....	40
4.3.1. Análise de <i>boxplots</i> para o intervalo de confiança de 95%.....	40
4.4. Evolução de ganhos para CE e RG com os ciclos de seleção recorrente.....	45
5. CONCLUSÕES.....	50
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	51

RESUMO

RIBEIRO, RODRIGO MOREIRA; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Fevereiro de 2015. Impacto da seleção recorrente na variabilidade genética da população UENF-14 de milho-pipoca. Orientador: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior. Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof. Messias Gonzaga Pereira.

Diversificação agrícola é uma estratégia de interesse para minimizar os problemas socioeconômicos oriundos de monocultivo de baixa rentabilidade, como ocorre com a cana-de-açúcar nas regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. Entre as opções, a cultura do milho-pipoca é considerada uma excelente alternativa, por ter alta rentabilidade e grande aceitação popular. Porém, o plantio comercial do milho-pipoca ainda é bastante modesto no país e inexistente no Rio de Janeiro, devido ao reduzido número de cultivares disponíveis no mercado. A UENF, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, tem colaborado com a minimização desta necessidade, fazendo o lançamento de cultivares com o emprego de estratégias, como a seleção recorrente. Porém, uma condicionante para a longevidade da estratégia da seleção recorrente é conjugar ganhos genéticos com manutenção da variabilidade nos diferentes ciclos. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo investigar os efetivos ganhos e o impacto sobre a variabilidade genética da população UENF-14 após sete ciclos de seleção recorrente do Programa de Melhoramento Genético de Milho-Pipoca da UENF. Considerando que diferentes estratégias foram empregadas na obtenção dos ciclos - seleção massal, famílias

de irmãos-completos, famílias S_1 e famílias de meios-irmãos - tencionou-se equiparar as estruturas genéticas dos ciclos, pela sua utilização como genitores femininos em cruzamento com o ciclo menos avançado, como testador masculino comum. Para tanto, na obtenção das progênes, foram utilizadas fileiras com uma amostra de indivíduos dos ciclos de seleção recorrente (C_0 ao C_6) intercaladas com fileiras do testador (ciclo C_0 da população UENF-14), de forma que as famílias de meios-irmãos foram obtidas por cruzamentos dos ciclos de seleção recorrente com o testador (C_0). Duzentas e dez famílias de meios-irmãos foram obtidas e avaliadas quanto a dez características de interesse agrônomo, incluindo rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), em dois ambientes no Estado do Rio de Janeiro, utilizando o delineamento de blocos incompletos, com arranjo de tratamentos em repetições dentro de "sets". Com base nos resultados obtidos, concluiu-se que os ambientes foram suficientemente distintos para promover diferenças nas características avaliadas, bem como foi confirmada suficiente variabilidade genética na população UENF-14 de milho-pipoca a ser explorada em ciclos futuros de seleção. A manutenção da variância genética aditiva nos ciclos superiores em UENF-14 forneceu a informação fidedigna de que a utilização de seleção massal, famílias endogâmicas S_1 , famílias de meios-irmãos e famílias de irmãos-completo como estratégias de melhoramento, não provocou estreitamento genético na população de estudo, evidenciando perspectiva de efetivos ganhos com a implementação de novos ciclos de seleção recorrente e, por conseguinte, possibilitando o lançamento de cultivares ainda mais superiores para os produtores das regiões Norte e Noroeste Fluminense.

ABSTRACT

RIBEIRO, RODRIGO MOREIRA; D.Sc.; Darcy Ribeiro North Fluminense State University; 2015 February. Effect of recurrent selection on the variability of the UENF-14 popcorn population. Adviser: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior. Co-Advisers: Prof. Alexandre Pio Viana and Prof. Messias Gonzaga Pereira.

Agricultural diversification is the strategy of interest to minimize socio-economic problems of monoculture of low profitability derived from monoculture of sugar cane in the North and Northwest regions of the State of Rio de Janeiro. Among the options, the culture of popcorn is considered an excellent alternative for high profitability and have great popular acceptance. However, the commercial planting of popcorn is still quite modest in the country and nonexistent in Rio de Janeiro due to the limited number of cultivars available in the market. UENF, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, has collaborated with the minimization of this need, making the release of cultivar with the use of strategies such as recurrent selection. However, a conditioning for the longevity of the recurrent selection strategy is to combine genetic gains with the maintenance of variability in different cycles. In this context, this study aimed to investigate the effective gains and the impact on the genetic variability of UENFV-14 population after seven cycles of recurrent selection breeding program of Popcorn from UENF. Considering that different strategies were used to obtain the cycles (mass selection, full-sib families, S_1 families and half-sib families), it is intended to equating the genetic structures of the cycles, using of these as female parents in

crosses with less advanced cycle as common male tester. Therefore, in obtaining the progenies, rows with a sample of individuals from recurrent selection cycles were used (C_0 to C_6) interspersed with rows of the tester (the cycle C_0 of UENF-14 population) were used, so that half-sib families were obtained by the crossing of cycles of recurrent selection with the tester (C_0). Two hundred ten half-sib families were obtained and evaluated for ten traits of agronomic interest, including grain yield (GY) and popping expansion (PE), in two environments in the Rio de Janeiro State, in a randomized incomplete blocks design with replications plow within "sets". Based on the results obtained, it is concluded that the environments were distinct enough to promote differences in the characteristics evaluated, and was confirmed sufficient genetic variability in UENF-14 population of popcorn to be explored in future cycles of selection. The maintenance of additive genetic variance in the upper cycles of UENF-14 provides a compelling information that the use of mass selection, full-sib families, inbred S_1 families and half-sib families as breeding strategies did not cause genetic narrowing in the study population, evidencing perspective of effective gains with the implementation of new cycles of recurrent selection and, therefore, allowing the release of even more superior cultivars for producers in North and Northwest Fluminense regions.

1. INTRODUÇÃO

A colonização do Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro teve seu início logo após o descobrimento do Brasil. Com o surgimento dos primeiros povoados às margens dos rios que cortam a região, a primeira atividade econômica desenvolvida provavelmente foi o cultivo da cana-de-açúcar. Segundo Silva (2006), um dado interessante que mostra a longevidade das intervenções humanas na região se reporta ao fato de a cana-de-açúcar ter sido introduzida na região Norte Fluminense em 1538 por Pero de Góis. Abaixo, o trecho da carta de Pero de Góis ao Rei D. João III, que deixa clara a intenção de povoar as terras que recebeu do Rei.

"Escrevo-lhe isto para que o saiba: neste rio (Managé – atual Itabapoana), como digo, determino fazer nossos engenhos d'água; estes dois homens com outros dois, que para isso assoldadei, vão arrotear e fazer com os índios muita fazenda, a saber: plantar uma ilha que já tenho pelos índios roçada de canas, e assim fazer toda quanta fazenda pudermos fazer, para que, quando vier gente, ache já que comer, e canas e o mais necessário para os engenhos."

Apesar de a agricultura da cana-de-açúcar ter sido responsável por grande parte da economia de mercado no Norte e Noroeste do Rio de Janeiro, atualmente, nestas regiões, o agronegócio é modesto, ocupando a cana-de-açúcar e as pastagens a quase totalidade das terras agriculturáveis, com baixa rentabilidade de cultivo (Souza et al., 2009).

Nesse sentido, a diversificação agrícola é uma estratégia de interesse para minimizar os problemas socioeconômicos oriundos do monocultivo de baixa rentabilidade da cana-de-açúcar. Entre as opções de policultivo, o milho-pipoca é excelente alternativa, por ter alta rentabilidade e grande aceitação popular. Porém, o plantio comercial do milho-pipoca ainda é bastante modesto no país e, praticamente, inexistente no Rio de Janeiro. Isto se deve principalmente à limitação de cultivares disponíveis no mercado. Não por acaso, somente três cultivares - RS 20, UFVM2 Barão Viçosa e IAC 125 - foram disponibilizadas para a comercialização na safra 2011/2012 (Cruz et al., 2012).

De acordo com o Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias (GCEA/IBGE, 2013), a produção de milho-pipoca em 2010 e 2011 foi, respectivamente, de 43.403 e 44.475 toneladas. No ano de 2012, houve um incremento considerável de 50.498 toneladas, alcançando uma produção total de 95.073 t. Essa produção se concentra, principalmente, em Mato Grosso, onde as grandes empresas empacotadoras disponibilizam as sementes e garantem a compra da safra (Carvalho et al., 2013).

Nas regiões Norte e Noroeste Fluminense, o cultivo do milho-pipoca implica inserção de empresas beneficiadoras de grãos, o que incrementa a cadeia produtiva da cultura e aumenta as oportunidades de emprego nas regiões, além de possibilitar elevação de renda de muitas famílias com a comercialização dos grãos.

Tendo em vista a importância do melhoramento do milho-pipoca para estas regiões, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo, desde 1998, um programa de melhoramento genético com a cultura (Pereira e Amaral Júnior, 2001; Amaral Júnior et al., 2010; Rangel et al., 2011; Ribeiro et al., 2012). Desde então, duas vertentes vêm sendo adotadas pelo Programa de Melhoramento de Milho-Pipoca da UENF, quais sejam: utilização de seleção recorrente na população UNB-2U - a qual é agora designada UENF-14 por motivo de seu lançamento (Amaral Júnior et al., 2013) - e obtenção de híbridos simples comerciais por meio da avaliação de dialelos e topcrosses, em que são estimadas as capacidades combinatórias (Freitas Júnior et al., 2006; Rangel et al., 2008; Cabral et al., 2013). Não se deve negar também o papel fundamental deste programa na formação de recursos humanos, por ter proporcionado a vários pesquisadores a obtenção de títulos de mestre e doutor.

Todavia, o êxito de qualquer programa de seleção recorrente depende, necessariamente, da variabilidade genética da população envolvida. A variabilidade genética é a fonte primária dos estudos genéticos e, sem ela, não é possível ocorrerem adaptações e evolução nas espécies, bem como melhoramento genético. A variabilidade é gerada por mutação e potencializada pela recombinação gênica.

Neste contexto, há diversos exemplos que constataam a estreita base genética deste tipo especial de milho. Segundo Kantety et al. (1995), por exemplo, a reduzida base genética da cultura se deve por ter advindo, segundo os pesquisadores, apenas da forma *flint* de milho comum. Os resultados obtidos por Oliveira et al. (2010) corroboram esta afirmativa, ao anunciarem a ocorrência de estreita base genética nesta cultura, em que, na avaliação da diversidade genética de 34 acessos de milho-pipoca da UENF, obtiveram a formação de cinco grupos pelo método UPGMA, por meio de marcadores ISSR, e o que mais se evidenciou foi que cinco de sete genótipos recomendados para diferentes regiões do Brasil se reuniram em apenas um grupo. Isto posto, todo cuidado é necessário para evitar estreitamento genético em programas de melhoramento, sobretudo em geração avançada de seleção recorrente (Ribeiro et al., 2012).

Em se tratando de seleção recorrente, Vilela et al. (2008) avaliaram os ciclos iniciais (C_0 , C_1 e C_2) de UNB-2U (atualmente UENF-14) e verificaram que os ganhos genéticos nos diferentes ciclos não interferiram no estreitamento genético da população em estudo. Em trabalho posterior, Oliveira et al. (2010) utilizaram marcadores ISSR para investigar as variabilidades genéticas entre os ciclos C_0 , C_1 , C_2 , C_3 e C_4 , de UENF-14, tendo concluído que os ciclos C_0 e C_1 foram geneticamente mais afastados dos ciclos C_2 , C_3 e C_4 , denotando que a distinção dos ciclos pode ser atribuída ao fato de o avanço de ciclos (C_1 para C_2), por meio de famílias S_1 , ter proporcionado os ganhos preditos mais expressivos, favorecendo maior diferenciação na variabilidade genética em relação à geração anterior para as principais características avaliadas.

Considerando que o Programa de Melhoramento de Milho-Pipoca da UENF, atualmente no oitavo ciclo de seleção recorrente, adveio de diferentes estratégias de melhoramento - Seleção Massal na obtenção do Ciclo C_0 ; Seleção de Famílias de Irmãos-Completo do Ciclo C_0 para Ciclo C_1 ; Seleção de Famílias S_1 do Ciclo C_1 para o Ciclo C_2 ; Seleção de Famílias de Meios-Irmãos do Ciclo C_2

para o Ciclo C_3 ; e Seleção de Famílias de Irmãos-Completo na obtenção dos demais ciclos - e considerando-se o vínculo entre diferentes estratégias a respostas variadas de ganhos por seleção – percebidas nos trabalhos de Oliveira et al. (2010) e Freitas et al. (2014) – tem-se, pois, novamente evidenciada a suspeição do afunilamento genético na população UENF-14 após sete ciclos (C_0 a C_6) de seleção recorrente.

Não obstante, as distintas estratégias adotadas para os ganhos seletivos tornou inviável a fidedigna comparação dos ganhos genéticos nos sucessivos ciclos, gerando um empecilho adicional para apropriada análise confrontada da resposta à seleção. Isto porque os componentes de variância de dominância, intrínsecos aos ganhos genéticos em estruturas de famílias de irmãos-completos, não são considerados nos ganhos obtidos entre famílias de meios-irmãos e famílias S_1 .

Na avaliação da real variabilidade e dos ganhos entre os ciclos de UENF-14, há necessidade de compor as populações com a mesma estrutura genética. Uma opção é constituir populações de meios-irmãos com um testador masculino comum. Neste caso, o testador desejável é constituído pelas progênes do ciclo menos avançado (C_0), para que sejam evidenciadas as reais diferenças entre os ciclos e não haja efeito tamponante. Na utilização do ciclo mais avançado (C_6) como testador, ele poderia mascarar os resultados entre os ciclos da geração mais avançada, por elevar a média de todos os ciclos.

Assim, desenvolveu-se a presente pesquisa no intento de investigar os efetivos ganhos genéticos, bem como a variabilidade genética da população UENF-14 entre sete ciclos de seleção recorrente do Programa de Melhoramento Genético de Milho-Pipoca da UENF.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Milho-pipoca: Aspectos Gerais

O milho-pipoca pertence à espécie *Zea mays* L. everta ($2n=20$), família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae (Oliveira, 1984; Koo e Jiang, 2008). Ele tem sementes duras e pequenas, e sua principal característica é que, quando aquecidas a, aproximadamente, 180°C , a umidade interna do grão exerce pressão sobre o pericarpo, até que ele se rompa, formando a pipoca, podendo multiplicar por até mais de 40 vezes o volume inicial dos grãos utilizados, originando um alimento saboroso (Zinsly e Machado, 1987; Silva et al., 1993; Sawazaki, 2001; Paes, 2006).

Em comparação ao milho comum, as plantas de milho-pipoca geralmente apresentam menor porte, colmo mais fino e fraco, superprecoces na maturação e na secagem dos grãos, produzem perfilhos com maior frequência, têm maior suscetibilidade a doenças e pragas, prolificidade, ou seja, várias espigas por planta, menor número de folhas e tamanho reduzido do grão (Zinsly e Machado, 1987). As plantas de milho-pipoca também têm um sistema radicular menos desenvolvido, sofrendo maior dano com o ataque de larvas de diabrótica e nematoides, o que torna a planta mais suscetível ao acamamento e à seca (Goodman e Smith, 1987; Sawazaki, 2001).

O milho-pipoca apresenta alta variabilidade quanto ao formato (redondo, chato, pontiagudo) e à coloração (amarela, branca, roxa, rosa, creme, vermelha,

preta, azul, etc.), sendo as cores branca e amarela as mais comuns (Zinsly e Machado, 1987).

Em termos de comercialização, o milho-pipoca apresenta uma classificação de mercado do seguinte tipo: pipoca americana extra, pipoca americana especial, pipoca amarela extra e pipoca amarela especial. Tal classificação orienta o comércio das principais variedades de milho-pipoca, já que existem outras variedades de aceitação local ou regional que são, também, comercializadas (Zinsly e Machado, 1987).

A característica de pipoqueamento é que torna o milho-pipoca diferente dos demais tipos de milho e esta diferença, por sua vez, lhe confere maciez e sabor, bastante apreciados pelo homem (Vendruscolo et al., 2001). A capacidade de expansão do milho-pipoca é, então, calculada pela razão entre o volume de pipoca expandida e o volume ou peso inicial dos grãos submetidos ao pipoqueamento (Miranda et al., 2003).

Segundo Nobre et al. (2000), a avaliação da qualidade do milho-pipoca é feita pela análise da capacidade de expansão, de forma que quanto maior for esta capacidade, maior também será o valor comercial do produto, pelo fato de estar associado à maciez da pipoca. De acordo com Matta e Viana (2001), para que milho seja comercializado, deverá apresentar índice de capacidade de expansão acima de 30 mL.g^{-1} , pois abaixo deste valor a pipoca é muito rígida e com muitos grãos sem "estourar".

O índice de capacidade de expansão é afetado por várias propriedades físicas dos grãos, entre as quais se destacam o teor de umidade, o peso dos grãos, as injúrias mecânicas e a secagem rápida dos grãos (Sawazaki, 1995). Krug et al. (1996) afirmam que teores de umidade situados entre 10,2 e 13,4% são os mais adequados para obtenção do índice máximo de capacidade de expansão.

As sementes de milho-pipoca bem como as de milho comum perdem o poder de germinação depois de armazenadas por dois ou três anos, mesmo sob condições adequadas de armazenamento, mas não perdem a capacidade de expansão, pois esta característica não está associada ao poder germinativo das sementes, as quais, quando bem armazenadas, conservam sua capacidade de expansão por um período de 15 a 20 anos (Nobre et al., 2000).

O melhoramento de plantas tem buscado ao longo dos anos novas formas de obtenção de variedades mais produtivas, e vários programas de melhoramento têm sido embasados no histórico da cultura para seleção de plantas, usando, para isso, estudos desenvolvidos sobre origem e evolução da espécie (Hallauer et al., 2010).

De acordo com Engels (2006), a hipótese mais aceita é que o México seja o centro de origem do milho; porém, algumas controvérsias persistem até os dias de hoje, caso do parentesco entre o milho (*Zea mays* ssp. *mays*), o teosinto (*Zea mays* ssp. *mexicana*) e o *Tripsacum*.

A origem genética do milho-pipoca, tal como a do milho comum, é objeto de hipóteses. Segundo Bennetzen et al. (2001), a teoria mais aceita é que o teosinto seja o ancestral do milho moderno. Existem evidências genéticas e citológicas que apontam que o milho e o teosinto são aparentados, exibindo o mesmo número e a mesma homologia dos cromossomos, sendo que em cruzamentos entre o milho e um tipo de teosinto, foram obtidos híbridos férteis (Goodman e Smith, 1987).

Alguns autores afirmam que o milho-pipoca teve como origem o milho comum do tipo *flint*, haja vista que ele tem capacidade de estourar, mesmo que baixa. Porém, outros defendem que esta hipótese é pouco provável, pois o mais antigo exemplar de milho encontrado é o milho-pipoca (Zinsly e Machado, 1987; Kantety et al., 1995; Takahashi et al., 1999; White e Doebley, 1999; Fu et al., 2009). Em estudos de retrocruzamento de progênie entre milho comum e milho-pipoca, o genitor recorrente milho-pipoca revelou recuperação da capacidade de expansão, o que mostra ser essa uma característica de herança simples (Sawazaki, 1995).

Em estudo com 52 acessos da coleção de germoplasma da UENF, incluindo milho pipoca, milho comum, milho farináceo, milho doce, teosinto e *Tripsacum*, Oliveira (2010), utilizando marcadores ISSR, verificou que: i) houve maior proximidade genética entre o teosinto e o milho comum e o milho pipoca, em relação ao *Tripsacum*; e ii) o *Tripsacum* compartilhou maior número de marcas com milho doce e milho pipoca do que com os demais tipos de milho comum.

Pelos resultados obtidos por Oliveira (2010), supõe-se que o milho-pipoca seja ancestral do milho comum, em decorrência de sua proximidade com o milho

pipoca. Sabe-se que o mais velho sabugo de milho foi encontrado em Tehuacán, México (centro de origem e diversidade do milho), na década de 50, datado com, aproximadamente, 7.000 anos (Galinat, 1979; Engels, 2006).

Segundo Zinsly e Machado (1987), alguns autores mencionam que o mais antigo é o milho-pipoca, visto que, em certas tumbas peruanas pré-históricas, havia utensílios de barro supostamente utilizados para o preparo de pipoca junto com sementes de milho-pipoca. Além disso, a mais remota descoberta de milho foi do tipo pipoca, identificado em *Bat Cave*, Novo México, com data estimada em 2.500 a.C (Zinsly e Machado, 1987; Engles, 2006).

2.2 Capacidade de expansão

A capacidade de expansão (CE) juntamente com o rendimento de grãos (RG) são as duas principais características a serem observadas em um programa de melhoramento genético de milho-pipoca, sendo a primeira uma característica intrínseca ao milho-pipoca que o difere de todos os demais tipos de milho.

A CE nada mais é do que uma relação entre o volume de pipoca estourada e o volume de grãos utilizados. A importância em estimar a CE está na existência de uma forte correlação positiva entre este índice e a qualidade da pipoca. Assim, quanto maior a CE mais macia a pipoca e menor a quantidade de piruás - grãos que não estouram (Lira, 1983; Guadagnin, 1996).

De acordo com Paes (2006), o grão do milho-pipoca é classificado como uma cariopse, composto de pericarpo, camada de aleurona, endosperma e embrião, sendo as partes mais importantes para a CE o pericarpo e o endosperma. O pericarpo é a película que reveste o grão. No fenômeno da expansão, o pericarpo tem papel fundamental, já que é da sua integridade que resulta a capacidade de suportar a incrível pressão interna de 135 psi, criada pela vaporização da umidade contida no endosperma (Hoseney et al., 1983). Danos no pericarpo, mesmo superficiais, têm o poder de fazer com que o grão suporte menor pressão, refletindo em redução drástica na CE.

O endosperma, por sua vez, é composto por uma parte cristalina extremamente dura e outra em menor quantidade, opaca, de amido mole. Outra forte correlação pode ser encontrada entre a CE e a densidade do grão, a qual é correlacionada com a quantidade de amido duro. Ou seja, quanto mais cristalino o

grão, maior sua capacidade de expandir. Os grânulos cristalinos de amido do endosperma têm formato poligonal, o que permite um arranjo compacto, graças a uma matriz de proteína e a numerosos corpos proteicos, de modo que não existam espaços vazios por onde o ar possa passar (Pereira Filho et al., 2011).

No momento em que o grão é aquecido, sua umidade interna se transforma em vapor, resultando em aumento da pressão no interior do grão. Esta pressão é contida pelo pericarpo, que se rompe e expõe o endosperma, quando a temperatura do grão está próxima de 180°C (Zinsly e Machado, 1987; Silva et al., 1993; Sawazaki, 2001; Paes, 2006).

Como se vê, a umidade dos grãos é o principal coadjuvante na expansão. Trabalhos mais antigos indicam 12% o teor ideal de umidade, quando ocorre a máxima expansão. Mais recentemente, alguns pesquisadores têm citado uma faixa ideal, situada entre 10% e 15% de umidade, variando com a cultivar de milho-pipoca utilizada (Pereira Filho et al., 2011). Valores fora deste intervalo tendem a proporcionar menor CE pela baixa pressão de vapor interna gerada ou pela diminuição da resistência do pericarpo, com seu rompimento antes de atingir a pressão ideal. Os fatores ambientais podem influenciar a CE antes e/ou após a maturação fisiológica dos grãos, agindo nos fatores de formação e composição do endosperma ou mesmo na integridade do pericarpo (Sawazaki et al., 1986b).

2.3. Importância econômica da cultura do milho-pipoca

A principal vantagem econômica do milho-pipoca decorre fato de a comercialização dos grãos ser feita por peso, e uma porção do produto final ser vendida pelo volume (pipoca). Enquanto o milho-pipoca é vendido a R\$ 1,42/kg (AGRIANUAL, 2012), ao mesmo tempo, no mercado informal, um pacote de pipoca já estourada é vendido por, aproximadamente, R\$ 3,00, e apenas 30 g de grãos são utilizados no pipoqueamento. Já o preço médio da pipoca para microondas de uma determinada marca comercial é de R\$ 1,69, o equivalente a 100 g do produto. Tais dados ressaltam o potencial de valor agregado ao produto. Por isso, a capacidade de expansão (CE) da pipoca é um dos fatores mais importantes quando se faz referência à sua qualidade.

Não se pode negar a grande relevância do agronegócio para o PIB nacional, com participação média de 24,5%, nos últimos dez anos (CEPEA, 2009). Neste contexto, o milho comum é um dos destaques, cuja produção total estimada para a safra 2009/2010 foi de 53,2 milhões de toneladas (AGRIANUAL, 2010). Para cultura do milho-pipoca, em 2013, foram cultivados 43.379 mil hectares, e a previsão é produzir 171.111 toneladas de grãos. Em comparação com o ano anterior, a área plantada cresceu 64,58%, e o volume colhido, 67,39%, considerando que em 2012 foram ocupados 26.356 mil hectares com milho-pipoca e colhidas 102.221 mil toneladas, segundo informações do GCEA/IBGE (2013).

Quanto ao potencial econômico do milho-pipoca em comparação com o milho comum, em 2011, o milho-pipoca nacional foi cotado a R\$ 1,42 o kg, correspondendo a R\$ 42,60 a saca de 30 kg (AGRIANUAL, 2012). Já o quilo de milho comum, no mesmo período, era comercializado a R\$ 0,66, e a saca de 60 kg, a R\$ 40,00 (AGRIANUAL, 2012). Esse fato mostra o elevado potencial do milho-pipoca a ser explorado na agricultura brasileira. Em relação ao milho-pipoca importado, ele era cotado a R\$ 2,40 o quilo, correspondendo a R\$ 60,00 a saca de 25 kg, de acordo com a CEASA-Campinas (2009). Apesar dos bons preços, há carência de cultivares de milho-pipoca no mercado de cereais com características agrônomicas desejáveis, necessitando intensificar o lançamento de variedades e híbridos comerciais (Rangel et al., 2011).

Considerando os atrativos que a cultura do milho-pipoca apresenta e sabendo que a Região Norte Fluminense é composta por nove municípios, tradicionalmente caracterizada pelo monocultivo da cana-de-açúcar, não se pode negar que a recomendação de novas cultivares de milho-pipoca para os agricultores das regiões se constitui em relevante opção para os agricultores. Há, ainda, a possibilidade do surgimento de empresas empacotadoras nesta região, impulsionando a cadeia produtiva da cultura, representando também uma alternativa para fixar o homem no campo, sendo uma boa alternativa econômica para pequenos produtores.

2.4. Melhoramento do milho-pipoca

O melhoramento do milho-pipoca data da segunda metade do século XIX, quando teve início o desenvolvimento da indústria do milho-pipoca na América do Norte (Willier, 1927). Em seguida, os primeiros trabalhos de produção de linhagens nos E.U.A. começaram em 1925 (Brunson, 1937). O grande progresso obtido nessa cultura nos Estados Unidos da América foi devido ao milho híbrido, utilizado desde a década de 1930 para o melhoramento do milho-pipoca, sendo responsável pelo incremento em produtividade e qualidade da pipoca (Ziegler e Ashman, 1994). No Brasil, o primeiro programa de melhoramento do milho-pipoca teve início em 1932, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e, em 1941, foi lançada a primeira variedade nacional, que se originou de ciclos de seleção massal na população base *South American Mushroom* (SAM), derivada de *South American*, proveniente dos E.U.A. (Rangel et al., 2008).

Entretanto, o milho-pipoca não recebeu a mesma atenção dispensada ao milho comum e pouco progresso foi obtido no seu melhoramento. Esse fato se deve ao número limitado de instituições e melhoristas envolvidos com essa cultura, sendo restrito a poucos pesquisadores de instituições oficiais (Freitas Júnior et al., 2009a; Silva et al., 2010). Somente no início dos anos 80 é que os trabalhos foram retomados no país, resultando, em 1998, no lançamento do primeiro híbrido simples, designado IAC-112 (Sawazaki et al., 2000; Sawazaki, 2001; Rangel et al., 2007; Freitas Júnior et al., 2009a) e, quase ao mesmo tempo, foi lançado o híbrido triplo Zélia, comercializado pela Pioneer (Scapim et al., 2002; Rangel et al., 2008).

Nos anos que se sucederam, foram poucos os materiais melhorados por programas desenvolvidos no Brasil. Entre esses materiais, podem ser citados: IAC-125, um híbrido simples derivado do IAC-112, registrado em abril de 2006; a variedade de polinização aberta BRS Ângela, oriunda de seleção recorrente no composto CMS-43, que tem o inconveniente de apresentar grãos de cor branca; RS 20, desenvolvida pela FEPAGRO; e UFVM2-Barão Viçosa (Pacheco et al., 2000; Sawazaki, 2001; Scapim et al., 2002; Freitas Júnior et al., 2006; Rangel et al., 2008; Cruz e Pereira Filho, 2009). Esse fato comprova o baixo número de cultivares disponibilizadas para a comercialização na safra 2011/2012, apenas três: RS 20, UFVM2 Barão Viçosa e IAC 125 (Cruz et al., 2012).

A maior parte de produção de milho-pipoca no Brasil tem sido obtida com sementes importadas de híbridos norte-americanos. Estes materiais são aqui

registrados e usados por empresas empacotadoras como a Yoki Alimentos S.A., que estabelece acesso restrito de uso aos produtores parceiros da empresa. Como exemplares desses híbridos, podem ser citados: AP 22217 HT, AP 2501, AP 2503, AP 2504, AP 4501, AP 4502, AP 4503, AP 4505, AP 6001, AP 6002, AP 8201, AP 8202 e AP 8203 (MAPA, 2012).

Sendo assim, o lançamento de materiais superiores com adaptação às condições tropicais por empresas públicas tem-se mostrado de relevância para o alavancamento do agronegócio da pipoca no país.

Em relação aos programas de melhoramento, todos os métodos aplicados para o milho comum podem, também, ser utilizados para o melhoramento do milho-pipoca, tendo-se, porém, cuidado com a correlação negativa entre a produtividade e a capacidade de expansão (Zinsly e Machado, 1987). Contudo, é possível ganhos simultâneos em ambas as características através de índices de seleção. Tais índices sobrepujam essa correlação negativa.

Entre os métodos de melhoramento, a seleção recorrente é um sistema designado a aumentar, gradativamente, a frequência de alelos favoráveis para uma característica quantitativa, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem perdas da variabilidade genética da população (Pinto, 2009). Três etapas compõem a seleção recorrente: desenvolvimento de progênies, sua avaliação progênies e recombinação. Estas etapas são conduzidas de forma cíclica até que se atinjam níveis satisfatórios de frequência de alelos favoráveis na população (Hull, 1945; Hallauer et al., 2010).

Por ser menos trabalhosa, no Brasil, tanto para milho comum quanto para milho-pipoca, a quase totalidade das estratégias de seleção recorrente utilizadas envolve a seleção de famílias de meios-irmãos (Freitas Júnior et al., 2009a; Rangel et al., 2011; Amaral Júnior et al., 2010). As estratégias variam se a seleção for feita entre ou entre e dentro de famílias de meios-irmãos (Scapim et al., 2002; Viana, 2007; Pinto, 2009). Ainda assim, a seleção entre famílias de irmãos-completos é um dos métodos que têm proporcionado excelentes resultados, podendo ser utilizado com sucesso no melhoramento de milho-pipoca (Vilela et al., 2008; Freitas Júnior et al., 2009a; Amaral Júnior et al., 2010).

Para evitar estreitamento genético na população sob seleção, deve-se atentar para as intensidades de seleção. Muito embora percentuais tenham sido recomendados, o mais importante não é utilizar um valor percentual, e sim um

valor absoluto, sendo recomendado selecionar de 30 a 40 progênies (Hallauer e Miranda Filho, 1988; Vilela et al., 2008).

2.5. Melhoramento da população UENF-14

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo um Programa de Seleção Recorrente de Milho-Pipoca com o intento primário de obter progênies superiores para lançamento de novas variedades para as regiões Norte e Noroeste Fluminense. Este Programa teve início com uma variedade de polinização aberta, denominada UNB-2U, que se originou de dois ciclos de seleção massal de UNB-2, em Campos dos Goytacazes, R.J. Esta última proveio da seleção de um Composto Indígena doado à UNB, de Brasília, D.F, pela ESALQ/USP, que foi denominado de UNB-1. A população UNB-1 foi cruzada com uma variedade de milho-pipoca americana, e as progênies deste cruzamento foram selecionadas e cruzadas com uma variedade de milho-pipoca de grãos amarelos, resistente à *Exserohilum turcicum* (helmintosporiose). Após dois ciclos de seleção massal, a população obtida apresentava maior produtividade, grãos amarelos e resistência à helmintosporiose. Foram, então, feitos três retrocruzamentos com uma variedade americana, da qual se obteve a população-base UNB-2U, ora designada UENF-14 (Pereira e Amaral Júnior, 2001).

Pereira e Amaral Júnior (2001), para averiguar a melhor estratégia para o estabelecimento de um programa de melhoramento que maximizasse os ganhos desejados de milho-pipoca na população UENF-14, avaliaram 92 famílias de irmãos-completos em dois ambientes contrastantes, utilizando o Delineamento I, de Comstock e Robinson (1948). Estes autores evidenciaram a existência de variabilidade genética suficiente para capacidade de expansão e produção de grãos. Segundo esses mesmos autores, a herança para capacidade de expansão foi tipicamente aditiva e, conseqüentemente, maiores ganhos para estas características seriam possíveis com o método de seleção recorrente intrapopulacional entre famílias de irmãos-completos.

Com base nesse procedimento, o uso da estratégia de famílias de irmãos-completos possibilitaria ganhos genéticos preditos anuais de 9,42% para produção de grãos e de 27,09% para capacidade de expansão, e de 7,93% para

produção de grãos e de 19,54% para capacidade de expansão, caso fosse utilizada a seleção recorrente de famílias S_1 (Pereira e Amaral Júnior, 2001).

Na implementação do primeiro ciclo de seleção recorrente na população UENF-14 por Daros et al. (2002), 75 famílias de irmãos-completos foram obtidas e avaliadas em dois ambientes (Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ), em experimentos em blocos ao acaso, com duas repetições, dentro de sets, em que foi predito progresso genético de 10,39% para capacidade de expansão e 4,69% para rendimento de grãos.

Dando continuidade ao programa de melhoramento, Daros et al. (2004b) implementaram o segundo ciclo de seleção na população UENF-14, fazendo uso de 222 famílias endogâmicas S_1 . Foram selecionadas as famílias superiores com base no índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), que revelaram ganhos preditos de 26,95% para rendimento de grãos (RG) e de 17,80% para capacidade de expansão (CE).

À vista disso, Santos et al. (2007), ao conduzirem o terceiro ciclo de seleção recorrente na população UENF-14 de milho-pipoca, averiguaram a possibilidade de ganhos genéticos de 7,16% para capacidade de expansão e de 10,00% para rendimento de grãos, com o emprego do índice de Mulamba e Mock (1978). Mais uma vez foi detectada suficiente variabilidade genética a ser explorada em ciclos futuros. Nesse ciclo, foram obtidas e avaliadas 192 famílias de meios-irmãos.

O quarto ciclo de seleção recorrente na população UENF-14 foi conduzido por Freitas Júnior et al. (2009a), no qual foram utilizadas 200 famílias de irmãos-completos. Com base no índice de Mulamba e Mock (1978), os autores verificaram a possibilidade de progressos genéticos de 8,50% para capacidade de expansão (CE) e 10,55% para rendimento de grãos (RG).

Na condução do quinto ciclo de seleção recorrente com famílias de irmãos-completos, Rangel et al. (2011) obtiveram estimativas de médias de ganhos preditos de 26,27 mL.g⁻¹ para capacidade de expansão (CE) e de 2.569,70 kg.ha⁻¹ para rendimento de grãos (RG), com perspectiva de aumento de 4,83% para CE e de 7,34% para RG, em relação ao quinto ciclo de seleção recorrente.

Para o sexto ciclo, Ribeiro et al., (2012) obtiveram valores preditos de 31,13 mL.g⁻¹ para capacidade de expansão e de 2.987,84 kg.ha⁻¹ para rendimento de grãos, sendo os ganhos preditos de, respectivamente, 15,3% e 10,97%, para

RG e CE. Os autores constataram que em RG ocorreu acréscimo de 85,00% de C_0 a C_6 e, para CE, de 56,51%.

No sétimo ciclo, Freitas et al., (2014) obtiveram estimativas médias de ganhos preditos para o ciclo C_7 de 3.503,20 kg.ha⁻¹ para RG e de 35,73 mL.g⁻¹ para CE, sendo os ganhos percentuais de 7,78% e 5,11%. Estes resultados ratificam o progresso genético da população UENF-14 de milho-pipoca.

A população recombinada de sexto ciclo de seleção recorrente foi avaliada em ensaios de VCU e DHE, para registro e proteção no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Atualmente, já se encontra disponível para recomendação aos produtores do Norte e Noroeste Fluminense (Amaral Júnior et. al., 2013).

2.6. Variabilidade e ganhos genéticos em UENF-14

Segundo Ferreira (2008), a expressão variabilidade genética é utilizada para se referir à diversidade de alelos existentes nos vários locos gênicos de uma espécie, sendo a mutação a fonte primária da variabilidade genética. O termo mutação é bastante abrangente, pois é aplicado tanto aos vários tipos de alterações que ocorrem no material genético quanto aos processos que lhes dão origem. A mutação é um processo aleatório, que dá origem a novas versões de genes, os *alelos*. É um fenômeno considerado *não adaptativo*, ou seja, não ocorre com a “finalidade” de tornar um indivíduo adaptado. É a variação genética que fornece o material básico para a seleção natural e, portanto, para a evolução das espécies. Essa mesma variabilidade é que permite aos pesquisadores comparar indivíduos, populações e, mesmo, espécies diferentes.

O melhoramento de plantas só é possível se houver variabilidade genética. Diversos caracteres diferem os indivíduos de uma população de plantas, sendo que esta variabilidade pode ser determinada pelos efeitos genéticos e do ambiente. O melhorista, na escolha de genitores, seleciona plantas de seu interesse e faz a hibridação, esperando que ocorra segregação na progênie. A escolha, na maioria das vezes, está fundamentada na diferença entre os pais; todavia, quanto maior for a distância genética, maior será a segregação e,

portanto, maiores as possibilidades da ocorrência de genótipos superiores com constituições ajustadas ao ambiente (Bered et al., 2000).

Nesse contexto, a avaliação da diversidade genética em populações é de fundamental importância em programas de melhoramento de milho, sobretudo se a resposta para seleção é esperada a longo prazo (Sarcevic et al., 2007). Porém, os melhoristas são forçados a extrair uma estreita faixa do germoplasma elite testada, devido a pressões comerciais a que estão sujeitos. Assim, a maioria das sementes de híbridos de milho disponíveis para melhoramento comercial tem reduzida base genética (Reif et al., 2003; Goodman, 2005; Mikel e Dudley, 2006; Hartings et al., 2008; Fan et al., 2010). Aliadas a este fato, as linhagens elite desenvolvidas nos programas de melhoramento são recicladas repetitivamente para reunir seus alelos favoráveis em novas linhagens e híbridos (Bernado, 2008; Souza Júnior et al., 2010). Tais procedimentos vêm provocando redução na variabilidade genética, fato que pode levar a uma vulnerabilidade genética, a estresses bióticos e abióticos e, também, a limitação de ganhos futuros de seleção a longo prazo (Smith et al., 2004; Reif et al., 2010; Souza Júnior et al., 2010; Romay et al., 2011). O desenvolvimento de linhagens e híbridos está relacionado com a frequência de alelos favoráveis, que podem ser aumentados pela seleção recorrente (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

Segundo Fehr (1987), a seleção recorrente é um método importante em programas de melhoramento de milho, podendo ser definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguida pela recombinação dos indivíduos selecionados para formar a nova população. A seleção recorrente tem como objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis em uma população, mantendo também a variabilidade genética (Pinto et al., 2000).

A eficiência dos processos seletivos depende muito da variabilidade genética disponível nas populações. Também, a longevidade de um esquema de seleção recorrente tem uma relação muito íntima com a manutenção adequada dessa variabilidade, ao longo dos ciclos de seleção. Sabe-se que a perda ou redução dessa variabilidade é devida à própria seleção e à fixação aleatória dos alelos, como consequência da variação genética, atuante em populações finitas (Pereira e Vencovsky, 1988).

Compreender as variações genéticas devidas à seleção recorrente é vital para direcionar o ganho genético futuro sem perda excessiva de diversidade genética (Solomon et al., 2010). Variações significativas em termos de genética quantitativa e respostas fenotípicas entre programas de seleção recorrente sugerem que a compreensão da resposta do genoma à seleção é muito importante para o equilíbrio da intensidade de seleção e redução da perda de diversidade genética consequente do estreitamento genético (Hallauer, 1985).

Nesse sentido, Vilela et al. (2008) verificaram que não houve redução da base genética entre os três primeiros ciclos (C_0 , C_1 e C_2) de seleção recorrente intrapopulacional do programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF, por meio de marcadores RAPD. Os resultados alcançados por Vilela et al. (2008) afirmaram que os ganhos genéticos dos ciclos avaliados não interferiram no estreitamento genético da população.

De todo modo, para o Programa de Melhoramento de Milho-pipoca da UENF, persiste a dúvida da existência efetiva de variabilidade entre ciclos de seleção, vez que diferentes estratégias de melhoramento foram adotadas na concepção de ganhos entre C_0 e C_6 , de UENF-14. C_0 foi obtido por seleção massal; C_1 , por seleção entre famílias de irmãos-completos; C_2 , por seleção entre famílias S_1 ; C_3 , por seleção entre famílias de meios-irmãos; C_4 , C_5 e C_6 , por famílias de irmãos-completos (Daros et al., 2002; Daros et al., 2004b; Santos et al., 2007; Freitas Júnior et al., 2009a; Rangel et al., 2011; Ribeiro et al., 2012).

Não obstante, a inequívoca comparação de ganhos genéticos entre os ciclos torna-se inviável em se tratando de diferentes procedimentos de melhoramento empregados na população UENF-14. Isto porque os componentes de variância de dominância, intrínsecos aos ganhos genéticos em estruturas de famílias de irmãos-completos, não são considerados nos ganhos obtidos entre famílias de meios-irmãos e famílias S_1 .

Na avaliação da variabilidade e dos ganhos entre os ciclos de UENF-14, há necessidade de compor as populações com a mesma estrutura genética. Uma opção é compor populações de meios-irmãos com um testador masculino comum. Neste caso, o testador desejável são as progênes do ciclo menos avançado (C_0) para que não haja efeito tamponante sobre os demais ciclos. Na utilização do ciclo mais avançado (C_6) como testador, ele poderia sobrepujar os resultados entre os ciclos de UENF-14 por elevar a média de todos os ciclos. Dessa maneira,

utilizando como fileiras femininas os ciclos de UENF-14, haverá progênies de meios-irmãos para todos os ciclos e, por conseguinte, pode-se empregar a inferência de que a variância aditiva seja quatro vezes a variância genética, para todos os ciclos.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais e anos agrícolas de instalação dos experimentos

Os experimentos foram iniciados em dezembro de 2012, no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do Estado do Rio de Janeiro, localizado a 21° 45' 15" de latitude e 41° 19' 28" de longitude e a 11 m de altitude (Oliveira, 1996). Clima classificado como tropical chuvoso, de bosque, com uma precipitação média anual de 1023 mm. Tem evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23° C (Koeppen, citado por Ometto, 1981). O outro experimento foi implantado na Estação Experimental da PESAGRO-RIO, em Itaocara, Rio de Janeiro, Região Noroeste Fluminense, localizada a 21° 39' 12" de latitude sul e 42° 04' 36" W de longitude e a 60 m de altitude, com temperatura média anual de 22,5° C e precipitação média anual de 1041 mm. A distância entre as localidades é de 120 km.

Tabela 1 – Ambiente, ano agrícola e localização dos ensaios experimentais.

Ambiente	Ano Agrícola	Localidade
1	2013/2013	Colégio Agrícola – Campos dos Goytacazes
2	2013/2013	PESAGRO-RIO – Itaocara
3	2013/2014	Colégio Agrícola – Campos dos Goytacazes
4	2013/2014	PESAGRO-RIO – Itaocara

3.2 Obtenção das famílias de meios-irmãos

O seguinte procedimento foi adotado na obtenção das famílias de meios-irmãos: foram utilizadas fileiras com uma amostra de indivíduos dos ciclos de seleção recorrente (C_0 ao C_6), intercaladas com fileiras do testador (ciclo C_0 da população UENF-14), de forma que as famílias de meios-irmãos fossem obtidas dos cruzamentos dos ciclos de seleção recorrente com o testador (C_0).

Para obtenção destas famílias, foram semeadas, em dezembro de 2012, na área experimental do Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes (Norte do Estado do Rio de Janeiro), dez linhas de cada ciclo (C_0 ao C_6), intercaladas com 10 linhas do ciclo testador (C_0), da população UENF-14. Foi utilizado um espaçamento de 0,20 m entre plantas e 0,90 m entre linhas, tendo as linhas 5,0 m de comprimento. Foram semeadas três sementes por cova, à profundidade de 0,05m e, aos 21 dias após a emergência, foi feito o desbaste, deixando uma planta por cova.

Em seguida, procedeu-se ao despendoamento das linhas de cada ciclo, restando somente os pendões do ciclo testador (C_0). Tal procedimento foi feito em janeiro de 2013, haja vista que não havia lavouras ou experimentos de milho próximos, evitando-se, assim, contaminação. Dessa forma, foi permitido que os cruzamentos ocorressem naturalmente, sendo que todas as espigas colhidas em cada ciclo eram provenientes do seu cruzamento com o ciclo testador comum (C_0).

A adubação de plantio foi de 350 kg.ha⁻¹ de N-P-K, na formulação 04-14-08, e em cobertura aos 30 dias após a emergência, mais 60 kg.ha⁻¹ de nitrogênio, na forma de sulfato de amônio. Os tratos culturais como capinas e pluvizações foram feitos sempre que necessários, de acordo com as recomendações para a cultura (Sawazaki, 2001).

Sendo assim, esse procedimento gerou 210 famílias de meios-irmãos, tendo sido obtidas, para cada ciclo, 30 famílias de meios-irmãos. Ou seja, dos cruzamentos de $C_0 \times C_0$, foram obtidas 30 famílias; dos cruzamentos entre $C_0 \times C_1$, outras 30 famílias; e, assim, sucessivamente até as 30 famílias do cruzamento $C_0 \times C_6$ (Figura 1). Na sequência, essas 210 famílias de meios-irmãos foram

avaliadas em ensaios, em Campos dos Goytacazes e em Itaocara, respectivamente, Norte e Noroeste Fluminense.

Figura 1 – Esquema ilustrativo dos cruzamentos para obtenção das famílias de meios-irmãos.

C ₀	C ₁	C ₀	C ₂	C ₀	C ₃	C ₀	C ₄	C ₀	C ₅	C ₀	C ₆
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X	X → X
.
.
.

3.3 Avaliação das famílias de meios-irmãos

Foram incluídas, na avaliação das 210 famílias de meios-irmãos, as variedades Beija-Flor, da UFV, RS 20, da FEPAGRO-RS e a UFVM-2 Barão de Viçosa, também da UFV. Os plantios de safrinha foram feitos em 18 de abril de 2013, em Campos dos Goytacazes (Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo), e em 30 de abril de 2013, em Itaocara (Estação Experimental da PESAGRO-RIO, na Ilha do Pombo). Os experimentos foram novamente repetidos na safra, sendo o plantio em Campos dos Goytacazes (Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo) feito no dia 04 de setembro de 2013 e em Itaocara (Estação Experimental da PESAGRO-RIO, na Ilha do Pombo), no dia 18 de setembro de 2013.

O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com repetições dentro de “sets”. Foram utilizados três “sets” com três repetições, sendo que cada “set” conteve 73 tratamentos, ou seja, 70 famílias de meios-irmãos e três testemunhas. Para a composição de cada “set”, as famílias provenientes de cada ciclo foram numeradas de 1 a 30: no “set” 1, foram agrupadas e sorteadas as famílias de 1 a 10, mais as testemunhas; no “set” 2, as famílias de 11 a 20, mais testemunhas; e no “set” 3, as famílias de 21 a 30, mais as testemunhas (Figura 2).

Figura 2 – Distribuição das famílias dentro de “sets”.

	SET 1	SET 2	SET 3
REP 1	$C_0 \times C_0$ 1 - 10	$C_0 \times C_0$ 11 - 20	$C_0 \times C_0$ 21 - 30
	$C_0 \times C_1$ 1 - 10	$C_0 \times C_1$ 11 - 20	$C_0 \times C_1$ 21 - 30
	$C_0 \times C_2$ 1 - 10	$C_0 \times C_2$ 11 - 20	$C_0 \times C_2$ 21 - 30
	$C_0 \times C_3$ 1 - 10	$C_0 \times C_3$ 11 - 20	$C_0 \times C_3$ 21 - 30
	$C_0 \times C_4$ 1 - 10	$C_0 \times C_4$ 11 - 20	$C_0 \times C_4$ 21 - 30
	$C_0 \times C_5$ 1 - 10	$C_0 \times C_5$ 11 - 20	$C_0 \times C_5$ 21 - 30
	$C_0 \times C_6$ 1 - 10	$C_0 \times C_6$ 11 - 20	$C_0 \times C_6$ 21 - 30
	Testemunhas 1, 2 e 3	Testemunhas 1, 2 e 3	Testemunhas 1, 2 e 3
REP 2	$C_0 \times C_0$ 1 - 10	$C_0 \times C_0$ 11 - 20	$C_0 \times C_0$ 21 - 30
	$C_0 \times C_1$ 1 - 10	$C_0 \times C_1$ 11 - 20	$C_0 \times C_1$ 21 - 30
	$C_0 \times C_2$ 1 - 10	$C_0 \times C_2$ 11 - 20	$C_0 \times C_2$ 21 - 30
	$C_0 \times C_3$ 1 - 10	$C_0 \times C_3$ 11 - 20	$C_0 \times C_3$ 21 - 30
	$C_0 \times C_4$ 1 - 10	$C_0 \times C_4$ 11 - 20	$C_0 \times C_4$ 21 - 30
	$C_0 \times C_5$ 1 - 10	$C_0 \times C_5$ 11 - 20	$C_0 \times C_5$ 21 - 30
	$C_0 \times C_6$ 1 - 10	$C_0 \times C_6$ 11 - 20	$C_0 \times C_6$ 21 - 30
	Testemunhas 1, 2 e 3	Testemunhas 1, 2 e 3	Testemunhas 1, 2 e 3
REP 3	$C_0 \times C_0$ 1 - 10	$C_0 \times C_0$ 11 - 20	$C_0 \times C_0$ 21 - 30
	$C_0 \times C_1$ 1 - 10	$C_0 \times C_1$ 11 - 20	$C_0 \times C_1$ 21 - 30
	$C_0 \times C_2$ 1 - 10	$C_0 \times C_2$ 11 - 20	$C_0 \times C_2$ 21 - 30
	$C_0 \times C_3$ 1 - 10	$C_0 \times C_3$ 11 - 20	$C_0 \times C_3$ 21 - 30
	$C_0 \times C_4$ 1 - 10	$C_0 \times C_4$ 11 - 20	$C_0 \times C_4$ 21 - 30
	$C_0 \times C_5$ 1 - 10	$C_0 \times C_5$ 11 - 20	$C_0 \times C_5$ 21 - 30
	$C_0 \times C_6$ 1 - 10	$C_0 \times C_6$ 11 - 20	$C_0 \times C_6$ 21 - 30
	Testemunhas 1, 2 e 3	Testemunhas 1, 2 e 3	Testemunhas 1, 2 e 3

O espaçamento utilizado foi de linhas de 2,40 m de comprimento, espaçadas em 0,90 m, com 13 plantas distanciadas 0,20 m uma da outra, semeando-se três sementes por cova, à profundidade de 0,05 m, sendo que, aos 21 dias após a emergência, foi feito o desbaste, deixando-se uma planta por cova, totalizando uma população de 55.555 plantas por hectare. A adubação de plantio foi feita segundo a análise de solo, e a de cobertura, cerca de 30 dias após o plantio. Os tratos culturais foram feitos conforme as necessidades da cultura.

Foram avaliadas as seguintes características: altura média de planta (AP) em cm; altura média de inserção da primeira espiga (AE) em cm; tombamento (TOM); estande final (NP); prolificidade (número médio de espigas por planta) (NE); rendimento de grãos (RG) em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$; número médio de espigas doentes (ED); número médio de espigas atacadas por pragas (EP); número médio de dias para florescimento (FLOR); massa de 100 grãos (P100) em g; e capacidade de expansão dos grãos (CE) em $\text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$.

Para altura média de planta, mediu-se a distância do nível do solo à inserção da folha bandeira de seis plantas competitivas, ou seja, plantas posicionadas na parte central da parcela. Já para altura média da espiga, foi aferida a distância do nível do solo à base de inserção da primeira espiga, também de seis plantas competitivas. Ambas as aferições foram feitas após o completo pendoamento das plantas da parcela, e as medidas foram dadas em centímetros.

Plantas acamadas e/ou quebradas nas parcelas foram consideradas plantas tombadas. A contagem foi feita visualmente. As plantas com ângulo de inclinação superior a 45° , em relação à vertical, no momento da colheita, foram consideradas plantas acamadas. Foram consideradas plantas quebradas aquelas que estavam com o colmo quebrado, abaixo da espiga superior, no momento da colheita.

O número de plantas na parcela, no momento da colheita, foi considerado o estande final. A contagem do número de espigas colhidas em cada parcela forneceu a prolificidade.

O peso médio de espiga foi obtido depois da colheita por pesagem das espigas despalhadas, em $\text{kg}\cdot\text{parcela}^{-1}$, posteriormente, transformado para $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. O rendimento de grãos foi determinado por meio da pesagem dos grãos após a eliminação do sabugo e palha, sendo expresso em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. Não obstante a

necessidade de adequar a mensuração do rendimento de grãos, visando à adequação para um estande ideal, foi utilizado o método de correção de estande pela análise de covariância entre o número de plantas por parcela (variável X) e o rendimento de grãos observado (variável Y), segundo metodologia de covariância proposta por Vencovsky e Barriga (1992).

O número médio de espigas doentes foi obtido pela contagem do número de espigas doentes por parcela dividido pelo número total de plantas da parcela. O número médio de espigas atacadas por pragas foi expresso da mesma forma que para o número de espigas doentes.

A massa média de 100 grãos foi quantificada em balança com duas casas decimais, tomando-se 100 grãos, aleatoriamente, de plantas distintas de cada parcela.

A capacidade de expansão foi determinada em laboratório, fazendo uso de microondas com potência de 1000 W, capacidade de 31 litros, com tempo de pipocamento de 2,5 minutos para cada parcela.

3.4. Teste de Shapiro-Wilk

Por ser premissa da análise estatística a verificação da normalidade das características avaliadas, foi então feito o teste de Shapiro-Wilk (1965), com o intuito de retirar das análises as características que não apresentassem normalidade em seus dados.

O método de Shapiro-Wilk (1965) tem como resultado o valor favorecido pela estatística W, podendo variar de 0 a 1, e a probabilidade (p-valor) que descreve a hipótese da normalidade também varia de 0 a 1.

Segundo Cordeiro (1987), a estatística W do teste de Shapiro-Wilk (1965) é

expressa por
$$W = \frac{\left\{ \sum_{i=1}^n a_i z(i) \right\}^2}{\left\{ \sum_{i=1}^n (z_i - \bar{z})^2 \right\}}$$
,

em que $z(1) \leq z(2) \leq \dots \leq z(n)$ são os dados ordenados, em ordem crescente e os a_i 's são constantes tabuladas com nível de significância para W.

O procedimento para aplicação do teste de normalidade de Shapiro-Wilk (1965) segue os seguintes passos:

- i) ordenam-se as observações amostrais (n) em ordem crescente;
- ii) calcula-se a soma do quadrado do erro associado à amostra:

$$\left\{ \sum_{i=1}^n (z_i - \bar{z})^2 \right\};$$

- iii) calcula-se o valor de k , quando n é par, ou seja, $k = 2n$, quando n é ímpar, $k = 2n + 1$, em seguida, encontra-se o valor de: $\left\{ \sum_{i=1}^k a_i z^{(i)} \right\};$

Os valores de a_i 's são obtidos em tabelas especiais. Quando o número de observações é ímpar, o valor da mediana não entra nos cálculos; e

- iv) calcula-se a estatística W e compara-se o valor encontrado com o valor obtido em tabelas, e caso $W < W_{\text{tab}}$, o teste não rejeita a hipótese de nulidade, indicando a normalidade das observações. Na hipótese de nulidade H_0 , há distribuição normal e na hipótese de H_a não há distribuição normal.

3.5. Análise estatística

A análise de variância dos dados das características foi feita acordo com o modelo estatístico:

$$Y_{ijkl} = \mu + A_i + S_j + AS_{ij} + R/AS_{kij} + F/S_{ij} + AF/S_{mlj} + e_{ijklm}, \quad \text{em que}$$

μ é a média;

A_i é o efeito fixo do i -ésimo ambiente;

S_j é o efeito do j -ésimo *set*;

AS_{ij} é o efeito da interação entre ambientes e *sets*;

R/AS_{kij} é o efeito da k -ésima repetição dentro da interação entre o i -ésimo ambiente e o j -ésimo *set*;

F/S_{ij} é o efeito aleatório da l -ésima família dentro do j -ésimo *set*;

AF/S_{mlj} é o efeito da interação de ambientes e famílias dentro do j -ésimo *set*; e

e_{ijklm} é o erro experimental (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

As esperanças dos quadrados médios das fontes de variação relativas ao modelo estatístico usado estão presentes na Tabela 2. Com base no modelo

proposto, os dados das características serão utilizados em análise de variância, empregando-se o Programa SAS® (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA, 1985).

Tabela 2 - Esquema da análise de variância e esperança dos quadrados médios.

F.V.	G.L.	QM	E (QM)
Amb (A)	(a-1)	QMA	
Set (S)	(s-1)	QMS	
A x S	(a - 1)(s - 1)	QMAxS	
Repetição (R)/AxS	sa(r-1)	QMR	
Família (F)/S	s(f-1)	QMF/S	$\sigma^2 + ar\sigma^2F$
C ₀ /S	s(fC ₀ -1)	QMC ₀ /S	$\sigma^2 + ar\sigma^2FC_0$
C ₁ /S	s(fC ₁ -1)	QMC ₁ /S	$\sigma^2 + ar\sigma^2FC_1$
C ₂ /S	s(fC ₂ -1)	QMC ₂ /S	$\sigma^2 + ar\sigma^2FC_2$
C ₃ /S	s(fC ₃ -1)	QMC ₃ /S	$\sigma^2 + ar\sigma^2FC_3$
C ₄ /S	s(fC ₄ -1)	QMC ₄ /S	$\sigma^2 + ar\sigma^2FC_4$
C ₅ /S	s(fC ₅ -1)	QMC ₅ /S	$\sigma^2 + ar\sigma^2FC_5$
C ₆ /S	s(fC ₆ -1)	QMC ₆ /S	$\sigma^2 + ar\sigma^2FC_6$
(A x F)/S	s(a-1)(f-1)	QMAxF/S	$\sigma^2 + r\sigma^2AF$
C ₀ /S	s(a-1)(fC ₀ -1)	QMC ₀ /S	$\sigma^2 + r\sigma^2AFC_0$
C ₁ /S	s(a-1)(fC ₁ -1)	QMC ₁ /S	$\sigma^2 + r\sigma^2AFC_1$
C ₂ /S	s(a-1)(fC ₂ -1)	QMC ₂ /S	$\sigma^2 + r\sigma^2AFC_2$
C ₃ /S	s(a-1)(fC ₃ -1)	QMC ₃ /S	$\sigma^2 + r\sigma^2AFC_3$
C ₄ /S	s(a-1)(fC ₄ -1)	QMC ₄ /S	$\sigma^2 + r\sigma^2AFC_4$
C ₅ /S	s(a-1)(fC ₅ -1)	QMC ₅ /S	$\sigma^2 + r\sigma^2AFC_5$
C ₆ /S	s(a-1)(fC ₆ -1)	QMC ₆ /S	$\sigma^2 + r\sigma^2AFC_6$
Erro (E)	as(f-1)(r-1)	QME	σ^2
Total	(asrf) - 1		

3.6. Componentes genéticos, fenotípicos e de ambiente

3.6.1. Estimador da variância genotípica entre famílias

$$\hat{\sigma}_G^2 = \frac{QMF/S - QMR}{ar},$$

em que:

QMF/S é o quadrado médio de Famílias dentro de Sets;

QMR é o quadrado médio do resíduo;

a é o número de ambientes; e

r é o número de repetições.

3.6.2. Estimador da variância fenotípica entre famílias

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{QMF/S}{ar}$$

3.6.3. Estimador da variância média residual

$$\hat{\sigma}_R^2 = \frac{QMR}{ar}$$

3.6.4. Estimador da variância da interação genótipo *versus* ambiente

$$\hat{\sigma}_{GA}^2 = \frac{QM(AxF)/S - QMR}{r} \cdot \frac{a-1}{a},$$

em que:

$QM(FxA)/S$ é o quadrado médio da interação Famílias *versus* Ambiente dentro de "Sets".

3.6.5. Herdabilidade percentual com base na média de famílias

$$\bar{h}_x^2 = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_F^2} = \frac{QMF/S - QMR}{QMF/S} \times 100$$

3.6.6. Estimador do índice de variação

$$\hat{I}_v = \frac{CVg}{CVe},$$

em que:

CVg é o Coeficiente de Variação Genético; e

CVe é o Coeficiente de Variação Experimental.

3.7. *Boxplot*

Foram obtidos os *boxplots* para o intervalo de confiança de 95 % para as características avaliadas. A população avaliada foi constituída de 210 famílias de meios-irmãos.

Para confecção dos *boxplots*, foi utilizado o programa SigmaPlot (2006).

3.8. Ganho Genético

O progresso genético é expresso em % de ganho, e para efeito de comparação normal, é dado em ganho por ano. O ganho genético foi obtido pela da expressão:

$$\Delta g = \frac{d.s. \times h^2}{\bar{X}_o}$$

em que:

Δg é o ganho genético;

d.s. é o diferencial de seleção;

h^2 é a herdabilidade no sentido restrito; e

\bar{X}_o é a média da população original.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de Variância Conjunta

Pelo teste de Shapiro-Wilk (1965), verificou-se que as características tombamento (TOM), número médio de espigas atacadas por pragas (EP), número médio de espigas doentes (ED), estande final (NP), prolificidade (NE) e massa de 100 grãos (P100) não seguiram a distribuição normal, tendo sido excluídas da análise de variância.

Pela análise de variância, foram verificadas diferenças significativas pelo teste F em nível de 1% de probabilidade para todas as características no que se refere à fonte de variação Ambiente (Tabela 3). A significância para esta fonte de variação mostra que os ambientes foram suficientemente distintos para promover diferenças entre as características avaliadas. Esse resultado confirma a representatividade dos municípios Campos dos Goytacazes e Itaocara como locais distintos para a avaliação de progênies em seleção recorrente, bem como para genótipos em ensaios de comparação de desempenho agrícola.

Tabela 3 – Estimativas dos quadrados médios, das médias e dos coeficientes percentuais de variação experimental de cinco características avaliadas em 210 famílias de meios-irmãos na população UENF-14 de milho-pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ. 2013/2014.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}				
		RG	CE	AP	AE	FLOR
Ambiente (A)	3	324446393,5**	2698,36**	36,62**	11,76**	418,85**
Set (S)	2	143478,7 ^{ns}	115,49**	0,006 ^{ns}	0,002 ^{ns}	83,7**
A x S	6	2542754,5**	50,98*	0,1**	0,016 ^{ns}	36,09**
Repetição (R)/A x S	24	3609424,1**	92,77**	0,29**	0,25**	92**
Famílias (F)/ S	207	16745569,6**	102,47**	0,07**	0,05**	27,95**
C ₀	27	731223,13 ^{ns}	135,82**	0,07**	0,04**	24,52**
C ₁	27	1169927,3*	91,4**	0,08**	0,05**	41,2**
C ₂	27	955266,5**	40,26**	0,08**	0,05**	21,48**
C ₃	27	1730843,8**	88,07**	0,04*	0,03*	21,49**
C ₄	27	1136925,1**	95,57**	0,07**	0,06**	20,52**
C ₅	27	1087569,5**	95,31**	0,09**	0,06**	20,01**
C ₆	27	1201874,02**	83,87**	0,08**	0,05**	17**
(A x F)/ S	621	865190**	22,44*	0,03**	0,02*	6,31 ^{ns}
C ₀	81	559266,12 ^{ns}	18,03 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,01 ^{ns}	7,08 ^{ns}
C ₁	81	652629,8 ^{ns}	23,41 ^{ns}	0,05**	0,02*	6,89 ^{ns}
C ₂	81	1042610,3**	18,88 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,02 ^{ns}	4,8 ^{ns}
C ₃	81	605095,2 ^{ns}	17,78 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,01 ^{ns}	4,09 ^{ns}
C ₄	81	855634,9*	19,28 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,01 ^{ns}	5,87 ^{ns}
C ₅	81	737565,3*	27,13 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,01 ^{ns}	6,51 ^{ns}
C ₆	81	508647,23 ^{ns}	24,18 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,01 ^{ns}	4,27 ^{ns}
Resíduo	1618	615876	19,78	0,02	0,01	5,79
Média		3070,05	26,43	1,75	0,99	63,1
CVe (%)		25,56	16,82	9,58	12,25	3,81

^{1/} RG = rendimento de grãos em kg.ha⁻¹; CE = capacidade de expansão em mL.g⁻¹; AP = altura média de planta em cm; AE = altura média de inserção da primeira espiga em cm; e FLOR = número médio de dias para florescimento.

** = Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F;

* = Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; e

^{ns} = Não Significativo.

No que se refere à fonte de variação *Set*, os quadrados médios foram significativos em $p \leq 0,01$ para capacidade de expansão (CE) e número médio de dias para florescimento (FLOR). As características rendimento de grãos (RG), altura média de inserção da primeira espiga (AE) e altura média de plantas (AP) não foram significativas em 5% de probabilidade. Segundo Rangel et al. (2011), a significância para características de valor econômico é um forte indício da necessidade de utilização do delineamento em blocos casualizados com arranjo dos tratamentos em *sets*, sendo que a ausência dessa fonte de variação produziria variações que resultariam em perda de precisão experimental.

Em relação à interação Ambiente *versus Set*, houve ausência de significância apenas para altura média de inserção da primeira espiga (AE) (Tabela 3). As demais características foram significativas em 1% de probabilidade, confirmando que as famílias foram distribuídas aleatoriamente nos “*sets*” e exibiram modificações fenotípicas provocadas pelas mudanças edafoclimáticas ambientais.

No que tange à fonte de variação Famílias dentro de “*Set*” (F/S), foi possível verificar que todas as características avaliadas revelaram significância ($p < 0,01$), comprovando haver suficiente variabilidade genética a ser explorada no programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF, nos próximos ciclos. O mesmo foi observado no desdobramento das famílias de meios-irmãos dentro de “*Set*”, cuja grande maioria das características apresentou significância em 1% de probabilidade, com exceção da característica RG nos ciclos C_1 e C_6 , que foi significativa ao nível de 5% de probabilidade, o mesmo ocorrendo para a característica AP e AE no ciclo C_3 .

Como efeito da seleção, alguns fatores interferem na taxa de elevação das frequências gênicas favoráveis, como, por exemplo, a variabilidade genética, o método de seleção empregado, o tamanho da população e a influência do ambiente (Paterniani, 1980). Segundo Hallauer et al. (2010), o aumento nas frequências gênicas favoráveis equivale a uma maior concentração de alelos favoráveis na população melhorada a cada ciclo de seleção recorrente e traz, como consequência, o incremento da média populacional para as diversas características. Nesse contexto, por uma análise inicial e superficial, pode-se perceber que o Programa de Seleção Recorrente na população UENF-14 de milho-pipoca não exauriu a variabilidade presente, indicando existência de

variação em 5 ou 1% de significância para características de valor econômico em diferentes ciclos.

Ainda que as características - estande final (NP), tombamento (TOM), prolificidade (NE), número médio de espigas doentes (ED), número médio de espigas atacadas por pragas (EP) e massa de 100 grãos (P100) – tenham sido excluídas da análise de variância, nota-se que entre as que são indesejáveis (TOM, ED e EP), houve uma situação favorável às famílias quando comparadas às testemunhas utilizadas (Tabela 4). Para tombamento (TOM), por exemplo, a média das famílias ficou em 2,77 em comparação com a média das testemunhas, que foi de 3,33. Em relação ao número médio de espigas doentes (ED), as médias das famílias e testemunhas foram, respectivamente, 1,82 e 3,53, confirmando a melhor adaptação da população UENF-14 às condições edafoclimáticas das regiões avaliadas. O mesmo pode-se dizer em relação ao número médio de espigas atacadas por pragas (EP), com valores de 0,57 para as famílias e de 0,83 para as testemunhas. Para a massa média de 100 grãos (P100), podemos verificar que o valor médio desta característica para as famílias (15,19) foi bem superior ao das testemunhas (12,30). Tal resultado provém da informação de melhor desenvolvimento dos grãos da população UENF-14, provavelmente por se adaptar melhor aos ambientes avaliados. As características número médio de plantas por parcela (NP) e número médio de espigas (NE) apresentaram valores próximos, sendo para primeira 12,19 para as famílias e 12,39 para as testemunhas. Já para o número médio de espigas (NE) os valores respectivos para famílias e testemunhas foram, 14,21 e 14,97.

Tabela 4 – Médias de seis características avaliadas em 210 famílias de meios-irmãos na população UENF-14 de milho-pipoca e que não compuseram a ANOVA. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ. 2013/2014.

Características ^{1/}	NP	TOM	NE	ED	EP	P100
Famílias	12,19	2,77	14,21	1,82	0,57	15,19
Testemunhas	12,39	3,33	14,97	3,53	0,83	12,30

^{1/} NP = número médio de plantas por parcela; TOM = tombamento; NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP número médio de espigas atacadas por pragas; e P100 = massa média de 100 grãos em gramas.

Para a fonte de variação Ambiente *versus* Famílias dentro de “Set” (Ax_F)/S, houve significância em 1% de probabilidade para rendimento de grãos (RG) e altura média de plantas (AP); significância a 5% de probabilidade foi obtida para capacidade de expansão (CE) e altura média de inserção da primeira espiga (AE); e apenas para número médio de dias para florescimento (FLOR), houve ausência de significância a 5% de probabilidade. A significância quanto à interação (Ax_F)/S indica que as famílias avaliadas se comportaram distintamente nos quatro ambientes avaliados. Porém, sendo a significância uma questão probabilística, há, com maior grau de liberdade, também maior sensibilidade, permitindo detectar diferenças significativas.

Quanto aos desdobramentos por ciclo, o conjunto de tratamentos em cada ciclo é menor, o que reduz o poder de detecção das diferenças, pois demandaria maiores valores de interação para acusar significância. Dessa maneira, atenção maior deve ser dada aos desdobramentos, pois permitem verificar se dentro de cada nível ocorreu ou não significância dos efeitos principais e das interações. Sendo assim, nos desdobramentos para a maioria das características, não foi observada significância. Das características avaliadas, capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos (RG) são as de maior preocupação em um programa de melhoramento de milho-pipoca, por isso são as que justificariam um estudo mais aprofundado das interações. Quando se observam os desdobramentos para essas duas características, pode-se perceber que, para a característica CE, não houve significância em 5% de probabilidade e para RG somente três dos sete ciclos expressaram significância; 1 % de probabilidade para C₂ e 5% de probabilidade para C₄ e C₅. Resultados semelhantes foram obtidos no sétimo ciclo de seleção recorrente com famílias de irmãos-completos, em que Freitas et al. (2014) identificaram significância em nível de 1% para RG e ausência de significância para CE.

Não podem ser esquecidas, porém, as estimativas dos coeficientes de variação experimental (C_Ve%) das características avaliadas, Tabela 3, pela importância que essa estatística tem para a estimativa do erro experimental em relação à média geral do experimento, sendo muito utilizada na avaliação da qualidade experimental.

Pelas estimativas dos coeficientes de variação experimental (C_Ve%) das características avaliadas, verificou-se que o maior C_Ve ocorreu para RG, com

valor de 25,56%, considerado alto, segundo a classificação proposta por Gomes (2000) (Tabela 3). Entretanto, quando é comparado com o CVe(s) dos ciclos anteriores para RG, observam-se valores próximos, como, por exemplo, 19,76% no quinto ciclo e 20,00% no sexto ciclo.

Segundo Gomes (2000), nos experimentos agrícolas, os coeficientes de variação experimental são considerados baixos quando inferiores a 10%, médios quando se situam entre 10% a 20%, altos quando variam entre 20% a 30% e muito altos quando superiores a 30%.

Para as demais características - CE (16,82), AP (9,58) e AE (12,25) - os coeficientes de variação experimental foram considerados médios, com exceção da característica FLOR (3,81), classificada como baixa.

Os bons resultados observados no presente trabalho, no que se refere ao coeficiente de variação experimental, são devidos à boa condução do experimento bem como à exclusão de características que não apresentaram distribuição normal antes de serem feitas as análises estatísticas, denotando, assim, a importância da verificação de normalidade das características antes de serem submetidas à análise de variância.

4.2. Parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros genéticos têm grande importância em programas de melhoramento, balizam os melhoristas no momento de tomar decisões a respeito da escolha do método de melhoramento e do modo de condução e seleção (Amaral et al., 2009). Segundo Fehr (1987), a eficácia do trabalho de melhoramento é maior quando se conhece a magnitude do coeficiente de herdabilidade para o caráter em estudo, por auxiliar na definição das estratégias de seleção e na predição do ganho genético.

Analisando a Tabela 5, observa-se que a capacidade de expansão expressou valores elevados para a herdabilidade e para o índice de variação. Tais resultados são consonantes com os obtidos por Pereira e Amaral Júnior (2001), empregando o Delineamento I (Comstock e Robinson, 1948) nos estudos iniciais da população UENF- 14. As elevadas estimativas da herdabilidade favorecem a aceitação da hipótese de que a característica é oligogênica (Alexander e Creech,

1977; Lira, 1983; Linares, 1987; Zanette, 1989; Andrade, 1996; Pacheco et al., 1998; Coimbra et al., 2001; Pereira e Amaral Júnior, 2001; Miranda et al., 2008). Com exceção do segundo ciclo, no qual houve redução na estimativa da herdabilidade, nota-se um equilíbrio quanto à magnitude dos valores, confirmando a predominância de efeitos genéticos aditivos na expressão da capacidade de expansão (Scapim et al., 2002; Simon et al., 2004; Freitas Júnior et al., 2009a).

As estimativas da herdabilidade de CE balizam o histórico do Programa de Melhoramento de Milho-Pipoca da UENF. Neste aspecto, no ciclo C_0 , em que a estratégia de melhoramento foi a seleção massal, percebe-se que a população inicial de melhoramento tinha boas perspectivas de sucesso de seleção, pois apresentou, naquele momento, elevado valor de herdabilidade, com magnitude de 84,73% (Tabela 5).

Segundo Ridley (2006), no processo de seleção, os genótipos superiores irão aumentar em frequência, substituindo os genótipos inferiores até um ponto em que esses últimos deixem de existir na população. Quando este ponto é alcançado, todos os indivíduos da população terão o mesmo genótipo e não restará variância genética aditiva para ser explorada. Neste momento, ocorrerá o fim do programa, pois a herdabilidade terá sido reduzida a zero. Com sorte, este é um processo demorado, haja vista a longevidade de programas com mais de 90 ciclos de seleção. Neste contexto, com a implementação do primeiro ciclo (C_1), houve uma ligeira queda na magnitude da herdabilidade. Isto se deve ao fato de, na constituição do ciclo C_1 , haver sido empregada a estratégia de irmãos-completos, em que a intensidade de seleção de 15% provavelmente tenha provocado tal efeito. No ciclo C_2 , foram utilizadas famílias endogâmicas S_1 como estratégia de seleção e, apesar de os ganhos preditos para o ciclo seguinte terem sido consideráveis, observa-se que tal procedimento provocou estreitamento genético na população, tendo sido observado o menor valor de herdabilidade (49,21%). Porém, ao contrário do que se espera nestes casos, a recombinação das famílias selecionadas, juntamente com a estratégia do ciclo seguinte, que foi família de meios-irmãos, permitiu que a população potencializasse a variabilidade presente para continuidade do programa, o que pode ser constatado pelo fato de o valor de herdabilidade no ciclo C_3 ter sido elevado de 81,76%. A partir daí, do ciclo C_4 ao C_6 , percebe-se uma estabilidade quanto a este parâmetro, com magnitudes elevadas.

Tabela 5 - Estimativas da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), da variância genotípica ($\hat{\sigma}_G^2$), da variância residual ($\hat{\sigma}_r^2$), da variância da interação genótipo *versus* ambiente ($\hat{\sigma}_{GA}^2$), da herdabilidade com base na média de famílias (\hat{h}_x^2), do coeficiente de variação genético (\hat{CVg}), do índice de variação (\hat{I}_v) e da variância aditiva (σ_a^2), para cinco características avaliadas em 210 famílias na população UENF-14 de milho-pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ. 2013/2014.

RG ^{1/}	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_r^2$	$\hat{\sigma}_{GA}^2$	\hat{h}_x^2	\hat{CVg}	\hat{I}_v	σ_a^2
C ₀	60935,26	11325,24	49610,03	0,00	18,59	4,10	0,14	45300,94
C ₁	97493,94	38619,63	58874,31	0,00	39,61	6,83	0,23	154478,53
C ₂	79605,54	21575,30	58030,24	86561,85	27,10	4,70	0,18	86301,20
C ₃	144236,9 _r	93919,78	50317,20	322,20	65,11	9,63	0,39	375679,13
C ₄	94743,76	43550,01	51193,75	60327,48	45,97	6,53	0,27	174200,03
C ₅	90630,79	47073,37	43557,43	53719,05	51,94	6,68	0,30	188293,47
C ₆	100156,1 ₇	45111,04	55045,13	0,00	45,04	6,48	0,26	180444,14
CE ^{1/}	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_r^2$	$\hat{\sigma}_{GA}^2$	\hat{h}_x^2	\hat{CVg}	\hat{I}_v	σ_a^2
C ₀	11,3183	9,5900	1,7283	0,0000	84,73	12,3525	0,6798	38,36
C ₁	7,6167	5,7208	1,8958	0,1650	75,11	9,0360	0,5017	22,88
C ₂	3,3550	1,6508	1,7042	0,0000	49,21	5,1394	0,2843	6,60
C ₃	7,3392	6,0008	1,3383	0,4300	81,76	9,4145	0,6113	24,00
C ₄	7,9642	6,4483	1,5158	0,2725	80,97	9,6224	0,5954	25,79
C ₅	7,9425	6,1792	1,7633	1,4925	77,80	9,0590	0,5402	24,72
C ₆	6,9892	5,2508	1,7383	0,8300	75,13	8,0065	0,5017	21,00
AP ^{1/}	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_r^2$	$\hat{\sigma}_{GA}^2$	\hat{h}_x^2	\hat{CVg}	\hat{I}_v	σ_a^2
C ₀	0,0058	0,0042	0,0017	0,0000	71,43	3,6676	0,4098	0,0167
C ₁	0,0067	0,0042	0,0025	0,0050	62,50	3,7098	0,3728	0,0167
C ₂	0,0067	0,0042	0,0025	0,0025	62,50	3,7748	0,3790	0,0167
C ₃	0,0033	0,0017	0,0017	0,0025	50,00	2,2807	0,2574	0,0067
C ₄	0,0058	0,0033	0,0025	0,0000	57,14	3,2075	0,3490	0,0133
C ₅	0,0075	0,0050	0,0025	0,0025	66,67	4,0873	0,4075	0,0200
C ₆	0,0067	0,0042	0,0025	0,0000	62,50	3,7312	0,3788	0,0167

^{1/} RG = rendimento de grãos em kg.ha⁻¹; CE = capacidade de expansão em mL.g⁻¹; e AP = altura média de planta em cm.

Tabela 5 – Continuação...

AE ^{1/}	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_r^2$	$\hat{\sigma}_{GA}^2$	\hat{h}_x^2	\hat{CVg}	\hat{I}_v	σ_a^2
C ₀	0,0033	0,0025	0,0008	0,000	75,00	5,2083	0,4541	0,0100
C ₁	0,0042	0,0025	0,0017	0,000	60,00	5,0505	0,3832	0,0100
C ₂	0,0042	0,0025	0,0017	0,000	60,00	5,0505	0,3812	0,0100
C ₃	0,0025	0,0008	0,0017	0,000	33,33	2,8582	0,2238	0,0033
C ₄	0,0050	0,0042	0,0008	0,000	83,33	6,2670	0,5929	0,0167
C ₅	0,0050	0,0042	0,0008	0,000	83,33	6,5867	0,5373	0,0167
C ₆	0,0042	0,0033	0,0008	0,000	80,00	5,9521	0,4716	0,0133
FLOR ^{1/}	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_r^2$	$\hat{\sigma}_{GA}^2$	\hat{h}_x^2	\hat{CVg}	\hat{I}_v	σ_a^2
C ₀	2,04	1,53	0,51	0,23	74,88	1,96	0,50	6,12
C ₁	3,43	2,87	0,57	0,02	83,50	2,63	0,65	11,47
C ₂	1,79	1,36	0,43	0,00	75,74	1,84	0,51	5,42
C ₃	1,79	1,41	0,38	0,00	78,87	1,90	0,56	5,65
C ₄	1,71	1,29	0,42	0,21	75,39	1,82	0,51	5,16
C ₅	1,67	1,08	0,59	0,00	64,82	1,66	0,39	4,32
C ₆	1,42	0,97	0,45	0,00	68,35	1,56	0,42	3,87

^{1/} AE = altura média de inserção da primeira espiga em cm; e FLOR = número médio de dias para florescimento.

Em se tratando de rendimento de grãos, observa-se semelhança na manutenção dos valores de herdabilidade, seguindo o mesmo padrão observado para capacidade de expansão, sendo que, no ciclo C₃, houve recuperação na magnitude da herdabilidade (65,11%) após o estreitamento no ciclo C₂, cuja magnitude foi de 27,10%. Nos ciclos C₄, C₅ e C₆, houve manutenção nos valores de herdabilidade, respectivamente, de 45,97%, 51,94% e 45,04%. Para o ciclo C₀, o valor de herdabilidade foi o menor, 18,59%, embora um valor mais elevado fosse o esperado, tendo em vista o valor observado por Pereira e Amaral Júnior (2001), que estimaram magnitude de 44,88% para herdabilidade em famílias de irmãos-completos.

Ainda que RG tenha maior predominância de efeitos gênicos dominantes (Pereira e Amaral Júnior, 2001; Andrade et al., 2002; Simon et al., 2004), a manifestação da ação gênica aditiva tem sido observada para tal característica

(Pereira e Amaral Júnior, 2001; Scapim et al., 2002). Assim, a manutenção da magnitude da herdabilidade em valores altos para RG nos ciclos superiores favorece a predição de aumento na concentração de alelos favoráveis na população UENF-14 de milho-pipoca sob seleção recorrente.

Magnitudes mais elevadas de herdabilidade para CE em relação a RG eram esperadas ocorrerem na população UENF-14 de milho-pipoca, como demonstrado por Pereira e Amaral Júnior (2001). Resultados como estes, em que as estimativas de herdabilidade para capacidade de expansão são mais elevadas em relação a rendimento de grãos, são confirmados por outros autores em outras populações (Lira, 1983; Pacheco et al., 1998).

Quanto a FLOR, AP e AE, em virtude de apresentarem altas magnitudes de herdabilidade, os progressos genéticos são muito promissores, mesmo por meio de métodos simples de melhoramento. As médias das famílias nos ciclos para FLOR variaram, do menor para o maior valor, entre 62,56 e 64,43 dias; em relação a AP, variaram de 1,71 e 1,80 m; e, para AE, variaram entre 0,96 e 1,03 m. Estes resultados reafirmam a importância da utilização da seleção recorrente como método de melhoramento para obtenção de ganhos desejáveis na população UENF-14.

Segundo Pacheco et al. (1998), a falta de dados na literatura quanto à variância aditiva para CE dificulta a visualização da real magnitude das estimativas desse parâmetro, bem como de seu efeito em um programa de seleção.

Em um programa de seleção recorrente entre famílias de irmãos-completos, que têm variância genética igual a $1/2\hat{\sigma}_A^2 + 1/4\hat{\sigma}_D^2$, a variância de dominância não é utilizada neste processo de seleção, sendo somente a variância aditiva e em, apenas, 50% (Vencovsky, 1978). Entrementes, há consenso de que não se deve desconsiderar o componente de dominância, principalmente em se tratando de características com maior predominância de efeitos gênicos dominantes, caso do rendimento de grãos.

Com o intento de estimar a variância aditiva para características de importância agroeconômica nos sucessivos ciclos de UENF-14 de milho-pipoca, foi necessário utilizar o mesmo testador como genitor masculino em recombinação com progênies de C₀, C₁, C₂, C₃, C₄, C₅ e C₆, constituindo uma estrutura populacional de famílias de meios-irmãos. Com isso, aplicando-se a

relação $\sigma_g^2 = \frac{1}{4}\sigma_a^2$, pôde-se inferir sobre a estimação dos efeitos aditivos. Para tanto, foi escolhida como testadora a população C₀, de modo a evitar efeitos expressivos que pudessem sobrepujar os valores das estimativas, sobretudo nas populações iniciais.

Isto posto, analisando as variâncias aditivas para CE, Tabela 5, constata-se claramente o momento em que foram utilizadas as famílias endogâmicas S₁ como estratégia de melhoramento na população UENF-14, isto porque a σ_a^2 para o Ciclo C₂ foi de 6,60, cuja estimativa foi a menor magnitude entre os ciclos, com forte aumento no ciclo subsequente, de valor de σ_a^2 igual a 24,00, e sua manutenção nos ciclos subsequentes, 25,79, 24,72 e 21,00, para os ciclos C₄, C₅ e C₆, respectivamente. De porte desses resultados, confirma-se que, caso houvesse continuidade na utilização da estratégia de seleção por meio de famílias endogâmicas (S₁) por mais gerações, os progressos genéticos da população UENF-14 estariam comprometidos, haja vista a manutenção da variância aditiva em níveis baixos, sendo preocupante para o sucesso de uma programa de seleção recorrente, em que o intento são os ganhos a longo prazo.

Para a característica RG, observa-se que o ciclo C₂ também apresentou baixa magnitude de σ_a^2 , corroborando os demais resultados. A estratégia utilizada no ciclo C₂, famílias S₁, culminou com a redução da variância aditiva nas duas características de maior interesse na cultura do milho-pipoca, RG e CE. Contudo, a σ_a^2 foi recuperada com a recombinação das famílias para formação do ciclo seguinte, fato essencial para os bons resultados angariados posteriormente em UENF-14.

Segundo Euclides Filho (1999), citado por Reis et al. (2009), quando houver variabilidade genética, quantificada geralmente pela variância genética aditiva, há potencial para promover a seleção e, conseqüentemente, obter ganhos nos procedimentos seletivos. Isso se deve ao fato de a variância genética aditiva ser um componente da herdabilidade no sentido restrito, que prediz a possibilidade de gerar segregantes superiores em gerações avançadas (Hallauer et al., 2010)

Sorensen & Kennedy (1984) e Werf & Boer (1990), trabalhando com melhoramento animal, observaram redução na variância genética aditiva e

aumento do coeficiente de endogamia, por meio de estudos de simulação em populações sob seleção. Resultados semelhantes foram obtidos também por Braccini Neto (1999), que, utilizando simulação de dados, constatou que a seleção fenotípica imposta, com diferentes intensidades de seleção, causou aumento no coeficiente de endogamia e redução na variância genética aditiva.

Com respaldo nos resultados obtidos no presente trabalho, verifica-se que, para as duas características de maior interesse, RG e CE, a magnitude da variância aditiva se mantém com valores próximos nos ciclos avançados da população UENF-14, indicando que a variabilidade permanece sem evidência de decréscimos nos ciclos avançados, donde se conclui pela longevidade do programa de melhoramento da UENF.

4.3. Amplitude de variação das características avaliadas na população UENF-14

4.3.1. Análise de *boxplots* para o intervalo de confiança de 95%

Na Figura 1, estão os *boxplots* para um intervalo de confiança de 95% de probabilidade, que representam as amplitudes de variação de três características para a população avaliada (210 famílias de meios-irmãos).

Analisando a característica altura média de plantas (AP), verifica-se elevada variação interquartil, que se manteve ao longo dos ciclos de seleção na população UENF-14. Aliado a este fato, verifica-se para todos os ciclos avaliados presença de *outliers*, sendo que os mais extremos representam os limites inferior e superior, LI e LS, respectivamente. De outra forma, constituem os pontos mais distantes da amplitude do primeiro e terceiro quartil, respectivamente.

Com base nas amplitudes de variações dos *boxplots*, pode-se inferir pela ampla variabilidade apresentada para a característica AP na população UENF-14. Em virtude de a população em estudo não apresentar problemas de tombamento relacionados ao porte das plantas, a intensidade de seleção sobre tal característica tem sido moderada. Corroborando isso, observa-se, na Figura 1, que, nos ciclos C_3 e C_4 , houve uma mediana ligeiramente superior, seguida de medianas menores nos ciclos C_5 e C_6 . A manutenção do porte das plantas ao

longo dos ciclos não tem representado qualquer problema para a população sob seleção, contudo, não se pode negar que há variabilidade genética suficiente para ser explorada, caso seja necessário, nos sucessivos ciclos de seleção recorrente.

Resultados semelhantes foram constatados para a característica altura média de inserção da primeira espiga (AE), sendo observados os mesmos padrões para o intervalo interquartil e *outliers*. Em relação à mediana para essa característica, observa-se ligeiro aumento até o ciclo C₄, sendo que nos ciclos seguintes a mediana decresce. Para a população em questão, não há relatos de prejuízos anteriores decorridos em razão da altura de inserção da primeira espiga. Assim, em razão da presença de boa distribuição dos valores obtidos pela AE, confirmada no *boxplot*, Figura 1, se, por algum motivo, houver necessidade de maior acuidade e seleção por parte do melhorista, ele poderá se valer da variabilidade genética apresentada pela AE, no intuito de elevar ou reduzir sua média na população conforme o desejável.

Em se tratando de uma população que apresenta médias baixas para tombamento de plantas, pode-se deduzir que a concentração de alelos favoráveis tem ocorrido de forma evidente na sucessão dos ciclos de seleção recorrente em UENF-14, favorecendo a redução de tombamento devido ao porte médio de 1,75 m das plantas.

Para a característica número médio de dias para florescimento (FLOR), nota-se que a variação interquartil foi menor, seguida pela baixa saturação de *outliers*. Na Tabela 3, nota-se que a média de florescimento de todas as famílias foi de 63,1 dias. Quando são analisadas as medianas das famílias separadamente por ciclo, Figura 1, percebe-se que elas não se afastaram muito da média total das famílias. Conclui-se, portanto, que a seleção em UENF-14, tendo como preocupação maior os ganhos nas duas características de maior interesse, sejam elas RG e CE, não tem promovido modificações consideráveis no número médio de dias para florescimento.

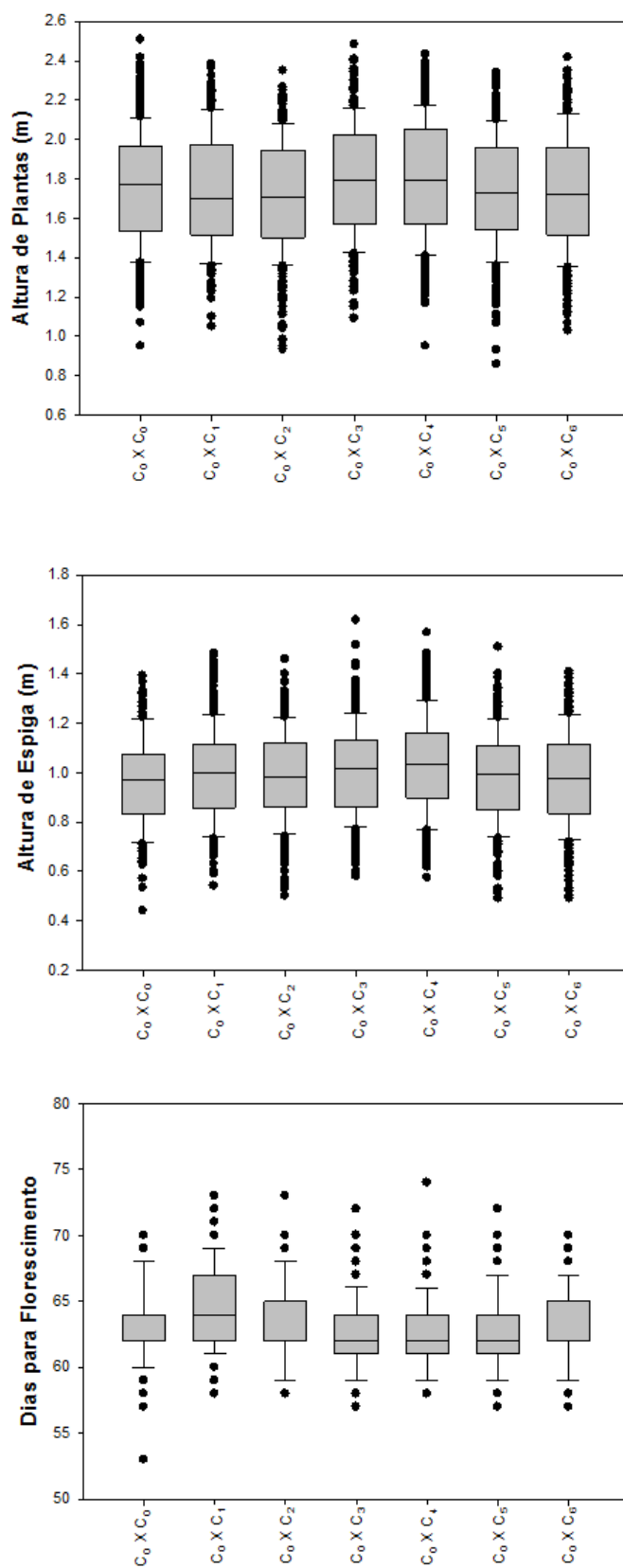


Figura 1 - *Boxplot* para as características altura média de plantas, altura média de inserção da primeira espiga e número médio de dias para o florescimento.

A Figura 2 mostra a evolução da população em estudo ao longo dos ciclos para as características rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). Quanto ao RG, constata-se progresso mais acentuado do ciclo C_0 ao ciclo C_2 , em que as medianas estavam mais afastadas. Este resultado é esperado em um programa de melhoramento, em que os maiores ganhos são geralmente obtidos nos primeiros ciclos de seleção. Outro fator preponderante foi a utilização de famílias endogâmicas S_1 no ciclo C_2 , que capitaliza maiores ganhos, porém, pode pôr em risco a variabilidade genética da população. Do ciclo C_3 em diante, os ganhos foram mais modestos, denotando que os ganhos em produção estão ocorrendo, porém, em taxas menores. Verifica-se para essa característica eleva a amplitude interquartil, que é ligeiramente menor no ciclo mais avançado da população (C_6). Esse resultado é esperado, pois, com o avanço das gerações e consequente acúmulo de alelos favoráveis, há expectativa de que a amplitude de distribuição dos dados decresça. A grande saturação de *outliers* presente na característica ao longo de todos os ciclos revela que grande variabilidade para esta característica ainda é encontrada em UENF-14.

No que se refere à característica capacidade de expansão (CE), um fato intrigante é observado na Figura 2, em que os ciclos C_0 e C_1 se comportaram de maneira não esperada, apresentando medianas com valores superiores ao ciclo C_2 . Porém, quando se analisa o progresso da população nos ciclos posteriores, nota-se elevação nas magnitudes dos valores das medianas, conforme o esperado. Assim, a análise dos *boxplots* em relação à CE, Figura 2, traduz uma situação vantajosa para ganhos nessa característica.

Quando comparada a variação interquartil de CE com RG, é notório que para CE, do ciclo C_2 em diante, a variação é mais estreita, o que está em consonância com a premissa de que os alelos favoráveis para esta característica sejam mais influenciados por efeitos aditivos. Isso talvez se deva à contínua concentração de alelos favoráveis nos consecutivos ciclos de seleção recorrente.

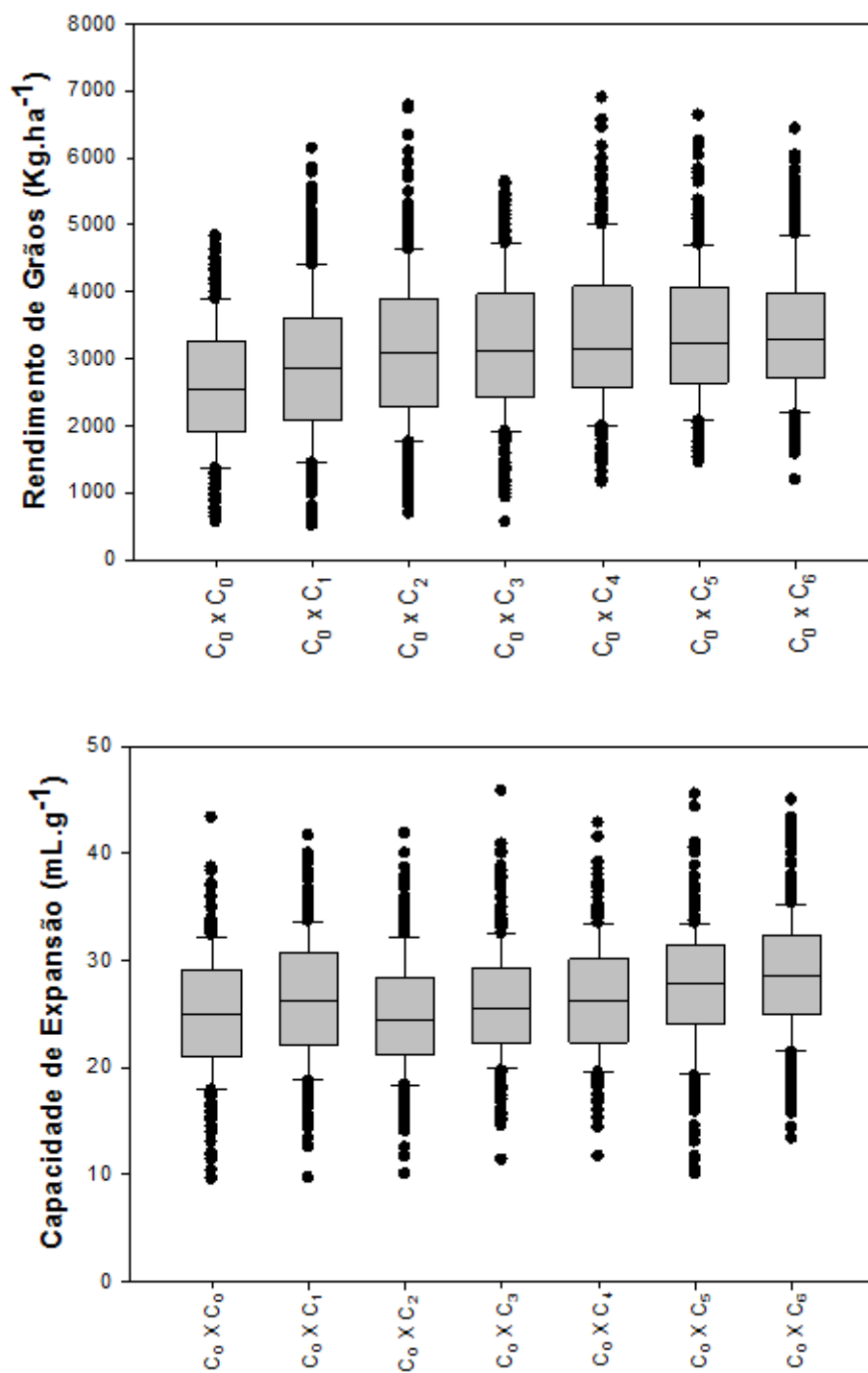


Figura 2 - *Boxplot* para as características rendimento de grãos e capacidade de expansão.

Nesse aspecto, a predominância de efeitos genéticos aditivos para CE (Simon et al., 2004; Rangel et al., 2007) e as elevadas magnitudes de herdabilidade para essa característica (Pereira e Amaral Júnior, 2001), associadas ao avanço das gerações de seleção e recombinação, confirmam a contribuição para a redução da amplitude de variação quanto à capacidade de expansão e ratificam o estabelecimento de um nível de pipocamento adequado à população UENF-14, em virtude do acúmulo de alelos aditivos favoráveis.

Ainda em relação à CE, Figura 2, nota-se que a ampla distribuição dos *outliers* assegura a possibilidade de ganhos futuros para essa característica, pela confirmação de variabilidade genética na população de estudo.

Com base nos dados referentes aos da população avaliada, conclui-se pela expectativa de progresso genético do melhoramento da população UENF-14 de milho-pipoca, traduzida em ganhos nos sucessivos ciclos de seleção recorrente.

4.4. Evolução de ganhos para CE e RG com os ciclos de seleção recorrente

Foram observados anteriormente, por meio dos *boxplots*, a variação e os ganhos percentuais de resposta à seleção em UENF-14. Na Tabela 6, ao analisar os ganhos genéticos em UENF-14, são evidenciados os resultados apresentados pelos *boxplots* (Figura 2),

O ganho genético para uma determinada característica expressa o avanço da geração seguinte em relação à população original, decorrente da seleção efetuada. Sabendo disso, percebe-se que os maiores ganhos para RG foram observados nos primeiros ciclos: ganho de 17,11% no ciclo C_1 e de 10,19% no ciclo C_2 . Resultados semelhantes foram obtidos por Ribeiro (2011), que obteve ganho percentual por ciclo de 37,58% para o ciclo C_1 e de 6,03% para o ciclo C_2 . Nos ciclos posteriores, os ganhos genéticos foram consideráveis para RG, excetuando-se o ciclo C_4 , cujo ganho foi de apenas 0,93%. Os ganhos mais modestos apresentados nos ciclos mais avançados são esperados em uma população sob seleção, haja vista o acúmulo de alelos favoráveis nessas gerações.

Tabela 6 – Estratégias utilizadas e médias de capacidade de expansão (mL.g^{-1}) e rendimento de grãos (Kg.ha^{-1}) obtidas para os ciclos C_0 , C_1 , C_2 , C_3 , C_4 , C_5 e C_6 , na população UENF-14 submetida à seleção recorrente intrapopulacional. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2013/14.

CICLO	ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO	RG (Kg.ha^{-1})	Δg^* (%)	CE (mL.g^{-1})	Δg^* (%)
C_0	Massal	2597,52		25,07	
C_1	Irmãos-completos	2878,03	17,11	26,47	16,78
C_2	S_1	3122,07	10,19	25,00	0,00
C_3	Meios-irmãos	3182,98	6,11	26,02	13,31
C_4	Irmãos-completos	3196,14	0,93	26,39	4,78
C_5	Irmãos-completos	3246,21	4,00	27,44	13,03
C_6	Irmãos-completos	3278,65	2,25	28,62	14,14

CE = capacidade de expansão e RG = rendimento de grãos.

* Ganhos genéticos percentuais por ciclo

Para a característica CE, observa-se ganho genético igual a zero para C_2 . Esse resultado ocorreu devido à magnitude da média de C_1 ter sido demasiadamente elevada, superando, inclusive, a média do ciclo C_4 . Resultado semelhante foi obtido por Daros et al. (2004), que estudaram o progresso genético no primeiro ciclo de seleção recorrente com famílias de irmãos-completos e no segundo ciclo com famílias S_1 , utilizando a população base UENF-14. Os autores afirmaram que, embora ganhos genéticos nos ciclos C_1 e C_2 tenham sido relatados para capacidade de expansão e rendimento de grãos, C_2 mostrou decréscimo na média das famílias selecionadas quando comparadas com o ciclo C_1 . Segundo Vilela et al. (2008), tal redução é provavelmente devida à depressão por endogamia (famílias S_1).

Contudo, nos demais ciclos avaliados, os ganhos foram promissores e elevados, com valores de 13,31%, 4,78%, 13,03% e 14,14% para os ciclos C_3 , C_4 , C_5 e C_6 , respectivamente, reafirmando que a característica CE é forte e intimamente influenciada pela variância aditiva.

Ao comparar a evolução das médias obtidas para CE e RG nos ciclos C_0 , C_1 , C_2 , C_3 , C_4 , C_5 e C_6 , observa-se aumento crescente tanto para CE quanto para RG (Tabela 6). Este aumento progressivo foi também encontrado na consecução do ciclo C_4 (Freitas Júnior et al., 2009a), em que mesmo havendo mudança de estratégia de C_3 com famílias de meios-irmãos para famílias de irmãos-completos

em C_4 , os ganhos para rendimento de grãos e capacidade de expansão continuaram crescentes. Resultados semelhantes foram observados por Santos et al. (2007), ao afirmarem que, com a mudança da estratégia de seleção de famílias endogâmicas, feita por Daros et al. (2002) para seleção entre famílias de meios-irmãos (Santos et al., 2007), os ganhos para capacidade de expansão continuaram satisfatórios, assim como o aumento no rendimento de grãos.

A Figura 3 mostra a reta de regressão da evolução da população UENF-14 de milho-pipoca, em relação ao rendimento de grãos, em sete ciclos de seleção recorrente. Verifica-se, também, que a estimativa de R^2 (0,99) foi elevada, o que implica bom ajuste do modelo de regressão. O ciclo C_0 da população expressou rendimento médio de 2.597,52 kg.ha⁻¹. Já no ciclo C_6 , o rendimento foi de 3.278,65 kg.ha⁻¹, incremento de 26,22% no rendimento médio de grãos em sete ciclos, confirmando que os métodos de melhoramento utilizados foram eficientes na expressão de resposta à seleção. Ainda, na Figura 3, é notório o incremento de produtividade nos três primeiros ciclos, seguidos por um incremento moderado a partir do ciclo C_3 .

A Figura 4 mostra os ganhos sucessivos na população UENF-14 de milho-pipoca em relação à capacidade de expansão (CE). Vê-se que o R^2 foi elevado (0,85), indicando que o modelo da equação para CE também ficou bem ajustado. Nesta mesma Figura 4, observa-se uma evolução nos ciclos de seleção recorrente intrapopulacional, na qual a população base (C_0) deteve capacidade de expansão de 25,07 mL.g⁻¹, que, comparada com o C_6 , leva à constatação de que ele expressou uma CE de 28,62 mL.g⁻¹, ou seja, houve incremento de 14,16% na capacidade de expansão em sete ciclos de seleção recorrente, ratificando a premissa do aumento gradativo na frequência de alelos favoráveis na população-base.

O ciclo C_1 revelou-se atípico, Figura 4, como discutido anteriormente, não correspondendo ao que era esperado. Contudo, os ciclo C_2 , C_3 , C_4 , C_5 e C_6 mostraram um incremento que realmente se esperava em uma população submetida à seleção recorrente, havendo, com o avanço das gerações no decorrer dos anos, acúmulo de alelos favoráveis na população sob seleção, resultando em ganhos consideráveis no ciclo avançado, quando comparado ao ciclo anterior.

Assim, pode-se concluir que, em relação às características de maior valor econômico (RG e CE), resultados alvissareiros têm sido alcançados, haja vista o bom desempenho da população nos sucessivos ciclos de seleção recorrente intrapopulacional. Isto comprova a possibilidade de geração de novas variedades superiores à cultivar UENF-14, lançada no ano de 2012, que está disponível aos produtores do Norte e Noroeste Fluminense.

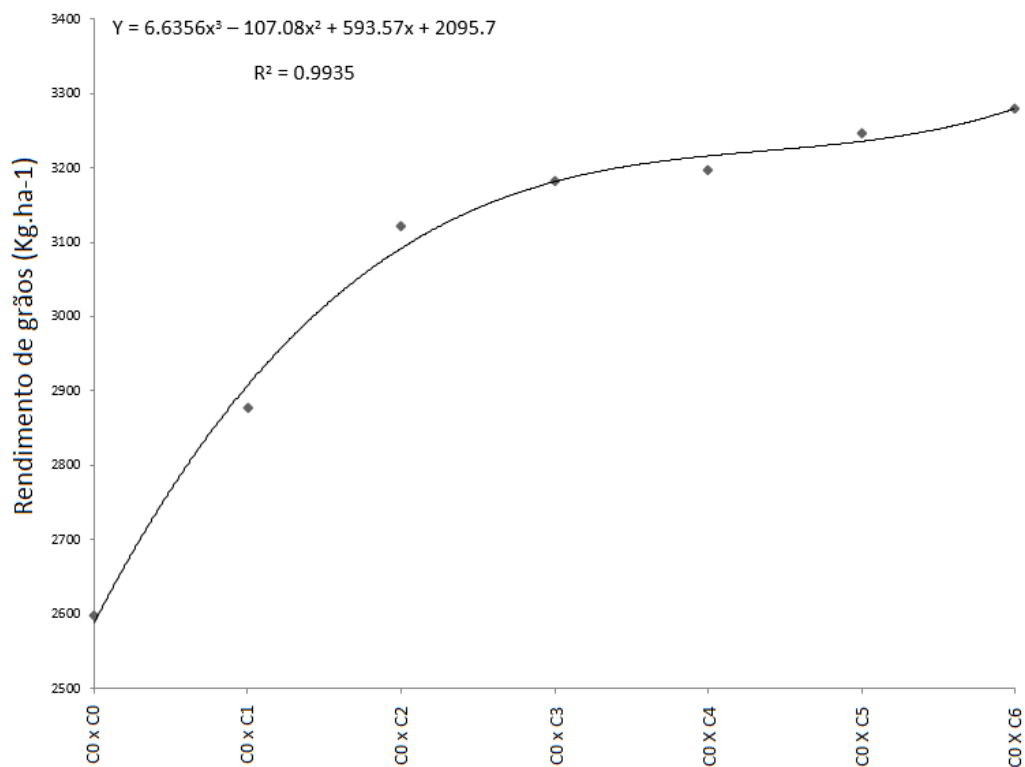


Figura 3 - Evolução das médias obtidas nos ciclos C₀, C₁, C₂, C₃, C₄, C₅ e C₆ para a característica rendimento de grãos (kg.ha⁻¹).

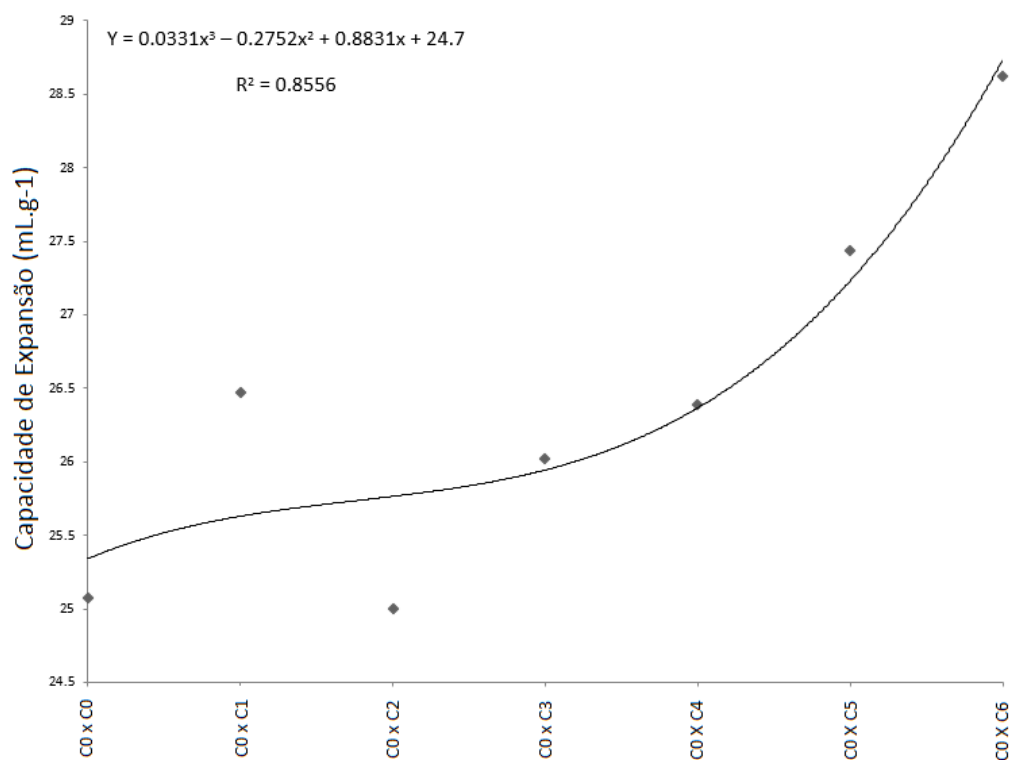


Figura 4 - Evolução das médias obtidas nos ciclos C₀, C₁, C₂, C₃, C₄, C₅ e C₆ para a característica capacidade de expansão (mL.g⁻¹).

5. CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos, conclui-se que os ambientes foram suficientemente distintos para promover diferenças nas características avaliadas, bem como foi confirmada suficiente variabilidade genética na população UENF-14 de milho-pipoca a ser explorada em futuros ciclos de seleção. A manutenção da variância genética aditiva em magnitudes elevadas nos ciclos superiores em UENF-14 fornece uma convincente informação de que a utilização de famílias endogâmicas S_1 no ciclo C_2 , como estratégia de melhoramento, não provocou o estreitamento genético na população em estudo, deixando ainda mais evidente o promissor futuro do programa. Pelos *boxplots*, observou-se ampla distribuição de valores em todos os ciclos, os quais são importantes na confirmação da existência de variação a ser explorada. Pela regressão, conclui-se que os ganhos por ciclo foram crescentes, denotando que o programa de melhoramento em UENF-14 tem alcançado seus objetivos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFIAS

- AGRIANUAL (2010). *Anuário da Agricultura Brasileira*. FNP Consultoria & Comércio; M&S Mendes & Scotini. Editora Argos, 521p.
- AGRIANUAL (2012). *Anuário da Agricultura Brasileira*. FNP Consultoria e Comércio; Mendes e Scotini. Editora Argos, São Paulo.
- Alexander, D. E.; Creech, R.G. Breeding special industrial and nutritional types. In: SPRAGUE, G. F.; FUCCILLO, D. A. (Ed.). *Corn and corn improvement*. Madison: American Society of Agronomy, 1977. p. 363386. (Agronomy, 18).
- Amaral, N.D.O.; Dias, F.T.C.; Cavalcanti, J.J.V.; Bertini, C.H.C.M. (2009) Estimativas de parâmetros genéticos em feijão-caupi de porte ereto R ciclo precoce. In: *Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2009, Guarapari*. Anais: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2009. Páginas: 1 CD-ROM.
- Amaral Júnior, A.T.; Gonçalves, L.S.A.; Freitas Júnior, S.P.; Candido, L.S.; Vitorazzi, C.; Pena, G.F.; Ribeiro, R.M.; Silva, T.R.C.; Pereira, M.; Scapim, C.A.; Viana, A.P.; Carvalho, G.F. (2013) UENF 14: a new popcorn cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology (Online)*, v. 13, p. 218, 2013.
- Amaral Júnior, A.T.; Freitas Júnior, S.P.; Rangel, R.M.; Pena, G.F. ; Ribeiro, R.M.; Morais, R.C.; Schuelter, A.R. (2010) Improvement of a popcorn population

using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. *Genetics and Molecular Research*. 9:340-370.

Andrade, R.A.; Scapim, C.A.; Silvério, L.; Pinto, R.J.B.; Tonet, A (2002). Análise dialélica da capacidade combinatória de variedades de milho-pipoca. *Acta Scientiarum.Agronomy*, 24:1197-1204.

Andrade, R.A. de (1996) Cruzamentos dialélicos entre seis variedades de milho-pipoca. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa, 79p.

Bennetzen, J.L.; Chandler, V.L.; Schnable, P. (2001) National Science Foundation-sponsored workshop report. Maize genome sequencing project. *Plant Physiol*. 127: 1572-1578.

Bered, F.; Carvalho, F.I.F.; Barbosa Neto, J.F. (2000) Variabilidade genética em trigo - Ponto de partida para o melhoramento. *Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento*, Brasília. 14: 22-25.

Bernardo, R. (2008) Molecular markers and selection for complex traits plants : learning from the last 20 years. *Crop Science*, 48:1649-1664.

Braccini Neto, J. Comparação de metodologias de predição de valores genéticos utilizando simulação de dados selecionados. 1999. 73 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1999.

Brunson, A.M. (1937) Popcorn breeding. *Yearbook Agricultural*. 1:395-404.

Cabral, P.D.C.; Amaral Júnior, A.T.; Vieira, H.D.; Santos, J.S. ; Jesus Freitas, I.L.; Pereira, M.G. (2013) Genetic effects on seed quality in diallel crosses of popcorn. *Ciência e Agrotecnologia* (UFLA), v. 37, p. 502-511, 2013.

Carvalho, C., Vencato, A.Z., Kist, B.B., Santos, C., Reets, E.R., Poll, H., Beling, R.R. (2013) Anuário brasileiro do milho 2013. Editora Gazeta Santa Cruz, Santa Cruz do Sul, p.128.

- CEASA-Campinas (2009) *Boletim informativo diário de preços*. Disponível em <http://www.ceasacampinas.com.br/cotacoes/documentos/cotacao.pdf> Acesso em 11 Mar. 2009.
- CEPEA (2009) *Participação do PIB do agronegócio no PIB do Brasil*. Disponível em <http://www.cepea.esalq.usp.br/pib/> Acesso em 11 Mar. 2009.
- 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, Viçosa, MG*, v. 48, n. 278, p. 427-435, 2001.
- Comstock, R.E.; Robinson, H.F. (1948) The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, 4:254-266.
- Cruz, J.C.; Pereira Filho, I.A. (2009). *Cultivares de milho disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2008/2009*. Disponível em <http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>. Acesso em 13 Mar. 2009.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3 st edn. Editora UFV, Viçosa.
- Daros, M.; Amaral Júnior, A.T.; Pereira, M.G. (2002) Genetic gain for grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 2 (3):339-344.
- Daros, M.; Amaral Júnior, A.T.; Pereira, M.G.; Santos, F.S.; Scapim, C.A.; Freitas Júnior, S.P.; Daher, R.F.; Ávila, M.R. (2004a) Correlações entre características agronômicas em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. *Ciência Rural*, 34 (5):1389-1394.
- Daros, M.; Amaral Júnior, A.T.; Pereira, M.G.; Santos, F.S.; Grabieli, A.P.C.; Scapim, C.A.; Freitas Júnior, S.P.; Silvério, L. (2004b) Recurrent selection in inbred popcorn families. *Scientia Agricola*, 61 (6):609-614.
- Engels, J.M.M.; Ebert, A.W.; Thormoann, I.; Vicente M.C. (2006) Centre of crop diversity and/or origin, genetically modified crops and implications for plant genetic resources conservation. *Genetic Resources and Crop Evolutions*, 53:1675-1688.

- Euclides Filho, K. Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância. Campo Grande: Embrapa, 1999. 63 p.
- Fan, X.M.; Zhang, Y.D.; Liu, L.; Chen, H.M.; Yao, W.H.; Kang, M.; Yang, J.Y. (2010) Screening tropical germplasm by temperate inbred testers. *Maydica* 55: 55-63.
- Fehr, W.R. Principles of cultivar development. *New York : MacMillan*, 1987. v.1, 536p.
- Ferreira, R.J. (2008) Descomplicando a variabilidade genética – uma proposta de atividade interativa para o ensino de genética. *Genética na Escola* 03.01, 8-10 <http://www.sbg.org.br>.
- Ferreira, M.E.; Grattapaglia, D. (1998) Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. Brasília: EMBRAPA/CENARGEN, 220p.
- Freitas, I.L.J.; Amaral Júnior, A.T.; Freitas Júnior, S.P.; Cabral, P.D.S.; Ribeiro, R.M.; Gonçalves, L.S.A. (2014) Genetic gains in the UENF-14 popcorn population with recurrent selection. *Genetics and Molecular Research* 13 (1): 518-527 (2014).
- Freitas, I.L.J. (2013) *Ganhos genéticos na população UENF-14 de milho-pipoca sob seleção recorrente*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, UENF, 59p.
- Freitas Júnior, S.P.; Amaral Junior, A.T.; Pereira, M.G.; Cruz, C.D.; Scapim, C.A. (2006) Capacidade combinatória em milho-pipoca por meio de dialelo circulante. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41 (11): 1599-1607.
- Freitas Junior, S.P.; Amaral Junior, A.T.; Rangel, R.M.; Viana, A.P. (2009a) Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9:1-7.
- Fu, Z.; Yan, J.; Zheng, Y.; Warburton, M.L.; Crouch, J.H.; Li, J.S. (2009) Nucleotide diversity and molecular evolution of the PSY1 gene in *Zea mays* compared to some other grass species. *Theoretical and Applied Genetics*, DOI: 10.1007/s00122-009-1188-x.
- Goodman MM (2005). Broadening the U.S amize germplasm base. *Maydica* 50: 203-214.

- Goodman, M.M.; Smith, J.S.C. (1987) Botânica In: Paterniani, E. e Viegas, G.p. eds. *Melhoramento e produção de milho*. Campinas, Fundação Cargil, 1:41-78.
- Gomes, P.G. (2000) *Curso de Estatística Experimental*. 14. ed. Piracicaba: USP/ESALQ, 477p.
- Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias - GCEA/IBGE, Diretoria de Pesquisas, Coordenação de Agropecuária, Levantamento Sistemático da Produção Agrícola, 2013.
- Guadagnin, J.P. (1996) *Milho-pipoca*. Porto Alegre: FEPAGRO, 9, 11p.
- Hallauer, A.R. (1985) Compendium of recurrent selection methods and their application. *Crit Rev Plant Sci* 3:1-33
- Hallauer, A.R.; Miranda Filho, J.B. (1988) Quantitative genetics in maize breeding. Ames: Iowa State University Press, 468p.
- Hallauer, A.R.; Carena, M.J.; Miranda Filho, J.B. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. New York: Springer.
- Hartings H, Berardo N, Mazzinelli GF, Valoti P, Verderio A and Motto M (2008). Assessment of genetic diversity and relationships among maize (*Zea mays* L.) Italian landraces by morphological traits and AFLP profiling. *Theor. Appl. Genet.* 117: 831-842.
- Hazel, L.N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, Austin, 28:476-490.
- Hoseney, R.C.; Zeleznak, K.; Abdelrahman, A. (1983) Mechanism of popcorn popping. *J. Cereal Sci.*, London, v. 1, p. 43-52, 1983.
- Hull, F.H. (1945) Recurrent selection and specific combining ability in corn. *Journal Am. Agron.*, Madison, 37:134-145.
- Kantety, R.V.; Zeng, X.; Bennetzen, J.; Zehr, B.E. (1995). Assessment of genetic diversity in dent and popcorn (*Zea mays* L.) inbred lines using inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification. *Molecular Breeding*, 1:365-373.
- Koo, D.; Jiang, J. (2008) Extraordinary tertiary constrictions of *Tripsacum dactyloides* chromosomes: implications for karyotype evolution of polyploids driven by segmental chromosome losses. *Genetics*, 179:1119-1123.

- Krug, C.A.; Conagin, A.; Junqueira, A.A.B. Cultura e adubação do milho. São Paulo, SP: Ed. Instituto de Potassa. 1996. p. 96 - 8.
- Linares, E. (1987) *Seleção recorrente recíproca em famílias de meios-irmãos em milho-pipoca (Zea mays L.)*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Piracicaba - SP, ESALQ, 78p.
- Lira, M.A. (1983) *Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para produção e capacidade de expansão e correlações entre alguns caracteres em milho-pipoca (Zea mays L.)*. Tese (Mestrado em Fitotecnia) - Lavras - MG, UFLA, 62p.
- MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Capturado em 10 jan. 2012. Online. Disponível na Internet: <http://www.agricultura.gov.br/>.
- Matta, F.P.; Viana, J.M.S. (2001) Teste de capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho-pipoca. *Science Agricola*,58(4):845-851.
- Mikel MA and Dudley JW (2006). Evolution of North American dent corn from public to proprietary germplasm. *Crop Sci.* 46: 1193-1205.
- Miranda, G.V.; Coimbra, R.R.; Godoy, C.L.; Souza, L.V.; Guimarães, L.J.M.; Melo, A.V. (2003) Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v. 38, n. 6, p. 681-688, jun. 2003.
- Miranda, G.V.; Souza, L.V.; Galvão, J.C.C.; Guimarães, L.J.M.; Melo, A.V.; Santos, I.C. (2008) Genetic variability and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. *Euphytica*, 159:123-132.
- Mulamba, N.N.; Mock, J.J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays L.*) population by breeding for plant traits. *Egypt J. Gen. Cytol.* Alexandria, 7:40–51.
- Nobre, R.G.; Filho, J.L.; Praça, E.F.; Dias, N.S.; Neto, M.F. (2000) Avaliação da qualidade de diferentes marcas comerciais de milho-pipoca. *Rev. bras. eng. agríc. a mbient.* vol.4 no.1 Campina Grande Jan./Apr. 2000.
- Oliveira, J. M. Vaz. (1984) O milho. LISBOA: Clássica, 214p.

- Oliveira, E.C.; Amaral Júnior, A.T.; Gonçalves, L.S.A.; Pena, G.F.; Freitas Júnior, S.P.; Ribeiro, R.M. ; Pereira, M.G. (2010) Optimizing the efficiency of the touchdown technique in ISSR markers in corn (*Zea mays L.*). *Genetics and Molecular Research*, 9:835-842,
- Oliveira, V.P.S. (1996) *Avaliação do sistema de irrigação por sulco da Fazenda do Alto em Campos dos Goytacazes - RJ*. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, UENF, 94p.
- Ometto, J.C. (1981) *Bioclimatologia tropical*. São Paulo: Agronômica Ceres, p.390-398.
- Pacheco, C.A.P.; Gama, E.P.; Guimarães, P.E.O.; Santos, M.X.; Ferreira, A.S. (1998) Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 33 (12):1995-2001.
- Pacheco, C.A.P.; Gama, E.E.G.; Parentoni, S.N.; Santos, M.S.; Lopes, M.A.; Ferreira, A.S.; Fernandes, F.T.; Guimarães, P.E.O.; Correa, L.A.; Meirelles, W.F.; Feldman, R.O.; Magnavaca, R. (2000) *BRS ANGELA: Variedade de milho-pipoca*. Comunicado Técnico, EMBRAPA/CNPMS, p.1-6.
- Paes, M.C.D. (2006) Circular Técnica 75: Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. *Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas, MG*.
- Paterniani, E. (1980) *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. Fundação Cargil. v. único, 650p.
- Pereira Filho, I.A.; Cruz, J.C.; Pacheco, C.A.P.; Costa, R.V. (2011) Milho-pipoca. *Ageitec – Agência Embrapa de Informação e Tecnologia*. <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONT000fy9zxynl02wx5ok0pvo4k359f3bo9.html>> acesso em 08 de janeiro de 2015.
- Pereira, M.G.; Amaral Júnior, A.T. (2001) Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1 (1):3-10.
- Pereira, M.B.; Vencovsky, R. (1988) Limites da seleção recorrente. *Pesq. agropec. Bras.*, Brasília, 23(7):769-780, julho 1988.

- Pinto, R.J.B. (2009) *Introdução ao melhoramento genético de plantas*. 2. Ed. Maringá: Editora Eduem, p. 351.
- Pinto, R.M.; Neto, F.P.L.; Souza Júnior, C.L. (2000) Estimativa do número apropriado de progênies S1 para a seleção recorrente em milho. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, jan. 2000
- Rangel, R.M.; Amaral Junior, A.T.; Viana, A. P.; Freitas Junior, S.P.; Pereira, M.G. (2007) Prediction of popcorn hybrid and composite means. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 7:288-296.
- Rangel, R.M.; Amaral Junior, A.T.; Scapim, C.A.; Freitas Junior, S.P.; Pereira, M.G. (2008) Genetic parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. *Genetics and Molecular Research*, 7 (4):1020-1030.
- Rangel, R.M., Amaral Jr., A.T., Gonçalves, L.S.A., Freitas Jr., S.P., Candido, L.S. (2011) Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Revista Ciência Agronômica*, 42:473-481.
- Reif, J.C.; Melchinger, A.E.; Xia, X.C.; Warburton, M.L.; Hoisington, D.A.; Vasal, S.K.; Beck, D.; Bohn, M.; Frisch, M. (2003) Use of SSRs for establishing heterotic groups in subtropical maize. *Theoretical and Applied Genetics*, 107:947-957.
- Reis, R.L.; Muniz, J.A.; Silva, F.F.; Aquino L.H. (2009) Estimativas de variância genética aditiva em populações selecionadas e não selecionadas via simulação Monte Carlo, utilizando o software R. *Ciência e Agrotecnologia*, vol. 33 n. 1.
- Ribeiro, R.M., Amaral Jr., A.T., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Silva, T.R., Pena, G.F. (2012) Genetic progress in the UNB-2U population of popcorn under recurrent selection in Rio de Janeiro. *Genetics and Molecular Research*, 11:1417-1423.
- Ribeiro, R.M., (2011) *Ganhos genéticos em geração avançada de seleção recorrente na variedade de milho-pipoca UENFV-EXPLOSIVA*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes - RJ, UENF, 76p.
- Ridley, M., 2006. *Evolução*. 3.ed. Porto Alegre, Artmed, p. 401-403.

- Romay, M.C.; Ordás, B.; Revilla, P.; Ordás, A. (2011). Three cycles of full-sib reciprocal recurrent selection in two Spanish maize populations. *Crop Sci.* 51: 1016-1022.
- Santos, F.S; Amaral Júnior, A.T.; Freitas Júnior, S.P.; Rangel, R.M.; Pereira, M.G. (2007) Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. *Bragantia*, 66 (3):389-396.
- Sarcevic, H.; Pejic, I.; Baric, M.; Kozumplik, V. (2007) Originality of M3S maize population and changes in allele frequencies revealed by SSR markers after two cycles of selfed progeny recurrent selection. *Euphytica*, 161:97-105.
- SAS (1985) SAS user's guide: statistics. NC Cary, New York, 958p.
- Sawazaki, E.; Morais, J.F.; Lago, A. A. (1986b) Influência do tamanho e da umidade do grão na expansão da pipoca South American Mushroom. *Bragantia*, 45 (2):363-370.
- Sawazaki, E. (1995) *Melhoramento do milho-pipoca*. Instituto Agrônomo, Campinas, 21p.
- Sawazaki, E.; Paterniani, M. E. A.G.Z.; Castro, J. L.de; Gallo, P.B.; Galvão, J.C.C.; Saes, L.A. (2000) Potencial de linhagens de populações locais de milho-pipoca para síntese de híbridos. *Bragantia*, 59 (2):143-151.
- Sawazaki, E. (2001) A cultura do milho-pipoca no Brasil. *O Agrônomo*, Campinas, 53 (2):11-13.
- Scapim, C.A.; Pacheco, C.A.P.; Tonet, A.; Braccini, A.L.; Pinto, R.J.B. (2002) Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. *Bragantia*, Campinas, 61 (3): 219-230.
- Shapiro, S. S.; Wilk, M. B. (1965). An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika* 52:591-611.
- SigmaPlot, 2006. SigmaPlot for Windows. Ver. 10. Systat Software, Point Richmond, CA.
- Silva, P. R. P. O açúcar no norte fluminense. *Histórica* (São Paulo. Online), São Paulo, v. 08, 2006
- Silva, V.Q.R; Amaral Júnior, A.T.; Scapim, C.A.; Freitas Júnior, S.P.; Gonçalves, L.S.A. (2010) Inheritance for Economically Important Traits in Popcorn from

- Distinct Heterotic Groups by Hayman's Diallel. *Cereal Research Communications*, 38:273-285.
- Silva, W.J. da; Vidal, B.C.; Martins, M.E.Q.; Vargas, H.; Pereira, A.C.; Zerbeto, M.; Miranda, L.C.M. (1993) What makes popcorn pop. *Nature*, 362:417.
- Simon, G.A.; Scapim, C.A.; Pacheco, C.A.P.; Pinto, R.J.B.; Braccini, A.L.; Tonet, A. (2004) Depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. *Bragantia*, Campinas, 63 (1):55-62.
- Smith, H.F. (1936) A discriminant function for planta selection. *Ann. Eugen.* 7: 240-250.
- Smith, J.S.C.; Duvick, D.N.; Smith, O.S.; Cooper, M.; Feng, L. (2004). Changer in pedigree backgrounds of Pioneer brand maize hybrids widely grown from 1930 to 1999. *Crop Sci.* 44: 1935-1946.
- Solomon, K.F.; Martin, I.; Zeppa, A. (2010) Temporal genetic structure patterns in tropical maize populations under reciprocal recurrent selection, *Euphytica*. 176:239-249.
- Souza, P. M.; Ponciano, N. J.; Mata, H. T. C.; Brito, M. N.; Golinski, J. (2009) Padrão de desenvolvimento tecnológico dos municípios das Regiões Norte e Noroeste do Rio de Janeiro. *Revista de Economia e Sociologia Rural*, 47 (4): 945-969.
- Souza Júnior., C.L., Barrios, S.C.L.; Moro, G.V. (2010) Performance of maize single-crosses developed from populations improved by a modified reciprocal recurrent selection. *Sci. Agric.* 67: 198-205.
- Sorensen, D. A.; Kennedy, B. W. Estimation of genetics variances from unselected and selected populations. *Journal Animal Science, Champaign*, v. 59, n. 5, p. 1 213-1223, 1984.
- Takahashi, C.; Marshall, J.A.; Bennet, M.D.; Leitch I.J. (1999) Genomic relationships between maize and its wild relatives. *Genome*, 42:1201-1207.
- Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992) Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: SBG. 198p.
- Vencovsky, R. (1978) Herança Quantitativa. In: Paterniani, E. (Ed.) *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba: Editora USP, p. 122-201.

- Vendruscolo, E.C.G.; Scapim, C.A.; Pacheco, C.A.P.; Oliveira, V.R.; Braccini, A. de L.; Gonçalves-Vidigal, M.C. (2001) Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho-pipoca na região centro-sul do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 36 (1):123-130.
- Viana, J.M.S. (2007) Breeding strategies for recurrent selection of maize. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 42 (10):1383-1391.
- Vilela, F.O.; Amaral Junior, A.T.; Pereira, M.G.; Scapim, C.A.; Viana, A.P.; Freitas Junior, S.P.F. (2008) Effect of recurrent selection on the genetic variability of the UNB-2U popcorn population using RAPD markers. *Acta Scientiarum.Agronomy*, 30:25-30.
- Willier, J.G.; Brunson, A.M. (1927). Factores affecting the popping quality of pop corn. *J. Agric. Res.*, 35:615-24.
- White, S.E.; Doebley, J.F. (1999) The molecular evolution of terminal ear1, a regulatory gene in the genus *Zea*. *Genetics*, 153:1455-1462
- Werf, J. H. J. van der; Boer, I. J. M. Estimation of additive genetic variance when base populations are selected. *Journal Animal Science*, Champaign, v. 68, n. 10, p. 3124-3132, 1990.
- Zanette, V. A. Análise da variabilidade genética em populações de milho-pipoca (*Zea mays L.*): heterose da capacidade de expansão do grão. *Agronomia Sulriograndense*, Porto Alegre, v. 25, n. 2, p. 173-181, 1989.
- Ziegler, K.E.; Ashman, B. (1994) Popcorn. In: Hallauer, A. ed. *Specialty corns*. Iowa: CRC Press, 7:189-223.
- Zinsly, J.R.; Machado, J.A. (1987) Milho-pipoca. In: Paterniani, E.; Viegas, G.P. eds. *Melhoramento e produção do milho*. Campinas, Fundação Cargill, p. 413 - 421.