

**SELEÇÃO RECORRENTE ENTRE FAMÍLIAS DE IRMÃOS
COMPLETOS EM GERAÇÃO AVANÇADA DA POPULAÇÃO UNB-2U
DE MILHO PIPOCA**

SILVÉRIO DE PAIVA FREITAS JÚNIOR

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF
CAMPOS DOS GOYTACAZES - R J
AGOSTO – 2008**

**SELEÇÃO RECORRENTE ENTRE FAMÍLIAS DE IRMÃOS
COMPLETOS EM GERAÇÃO AVANÇADA DA POPULAÇÃO UNB-2U
DE MILHO PIPOCA**

SILVÉRIO DE PAIVA FREITAS JÚNIOR

“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. Antônio Teixeira do Amaral Júnior

CAMPOS DOS GOYTACAZES - R J
AGOSTO – 2008

SELEÇÃO RECORRENTE ENTRE FAMÍLIAS DE IRMÃOS
COMPLETOS EM GERAÇÃO AVANÇADA DA POPULAÇÃO UNB-2U
DE MILHO PIPOCA

SILVÉRIO DE PAIVA FREITAS JÚNIOR

“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 15 de agosto de 2008

Comissão Examinadora:

Prof. Luiz Alexandre Peternelli (Ph.D. em Estatística) – UFV

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc. em Produção Vegetal) – UENF

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D. em Melhoramento de Plantas) – UENF

Prof. Telma Nair Santana Pereira (Ph.D. em Melhoramento de Plantas) – UENF

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

Orientador

A minha esposa Marcela e minha filha Gabriela;
Ao meu pai Silvério e minha mãe Inês;
Aos meus irmãos, Silvio, Silvia e Ismael.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A DEUS, por ter me acompanhado durante toda a minha caminhada;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), por tornar possível a concretização de um sonho;

A Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo a Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), pelo suporte financeiro;

Ao Professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior, meu orientador e amigo, pelos ensinamentos, pelo incentivo, pela amizade e pela confiança que me passou durante tantos anos;

Aos Professores Messias Gonzaga Pereira, Alexandre Pio Viana e Luiz Alexandre Peternelli pela atenção e sugestões que foram sempre brilhantes e esclarecedoras;

Ao Técnico Agrícola Geraldo de Carvalho, ao Engenheiro Agrônomo Paulo Rogério (Itaocara) e aos trabalhadores de campo, pela colaboração na obtenção das famílias de irmãos completos e na implementação dos ensaios de competição;

A Professora Telma Nair Santana, pelas valiosas sugestões;

À dona Sãozinha, minha sogra, pelo incentivo;

Aos meus avós, tios e primos, por tantos anos de convivência feliz;

Ao Meu avô José Lourenço de Freitas Filho, que sempre foi exemplo de vida;

Aos colegas de Laboratório, Ramon Macedo, Paulinha, Gustavo, Francisco Bezerra, Felipe Gordo, Keila, Marcelo Coró, Thiago UFMG, Roberto, Max Campos e Vanessa Quitete, pela cumplicidade e amizade;

Aos colegas de Curso Sílvia, Francisco Zaia, Filipe Boca, Leandro Hespanhol, Sávio, Balbinot, Eldo e Dimmy pela amizade;

Aos bolsistas Cássio, Tiago e Adelaine pela indispensável ajuda; e

A todos que, em menor ou maior intensidade, contribuíram para a realização desse trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO.....	vii
ABSTRACT.....	ix
1. INTRODUÇÃO.....	01
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	05
2.1. Aspectos etnobotânicos do milho pipoca	05
2.2. Variabilidade Genética em milho pipoca	07
2.3. Relevância econômica do milho pipoca	07
2.4. O Melhoramento do milho pipoca	09
2.5. Seleção recorrente em milho	12
2.6. Melhoramento da população UNB-2U	16
2.7. Parâmetros genéticos.....	18
2.8 Índices de seleção	20
2.9. Interações genótipos x ambientes	23
3. MATERIAL E MÉTODOS	26
3.1. Obtenção das famílias de irmãos completos e tratos culturais	26
3.2. Características dos locais de instalação dos experimentos	27
3.3. Avaliação e seleção entre progênies em ensaio de competição	28
3.4. Análise estatística	30
3.4.1. Estimadores de parâmetros genéticos e fenotípicos.....	31

3.4.1.1. Estimadores das Variâncias Fenotípica (σ_f^2), Genotípica (σ_g^2), residual (σ_r^2), da Herdabilidade (h^2), do Coeficiente de Variação Genético (CV_g) e da Razão CV_g/CV_e	31
3.4.1.2. Estimadores das correlações entre pares de características	32
3.4.2. Decomposição da interação em parte complexa	33
3.4.3. Estimativa dos ganhos por meio de índices de seleção	33
3.4.3.1. Índice de Smith (1936) e Hazel (1943)	34
3.4.3.2. Índice clássico de Mulamba e Mock (1978).....	36
3.3.4.4.3. Índice de Pesek e Baker (1969)	36
3.3.4.4.4. Índice de Williams (1962)	37
3.5. Recombinação das progênie selecionadas	38
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	39
4.1 Análise de variância	39
4.2. Estimativas das interações complexas	45
4.3. Estimativas das médias do limite inferior e limite superior	47
4.4. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos.....	49
4.5. Avaliação da evolução dos ciclos	52
4.6. Estimativas de correlações	56
4.7. Índices de seleção	60
5. RESUMO E CONCLUSÕES	70
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	72
7. APÊNDICES	86
APÊNDICE A.....	87
APÊNDICE B	92

RESUMO

FREITAS JÚNIOR, Silvério de Paiva; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; agosto de 2008; Seleção recorrente entre famílias de irmãos completos em geração avançada da população UNB-2U de milho pipoca. Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior. Conselheiros: Prof. Messias Gonzaga Pereira e Prof. Alexandre Pio Viana

Objetivou-se conduzir e estimar o ganho genético no quarto ciclo de seleção recorrente com famílias de irmãos completos de milho pipoca. Duzentas famílias foram avaliadas quanto a 14 características agronômicas, incluindo rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), em delineamento em blocos ao acaso com duas repetições dentro de “sets” em dois ambientes distintos: Campos dos Goytacazes e Itaocara, no Estado do Rio de Janeiro. Houve diferenças significativas para famílias/“sets” para todas as características, indicando a presença de variabilidade genética a ser explorada nos futuros ciclos. A interação foi significativa para famílias x ambientes / “sets”, em relação a RG e CE, mas do tipo simples, favorecendo a condução de um único programa de melhoramento para ambos os locais. Foram definidos, em todos os procedimentos analíticos, o número de trinta famílias de irmãos completos para a continuidade do programa. Os índices de seleção empregados para prever os ganhos foram os de Mulamba e Mock (1978), Pesek e Baker (1969), Smith (1936) e Hazel (1943) e Williams (1962). O índice de seleção Mulamba e Mock (1978) permitiu a predição de ganhos negativos para número de espigas doentes e atacadas por pragas, número de plantas quebradas e acamadas e espigas mal

empalhadas. Já para capacidade de expansão e rendimento dos grãos, proporcionou ganhos superiores aos demais índices, com valores respectivos de 10,55% e 8,50%, na utilização de pesos arbitrários atribuídos por tentativas, permitindo, assim, a seleção das 30 melhores famílias para a continuidade do programa.

ABSTRACT

FREITAS JÚNIOR, Silvério de Paiva; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; August, 2008. Recurrent selection among full-sib families in advanced generation from UNB-2U popcorn population. Adviser: Antônio Teixeira do Amaral Júnior; Committee members: Messias Gonzaga Pereira and Alexandre Pio Viana.

The objectives of this work were to conduct and to estimate the genetic gains in the fourth cycle of recurrent selection in popcorn full-sib families. Two hundred families were evaluated regarding to 14 agronomic traits, including grain yield (GY) and popping expansion (PE). They were evaluated in a randomized complete block design with two replications within sets, in two different locations of Rio de Janeiro State: Campos dos Goytacazes and Itaocara. There were significant differences to family within the set (F/S) in all characteristics, indicating the presence of genetic variability that can be explored in future recurrent selection cycles. Although the family by environment interaction within the set (FE/S) had been significant to both GY and PE, it was a simple interaction, which allows the conduction of one single breeding program to both locations. In all analytic procedures, it was defined that 30 full sib families are needed to maintain the continuity of the breeding program. The selection indices of Mulamba and Mock (1978), Pesek and Baker (1969), Smith (1936) and Hazel (1943) and Williams (1962) were used to predict genetic gains. The selection index of Mulamba and Mock (1978) allowed the prediction of negative gains for number of sick ears and ears attacked by insects, number of broken and lodged plants, and poorly hulled

ears. On the other hand, this index generated greater gains than the others, with values of 10.55% and 8.50% for PE and GY respectively, when arbitrary shots were used, allowing the selection of the best 30 families to maintain the continuity of the breeding program.

1. INTRODUÇÃO

O milho pipoca é uma cultura de alto valor econômico, e, atualmente, com o aprimoramento e a popularização de máquinas elétricas e fornos de microondas para o pipocamento, houve aumentos crescentes na produção e consumo. Apesar de altamente apreciado no Brasil e possuir elevado valor comercial, carece de maior intensidade de lançamentos de variedades e híbridos superiores.

Nos Estados Unidos da América o comércio da cultura movimentava cerca de meio bilhão de dólares, anualmente. O valor de mercado deste tipo de grão é bem superior ao do milho comum (Programa Milho UFV, 2008). Nesse aspecto, segundo dados da CEAGESP, em julho de 2008, a saca de 30 kg de milho pipoca era comercializada a um preço médio de R\$ 43,00 e a saca de milho pipoca importado (22,6 kg) a R\$ 42,57. Comparativamente, a saca de milho comum (60 kg) era comercializada a R\$ 28,00.

A despeito da popularidade da pipoca no Brasil, os caminhos dos grãos até as prateleiras dos supermercados não são bem conhecidos, como também são poucas as informações sobre o cultivo e a comercialização. É consabida a dificuldade de se obter sementes de boa qualidade em cultivares que reúnam boas características agronômicas associadas às qualidades organolépticas. Assim, a recomendação de novas cultivares no mercado contribuirá para a mudança do *status* da cultura, como atestam os resultados alcançados por algumas empresas que têm investido na comercialização de grãos importados de

países de clima temperado (Sawazaki et al., 2003; Freitas Júnior et al., 2006; Scapim et al., 2006; Miranda et al., 2007; Rangel et al., 2007).

No passado recente, a cultura do milho pipoca era considerada modesta e, para atender ao consumo nacional, era necessária a importação de grãos, sobretudo dos Estados Unidos da América e da Argentina (Galvão et al., 2000). Entretanto, mudanças no mercado foram ocorrendo. De acordo com empresas empacotadoras de milho pipoca, com o uso em larga escala de híbridos nacionais e norte-americanos, a importação de grãos teve uma grande redução.

No entanto, o acesso às cultivares e às tecnologias de produção tem sido limitado pelo domínio das grandes empresas que são detentoras das cultivares e que comercializam os grãos. De acordo com empresas empacotadoras, estimou-se que entre 1995 a 2000, o consumo nacional de milho pipoca estava em torno de 80 mil toneladas, sendo que 75% desse mercado correspondiam a milho pipoca importado, principalmente da Argentina. Segundo estimativas do Grupo Megaagro (2004), esse valor foi invertido e, na safra de 2003, apenas 30% do milho consumido foi importado.

É certo que houve grande progresso em diversas áreas do conhecimento para a cultura do milho pipoca. Todavia, no Brasil, ainda há necessidade de intensos estudos sobre a mesma, principalmente relacionado ao melhoramento. Nesse aspecto, considerando que a maioria das cultivares utilizadas para plantio é de origem norte-americana, há necessidade ainda de estudos de adaptabilidade e estabilidade. Além disso, há poucas cultivares disponíveis, principalmente para o pequeno produtor (Rinaldi et al., 2007; Santos et al., 2007).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro vem desenvolvendo um programa de melhoramento com milho pipoca, visando ao lançamento de variedade com características desejáveis e adaptadas às regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro.

O programa iniciou-se com a variedade de polinização aberta, UNB-2U, originada de UNB-2, após dois ciclos de seleção massal em Campos dos Goytacazes. A população UNB-2 originou-se de seleção em um 'Composto indígena', que a ESALQ/USP doou a UNB de Brasília. Com isso, gerou-se a população UNB-1, que foi cruzada com a variedade de milho pipoca Americana, cujas progênies selecionadas foram cruzadas com uma variedade de grãos amarelos e resistentes a helmintosporiose. Após dois ciclos de seleção massal,

foi obtida uma população formada por plantas resistentes e grãos amarelos. Tal população foi retrocruzada três vezes com a variedade Americana, originando a população UNB-2U.

O programa de melhoramento teve impulso quando Pereira e Amaral Júnior (2001) avaliaram o potencial da população UNB-2U e verificaram qual seria a estratégia de melhoramento mais eficiente para obtenção de variedade melhorada.

Considerando o potencial seletivo de UNB-2U, constatado por Pereira e Amaral Júnior (2001), Daros et al. (2002) trabalharam no primeiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional com famílias de irmãos completos e no segundo ciclo com progênies S_1 (Daros et al., 2004 a) e revelaram a possibilidade de progressos genéticos para as características capacidade de expansão e para rendimento de grãos, com valores percentuais no primeiro ciclo de 10,39% e 4,69%, respectivamente. Já no segundo ciclo os ganhos percentuais estimados foram de 26,95% para RG e 17,8% para CE.

Na continuidade do procedimento, Santos et al. (2007) obtiveram ganhos previstos percentuais de 7,16% e 10,00%, respectivamente, para capacidade de expansão e rendimento de grãos na consecução do terceiro ciclo de seleção recorrente.

Em decorrência, nota-se que existem perspectivas de que a população UNB-2U gere uma nova variedade de milho pipoca com potencial para uso em plantios comerciais nas regiões Norte e Noroeste Fluminense.

No presente trabalho, objetivou-se dar prosseguimento ao Programa de Melhoramento de Milho pipoca da UENF, pela aplicação da seleção recorrente em famílias de irmãos completos de populações derivadas do terceiro ciclo de seleção (C3) de UNB-2U, com intento de:

- a) estimar o ganho genético esperado, principalmente para rendimento de grãos e capacidade de expansão com a seleção de famílias de irmãos completos de populações derivadas do terceiro ciclo de seleção (C3) de UNB-2U, utilizando-se índices de seleção;
- b) estimar os parâmetros genéticos para rendimento de grãos, capacidade de expansão e demais características agrônômicas auxiliares na população em segregação;

- c) realizar a recombinação das 30 progênies superiores de irmãos completos para conclusão do quarto ciclo (C4) de seleção recorrente da população UNB-2U; e
- d) realizar testes comparativos entre as médias obtidas dos ciclos C0, C1, C2, C3 e a prevista do C4.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Aspectos Etnobotânicos do Milho Pipoca

O milho pipoca pertence à espécie *Zea mays* L. ($2n=20$), à família Poaceae, sub-família Panicoideae, tribo Maydeae. Quando comparado ao milho comum, apresenta, em geral, grãos menores, maior prolificidade, menor vigor e maior suscetibilidade a doenças. Assim como os demais tipos de milho, é uma planta herbácea, anual e monóica (Larish e Brewbaker, 1999; Linares, 1987).

Em relação ao milho comum, o milho pipoca apresenta porte menor, colmo mais fino e fraco, menor número de folhas, várias espigas por planta e maior tamanho do pendão (Ziegler e Ashman, 1994). O sistema radicular do milho pipoca é fasciculado e superficial, o que lhe confere pouca tolerância à seca; possui grãos pequenos e duros, que têm a capacidade de estourar quando aquecidos, diferenciado-se, deste modo, do milho comum (Zinsly e Machado, 1987; Sawazaki, 2001). A característica de pipocamento constitui a diferença básica entre o milho pipoca e os demais tipos.

O milho pipoca é considerado do tipo “flint” (Kantety et al., 1995), com sementes pequenas (Goodman e Smith, 1987), possuindo o pericarpo mais espesso de todos os tipos de milho (Ziegler e Ashman, 1994). Brewbaker et al. (1996) mediram a espessura do pericarpo de 181 raças de milho comum, que representam 80% das raças americanas indígenas. Poucas apresentaram pericarpos tão espessos quanto os modernos tipos de milhos pipoca. Os autores

concluíram que as atuais espessuras existentes nos milhos pipoca são conseqüências do melhoramento ou podem ser uma resposta adaptativa aos ataques de fungos. O peso e o conteúdo em óleo dos grãos de híbridos entre milhos comuns e pipoca foram avaliados por Ratkovic e Dumanovic (1991) constatando que o milho pipoca foi o mais leve dentre os genótipos avaliados e com menor teor de óleo por grão.

O grão do milho pipoca varia quanto ao tamanho (de 0,5 a 1,0 cm), o formato (redondo, chato, pontiagudo) e a coloração (rosa, creme, vermelha, roxa, preta e azul), sendo as cores branca e amarela as mais comuns (Zinsly e Machado, 1987). Os tipos de maior aceitação comercial são os de grãos redondos, tipo pérola, e com endosperma alaranjado (Ziegler e Ashman, 1994). Para consumo doméstico os grãos geralmente são pequenos (76 a 105 grãos em 10 g) e amarelos, e a pipoca é do tipo borboleta, que é a mais macia.

O milho pipoca apresenta crescimento, desenvolvimento e produção diferenciados nas diversas condições de ambiente. Porém, devido à falta de informações experimentais sobre práticas culturais para o milho pipoca, as especificações são as usadas para o milho comum, quanto ao tipo de solo, época de plantio, tratamentos culturais e adubação.

No Brasil, há evidências de que a temperatura e a precipitação são os fatores que tem maior influência na sua produtividade. O milho pipoca não deve ser plantado em locais e em épocas em que a temperatura mínima seja inferior a 10 °C e a máxima não ultrapasse 40 °C. A temperatura ideal está em torno de 30 °C e, por ser uma cultura bastante exigente em água, é necessária uma precipitação total em torno de 600 mm, distribuída em períodos em que o teor de água disponível no solo para a planta seja inferior a 40%, para que não ocorra decréscimo na produção da cultura (Sawazaki et al., 2003).

De modo geral, dependendo das condições meteorológicas, a melhor época para o plantio do milho pipoca é de setembro a novembro. O ciclo da cultura é de 120 dias, porém as espigas podem ser colhidas entre 110 a 130 dias, quando os grãos apresentam-se com teor de umidade de, aproximadamente, 15% b.u.

2.2. Variabilidade Genética em Milho Pipoca

O milho pipoca derivou-se de seleções em germoplasma de milho comum do tipo “flint”, sendo que incorporações de genes do tipo “dent” provoca a perda da capacidade de expansão no milho pipoca, donde se pôde inferir que a base genética em germoplasma de milho pipoca é reduzida (Kantety et al., 1995). Na avaliação da variabilidade genética entre 90 linhas endogâmicas de milho pipoca – provenientes dos grupos heteróticos “South American”, “Supergold” e “Amber Pearl” – e oito de milho comum do tipo “dent”, por marcadores ISSR, Kantety et al. (1995) constataram a formação de diferentes grupos entre os tipos pipoca e “dent” e que as linhagens de milho pipoca, apesar de advirem de grupos distintos, revelaram forte proximidade genética.

Contudo, Miranda et al. (2003), estudando nove cultivares de milho pipoca, encontraram expressiva diversidade genética, sendo formados três a quatro grupos divergentes, dependendo do método de agrupamento utilizado. Conclui-se, portanto, que existe material no país para o desenvolvimento de programas de melhoramento, visto que é altamente recomendável utilizar germoplasma distintos, a fim de aumentar o valor das características de interesse comercial.

Em milho pipoca, atenção adicional é requerida na formação de híbridos de linhagens, vez que interessa não apenas a produção, mas também a capacidade de expansão. Enquanto a produção é dependente, sobretudo, dos efeitos de dominância; a capacidade de expansão – principal característica de qualidade dos grãos – é influenciada quase que exclusivamente por efeitos aditivos (Lyerly, 1942; Pereira e Amaral Júnior, 2001; Scapim et al., 2002; Simon et al., 2004).

2.3. Relevância Econômica do Milho Pipoca

O Brasil, como grande produtor de grãos, é também um destacado produtor de milho. Porém, quando se trata do tipo pipoca, o país ainda deixa a desejar. Espera-se que a divulgação dos resultados do Censo Agropecuário de 2006, pelo IBGE, possa contribuir com informações mais clarificadas. De qualquer forma, na década de 90, com um consumo estimado em 80 mil toneladas, o Brasil importava 75% dessa demanda (Galvão et al., 2000). Em 2003, com consumo estimado em 65 a 70 mil toneladas, as importações corresponderam a apenas

30% (Grupo Megaagro, 2004). Em relação a 2004/2005, uma nova redução na importação de grãos em cerca de 20 mil toneladas foi prevista, grande parte em função do uso em larga escala do híbrido simples modificado IAC-112 (Santos et al., 2007).

Nos últimos anos, a importação vem sendo também substituída pela produção nacional obtida com sementes importadas de híbridos norte americanos. Lamentavelmente, essa redução na importação é decorrente, em larga medida, do cultivo de híbridos norte-americanos, aqui registrados, e utilizados por empresas empacotadoras, como a Yoki Alimentos S.A., que estabelece acesso restrito de uso com os produtores parceiros da empresa (Sawazaki, 2001; Sawazaki et al., 2003; Freitas Júnior et al., 2006).

Segundo Santos et al. (2007), o cultivo do milho pipoca por meio do sistema integrado entre empresas empacotadoras e produtores tem crescido no país. As empacotadoras selecionam a região onde querem produzir, fornecem as sementes e a tecnologia, favorecendo aumentos de produtividade e redução nos custos de produção. Ainda segundo o mesmo autor, na safra de 2003, os melhores produtores colheram, em média, 50 a 60 sacas por hectare e o custo de produção variou de R\$ 800,00 a R\$ 1.200,00/hectare, em função da tecnologia utilizada. As empresas empacotadoras pagaram aos cooperados cerca de R\$ 45,00 por saca.

A cultura do milho pipoca é considerada de alto valor econômico e seu consumo é crescente no Brasil (Brugnera et al., 2003). No ano agrícola de 2008, o preço médio da saca de 30 kg de milho pipoca está em torno de R\$ 43,00. Considerando uma produção média de 2.500 quilos por hectare (produção média nacional, o que indica que este valor poderá ser superior, dependendo da cultivar e das condições de cultivo), vendendo-se a saca a R\$ 43,00, tem-se uma renda bruta de, aproximadamente, R\$ 3.583,00 por hectare. Se descontar este valor por aproximadamente, R\$ 1.000,00 (que é o custo médio de produção), o produtor terá uma renda líquida de, aproximadamente, R\$ 2.583,00 por hectare. Isso é um lucro fantástico, considerando um ciclo de quatro meses por ano. Se o produtor utilizar irrigação, poderá, para as regiões Norte e Noroeste Fluminense, obter até duas safras por ano. Se for considerado o cultivo em um alqueire com 4,8 ha, o lucro final, com dois plantios por ano, será de, aproximadamente, R\$ 23.763,60 por ano.

Agora, imagine se as 83 sacas, cada qual com 30 Kg, fossem vendidas como pipoca estourada diretamente ao consumidor: isso resultaria em 2.490 Kg de milho pipoca que, quando estourados, proporcionariam 74.700 litros de pipoca; considerando o litro a R\$ 1,00, isso forneceria o valor de R\$ 74.700,00. Por essa lógica, se fossem auferidos os ganhos diretos entre o produtor e consumidor com duas safras por ano, isso resultaria em cerca de R\$ 149.400,00.ha⁻¹, que ao dólar de 01/08/2008 equivale a US\$ 95.769,23.ha⁻¹.

O seu cultivo pode ser incentivado nas Regiões Norte e Noroeste Fluminense, como alternativa à diversificação das atividades agrícolas, visto que possui alto valor econômico por área e pode-se agregar valor ao produto final. Cabe ressaltar que o Noroeste Fluminense é composto por 13 municípios e tem na agropecuária sua principal atividade econômica. Já a Região Norte Fluminense, composta por nove municípios, é tradicionalmente caracterizada pela economia açucareira. Considerando-se os atrativos que a cultura do milho pipoca apresenta e com o possível advento de cultivares adaptadas às referidas regiões, há a possibilidade do surgimento de empresas empacotadoras, impulsionando a cadeia produtiva da cultura, sobretudo no âmbito da agricultura familiar, que no Estado do Rio de Janeiro, compreende 79,9% dos estabelecimentos rurais (IBGE, 2006).

2.4. O Melhoramento do Milho Pipoca

Sob o contexto histórico do melhoramento clássico, apesar de diversos autores expressarem o contrário, o melhoramento do milho pipoca no Brasil não é recente. Iniciou-se em 1932, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), e já em 1941 ocorreu o lançamento da primeira variedade nacional, proveniente de ciclos de seleção massal na população-base “South American Mushroom” (SAM), derivada de “South American”, procedente dos Estados Unidos da América. Porém, os trabalhos no País só foram retomados no início dos anos 80, culminando com o lançamento do híbrido simples modificado IAC-112, em 1988, oriundo de combinação de linhagens da variedade SAM com linhagens provenientes do híbrido intervarietal Guarani x UFV Amarelo (Sawazaki et al., 2000; Sawazaki, 2001) e, quase que simultaneamente, do híbrido triplo Zélia, comercializado pela Pioneer.

O Brasil, a partir da década de 90, tem revelado um cenário de progresso paulatino no abastecimento de milho pipoca, mas esse resultado pode ser creditado apenas restritamente aos trabalhos de melhoramento no país, vez que raros foram os lançamentos de materiais melhorados por programas desenvolvidos no Brasil, podendo-se citar somente: IAC-112, que atende uma parceria com a empresa Hikari; IAC-125, um híbrido simples derivado do IAC-112, registrado em abril de 2006; e das variedades de polinização aberta BRS Angela, obtida de seleções recorrentes no composto CMS-43, mas que apresenta como inconveniente a cor branca dos grãos; RS 20, desenvolvida pela IPAGRO e comercializada pela AGROESTE-SC; e UFVM2-Barão Viçosa (Pacheco et al., 2000; Sawazaki, 2001; Scapim et al., 2002; Cruz e Pereira Filho, 2007).

Nota-se, que o milho pipoca não recebeu a mesma atenção dispensada ao milho comum, sendo que pouco progresso foi obtido no seu melhoramento, dado o número limitado de instituições e melhoristas envolvidos com essa cultura, encontrando-se restritos a poucos pesquisadores de instituições oficiais, e mais recentemente, em algumas empresas privadas de sementes.

O primeiro ensaio nacional de milho pipoca foi desenvolvido a cerca de dez anos (Andrade et al., 2002). Atualmente, instituições como a UENF, UFV, UFLA, UEM, UEL, UFRS, ESALQ, IAC e Embrapa - Milho e Sorgo têm mantido programas de melhoramento de milho pipoca, visando diminuir a dependência de genótipos importados, principalmente da Argentina e Estados Unidos da América.

Na safra agrícola de 2006/07 estiveram disponibilizadas para comercialização 278 cultivares de milho, sendo doze de milhos especiais (sete cultivares de milho pipoca, duas de milho doce, uma de milho ceroso e duas para utilização de canjica). Trinta e seis cultivares foram lançadas, substituindo 37 que deixaram de ser comercializadas, demonstrando, assim, a dinâmica dos programas de melhoramento e a importância do uso de semente no aumento da produtividade (Cruz e Pereira Filho, 2007). As sete cultivares de milho-pipoca são: Zélia (híbrido triplo), Jade (híbrido triplo), IAC 112 (híbrido simples modificado), IAC 125 (híbrido triplo), RS-20 (variedade), BRS Angela (variedade) e UFVM2-Barão-Viçosa (variedade). Verifica-se, portanto, que, apesar dos avanços, o número de variedades e híbridos de linhagens comerciais de milho-pipoca é reduzido, apesar da crescente demanda pelo produto (Matta e Viana, 2001;

Andrade et al., 2002; Daros et al., 2004 a; Freitas Júnior et al., 2006; Rangel et al., 2007).

Segundo Zinsly e Machado (1987), para o melhoramento do milho pipoca, podem ser aplicados quase todos os métodos de melhoramento utilizados para o milho comum, excetuando-se a seleção recorrente em S_1 , já que o milho pipoca não tolera sucessivos ciclos de autofecundação. Deve-se ficar atento também para a correlação negativa entre a produtividade e a capacidade de expansão. Trabalhando-se com populações melhoradas torna-se maior a probabilidade de extração de linhagens superiores, com a finalidade de obtenção de híbridos (Paterniani e Miranda Filho, 1978; Pinto, 1995). Com isso, fica clara a importância da seleção recorrente e da obtenção de híbridos de linhagens.

Aumentar a qualidade da pipoca e, simultaneamente, a produção de grãos são os principais objetivos do melhoramento do milho pipoca, em seguida consideram-se as melhorias na resistência a doenças e pragas, no tamanho da espiga e do grão. O melhoramento do estande é considerado importante, porque reduz perdas de rendimento, uniformiza a secagem dos grãos e facilita a colheita, reduzindo os danos das colheitadeiras.

No Brasil, as cultivares de milho pipoca não são distribuídas em grupos heteróticos complementares para a obtenção de híbridos, como ocorre com o milho comum (Miranda et al., 2003). Em trabalho realizado nos Estados Unidos da América, Larish e Brewbaker (1999) identificaram três grupos heteróticos no início de um programa de melhoramento de milho pipoca. Também constataram a viabilidade do uso de germoplasma originado de países temperados no cruzamento com milhos pipocas tropicais.

Miranda et al. (2003), utilizando análise de agrupamento, identificaram três grupos: Grupo I (IAC 112, Viçosa, CMS 43, CMS 42, Branco e Rosa-claro), Grupo II (Beija-flor e Zélia) e Grupo III (RS 20). As cultivares oriundas de programas de melhoramento ou regiões semelhantes mostraram-se mais semelhantes, como CMS 42 e CMS 43, pertencente à Embrapa, e Viçosa, Branco e Rosa-claro, à Universidade Federal de Viçosa. A RS 20 ficou em grupo separado, por apresentar características relacionadas às plantas bastante diferentes das demais cultivares. Por não terem sido considerados na análise de divergência, a cor dos grãos das cultivares com grãos brancos (CMS 43), amarelos e rosas (Rosa-claro) apresentaram-se no mesmo grupo; no entanto, comercialmente, essas cultivares

apresentam valores distintos, sendo preferido o grão de cor amarela, seguido pelo de cor branca. O de cor rosa não apresenta valor comercial. Por meio de marcadores ISSR, Kantety et al. (1995) constituíram três grupos heteróticos em milho pipoca: “South Americam”, “Supergold” e “Amber Pearl”.

Há duas formas de se conduzir um programa de melhoramento genético: pela geração de híbridos, visando à obtenção de linhagens endogâmicas que produzirão híbridos superiores às populações originais dessas linhagens; e pela obtenção de populações melhoradas pelo uso adequado de métodos de seleção, possibilitando o aumento gradativo da frequência de alelos favoráveis (Paterniani e Miranda Filho, 1978).

Para uma população de milho poder ser utilizada como genitora num programa de melhoramento intrapopulacional, essa deve possuir ampla variabilidade genética e alta média quanto às características de interesse (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Devido à escassez de estudos na área de melhoramento genético, as populações de milho pipoca brasileiros são pouco melhorados, apresentam suscetibilidade à helmintosporiose e à ferrugem, baixa qualidade dos colmos, baixa capacidade de expansão e grande depressão endogâmica (Andrade et al., 2002; Coimbra et al., 2002).

Dentre as cultivares de milho pipoca do tipo variedade, destaca-se a RS-20, a qual apresenta qualidade da pipoca equivalente aos híbridos, porém com baixos valores de produção.

Uma estratégia pertinente para o lançamento de variedades é a obtenção de variedade melhorada a partir de composto. Um exemplo é a variedade BRS ANGELA, oriunda de ciclos de seleção recorrente do composto CMS-43, da Embrapa-Milho e Sorgo (Pacheco et al., 2000). BRS ANGELA é uma variedade promissora, sendo produtiva e com boa qualidade de pipoca, apesar de seus grãos serem brancos, limitando sua difusão no mercado (Sawazaki, 2001).

2.5. Seleção recorrente em milho

Hallauer e Miranda Filho (1988) denominam seleção recorrente qualquer sistema designado para aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para uma característica quantitativa, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem redução da variabilidade genética da população. Hull (1945) propôs

a expressão seleção recorrente para designar um processo de condução de seleção cíclica.

A seleção recorrente é um método cíclico, que envolve três etapas: desenvolvimento de progênies; avaliação das progênies e recombinação das selecionadas. Essas são conduzidas repetidamente até que a frequência de alelos favoráveis na população atinja níveis satisfatórios (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Há vários pesquisadores que desenvolveram métodos de melhoramento com base na seleção e posterior recombinação dos tipos selecionados (seleção recorrente): Hull (1945), Hallauer (1967), Lonquist e Williams (1967) e Hallauer e Eberhart (1970).

É desejável que um programa de melhoramento produza resultados rápidos e satisfatórios, pois, na maioria das vezes, os recursos disponíveis são escassos. Assim, dentre os vários métodos utilizados no melhoramento de milho, a seleção entre famílias de irmãos completos é um dos que proporcionam resultados mais satisfatórios (Daros et al., 2002), podendo ser utilizado no melhoramento de milho pipoca, conforme recomendaram Pereira e Amaral Júnior (2001). Porém, a seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos tem sido pouco utilizada no país, muito embora se trate de uma estratégia que possibilita aproveitar todos os tipos de ação gênica.

Utilizando-se de técnicas de Genética Quantitativa, podem-se obter respostas à seleção por diversas estratégias e compará-las, o que permite escolher a metodologia que apresente maior retorno com base nos recursos e facilidades disponíveis (Ramalho, 1977; Hallauer e Miranda Filho, 1988; Souza Júnior, 1993).

Russell (1985) mostrou que a seleção recorrente é um processo fundamental para o melhoramento de híbridos e, também, das linhagens endogâmicas. Linhagens extraídas de diversos ciclos de seleção recorrente cruzadas com uma mesma linhagem diferiram significativamente quanto às produtividades dos híbridos e quanto às produtividades das linhagens. O híbrido obtido da linhagem extraída do primeiro ciclo seletivo produziu $7,28 \text{ t.ha}^{-1}$, enquanto o híbrido obtido da linhagem extraída do último ciclo produziu $9,56 \text{ t.ha}^{-1}$. Betrán e Hallauer (1996), comparando híbridos simples obtidos dos ciclos C0 e C9 de seleção interpopulacional, verificaram que os híbridos simples do último ciclo foram 54,5% mais produtivos que os híbridos da população original.

Assim, de acordo com esses resultados, fica clara a importância da seleção recorrente para o melhoramento do milho. Compilações de resultados de seleção recorrente mostram que o processo é altamente efetivo para o melhoramento de populações em longo prazo para os diversos caracteres de importância agrônômica e econômica (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

Pesquisas têm mostrado que é possível praticar seleção recorrente recíproca com um ciclo por ano, com resultados similares àqueles em que cada ciclo se completa em dois ou três anos (Souza Júnior, 1987). Portanto, os programas de seleção recorrente são fundamentais para a manutenção dos ganhos nos programas de híbridos de linhagens e, assim, os programas de seleção recorrente e os de híbridos de linhagens são complementares.

Nos programas de seleção recorrente, normalmente são selecionados entre 10 a 30% das progênies avaliadas e, conseqüentemente, os efeitos da deriva genética podem ser pronunciados, o que pode limitar o melhoramento das populações e, também, reduzir a variabilidade genética, comprometendo futuros ciclos de seleção.

Smith (1983) apresentou um modelo para avaliar os ciclos de seleção recorrente, onde foi incluído o efeito da deriva genética. Resultados da utilização desse modelo mostraram que os efeitos da deriva genética nos programas de seleção recorrente são significativos e de alta magnitude (Hallauer et al., 1988; Cepeda et al., 2000). Souza Júnior et al. (2001) mostraram que na resposta esperada à seleção recorrente os efeitos da deriva genética devem ser incluídos, para que se possa prever e reduzir os seus efeitos no melhoramento populacional. Assim, o esquema de seleção recorrente que deve ser utilizado irá depender dos objetivos a que se propõe o programa para predizer aos melhoristas o que deve ocorrer com as populações no decorrer dos ciclos seletivos.

Para programas de híbridos de linhagens é necessário que a seleção recorrente melhore as performances das populações *per se* e de seus cruzamentos. Entretanto, resultados de seleção recorrente mostram que a seleção recorrente intrapopulacional é muito eficiente para o melhoramento das populações *per se*, mas não de seus cruzamentos, levando à diminuição da heterose; a seleção recorrente interpopulacional é muito eficiente no melhoramento dos cruzamentos; geralmente, uma das populações apresenta

taxas de melhoramento adequadas, mas a outra população tem sua performance reduzida. Souza Júnior (1999) derivou expressões mostrando que esses resultados são esperados e, portanto, esses dois esquemas seletivos não preenchem todos os requisitos para os programas de híbridos de linhagens.

Uma modificação desses esquemas foi apresentada e comparada teoricamente com os esquemas intra e interpopulacionais. A modificação é muito simples e envolve o uso de uma das populações como testadoras de duas populações. Os resultados mostraram que essa modificação é muito mais eficiente que ambas metodologias no melhoramento, tanto das populações *per se* quanto dos híbridos interpopulacionais, e preenche os requisitos dos programas de híbridos de linhagens. Resultados obtidos com estimativas de parâmetros genéticos intra e interpopulacionais de duas populações corroboraram esses resultados (Arias e Souza Júnior, 1998). Com isso, fica clara a importância do binômio seleção recorrente e obtenção de híbridos de linhagens.

É desejável que um programa de melhoramento produza resultados rápidos e satisfatórios, pois, na maioria das vezes, os recursos disponíveis são escassos. Assim, dentre os vários métodos utilizados no melhoramento de milho, a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos é um dos procedimentos que tem mostrado melhores resultados, podendo ser utilizado no melhoramento de milho pipoca. Segundo Lonquist (1961), esse método promove o aumento da frequência de genes favoráveis, sem elevação da taxa de endogamia, aumentando a precisão de seleção intrapopulacional. Em variações do método original podem ser utilizados como testadores a própria população, as linhagens endogâmicas, as variedades sintéticas ou as variedades de polinização aberta. Em relação à unidade de recombinação utilizada, podem-se utilizar sementes remanescentes das progênies em avaliação ou sementes de autofecundação.

Quando se deseja aumentar o ganho por ciclo, pode-se aplicar maior pressão de seleção, mediante a escolha de menor proporção de indivíduos ou famílias, para formação da nova geração. Esta estratégia, porém, pode levar a uma sensível redução da variabilidade genética, o que diminui a possibilidade de seleção em médio e longo prazo. Caso contrário, quando se pratica uma seleção branda, espera-se menor progresso por ciclo, mas garantem-se ganhos por períodos mais prolongados, pois não ocorre a exaustão da variabilidade genética nos primeiros ciclos. A intensidade de seleção adequada depende do tamanho da

população e dos objetivos do programa (Hallauer e Miranda Filho, 1988; Paterniani e Miranda Filho, 1987). O progresso do melhoramento intrapopulacional, sem considerar o método de seleção empregado, depende da magnitude e natureza da variabilidade genética existente na população. Eberhart (1970) propôs, como meio de aumentar o ganho por ciclo de seleção, tornar maior a variância genética aditiva, através de síntese de variedades compostas e do controle dos acasalamentos entre os indivíduos da população que está sendo submetida à seleção.

2.6. Melhoramento da População UNB-2U

O programa de melhoramento de milho pipoca da UENF teve início quando o professor Joaquim Von Bülow trouxe da Universidade Federal de Brasília (UNB) a variedade de polinização aberta, UNB-2U, originada de UNB-2, após dois ciclos de seleção massal em Campos dos Goytacazes, R.J. A população UNB-2, por sua vez, originou-se de seleção em um composto indígena que a ESALQ/USP doou a UNB, de Brasília, D.F. Com isso, gerou-se a população UNB-1, que foi cruzada com a variedade de milho pipoca Americana, cujas progênies selecionadas foram cruzadas com uma variedade de milho pipoca de grãos amarelos e resistentes a *Exserohilum turcicum*. Após dois ciclos de seleção massal foi obtida uma população formada por plantas resistentes, com produção superior e com grãos amarelos. Tal população foi retrocruzada, por três vezes, com a variedade Americana, originando, assim, a população UNB-2U, de polinização aberta (Pereira e Amaral Júnior, 2001).

Progênies de meios irmãos e irmãos completos da população UNB-2U foram desenvolvidas pelo uso de plantas S_0 como pais, em cruzamento ao acaso com quatro plantas da população UNB-2U, com um coeficiente de endogamia igual a zero ($F=0$), de acordo com o sistema de acasalamento proposto por Comstock e Robinson (1948), também descrito como Delineamento I (Hallauer e Miranda Filho, 1981). A análise dos resultados revelou a possibilidade de ganhos genéticos anuais, tanto para produção de grãos (9,42%) quanto para capacidade de expansão (27,09%), com o emprego da seleção recorrente em famílias de irmãos completos (Pereira e Amaral Júnior, 2001).

Por conseguinte, Daros et al. (2002) implementaram o primeiro ciclo de seleção recorrente em UNB-2U, utilizando como estratégia a obtenção de famílias de irmãos completos. Para tanto, foram avaliadas 75 famílias, em dois ambientes (Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ); em experimentos em blocos ao acaso com duas repetições dentro de “sets”. Os resultados do ciclo C1 revelaram a possibilidade de ganhos preditos de 4,69% para produção de grãos e 10,39% para capacidade de expansão.

Em continuidade ao Programa, 222 famílias endogâmicas (S_1), de segundo ciclo de seleção recorrente, foram obtidas a partir de UNB-2U (C1), as quais também foram avaliadas em Campos dos Goytacazes e em Itaocara, respectivamente, região Norte e Noroeste Fluminense (Daros et al., 2004 a). Os autores constataram significância, em 1% de probabilidade, pelo teste F, para famílias dentro de “sets”, revelando suficiente variabilidade genética a ser explorada em ciclos futuros, o que é essencial para o sucesso do programa. A seleção das famílias superiores, realizada com base no índice de seleção Smith (1936) e Hazel (1943), proporcionou ganhos preditos de 26,95% para produção de grãos e de 17,8% para capacidade de expansão.

Vilela et al. (2008), com o intuito de averiguar o impacto da seleção recorrente na variabilidade genética de progênies da população de milho pipoca UNB-2U, após três ciclos de seleção recorrente por diferentes métodos (massal, irmãos completos e famílias S_1), avaliaram 30 progênies de cada ciclo por marcadores RAPD e constataram que não houve variação molecular significativa entre os ciclos C0, C1 e C2, revelando que o uso de diferentes estratégias de seleção recorrente não promoveu estreitamento genético, em razão do tamanho populacional selecionado nos ciclos. A diferença significativa na média entre os ciclos C1 e C2 foi atribuída ao menor tamanho populacional da geração C1. A distribuição dendrogrâmica dos indivíduos revelou a formação de três grandes grupos, sendo que 20% dos indivíduos foram alocados em grupo distinto do ciclo a que pertenciam, em razão da transferência de alelos nas subseqüentes gerações, bem como da própria semelhança entre os ciclos.

No terceiro ciclo de seleção recorrente, Santos et al. (2007) trabalharam com famílias de meios-irmãos e revelaram a possibilidade de progressos genéticos para a característica capacidade de expansão (7,16%) e para produção de grãos (10%). Logo, há perspectivas de que a população UNB-2U gere uma

nova variedade de milho pipoca com alto potencial para uso em plantios comerciais nas regiões Norte e Noroeste Fluminense.

2.7. Parâmetros Genéticos

Segundo Cruz et al. (2004), a relevância da genética quantitativa para o melhoramento de plantas se fundamenta no fato de que a manipulação de caracteres quantitativos por meio de endogamia, cruzamentos e/ou seleção, constitui o fator essencial para qualquer programa de melhoramento que tenha como objetivo identificar, acumular e perpetuar genes favoráveis. De acordo com os mesmos autores, o entendimento das conseqüências genéticas dessa manipulação constitui a mais importante função da pesquisa na genética quantitativa.

Nesse sentido, a obtenção de estimativas de parâmetros é fundamental por permitir identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada.

As estimativas de variâncias genéticas são obtidas a partir da análise de variância dos dados, cujos quadrados médios são desdobrados em componentes de variância, com base em equações obtidas a partir da esperança matemática desses quadrados médios.

Na seleção, sempre há a preocupação do melhorista quanto à certeza de sua tomada de decisão em estabelecer a superioridade relativa de indivíduos ou famílias, feita com base apenas na informação fenotípica. Neste sentido, uma família pode apresentar média superior à de outra, sem que necessariamente essa superioridade seja devido a fatores genéticos. Assim, ao selecionar uma família, em detrimento de outra, pode-se estar desprezando genes de interesse desta, ou repassar genes não tão favoráveis daquela que foi selecionada. Desse modo, a situação é mais favorável quando o valor fenotípico traduzir o valor genotípico, de forma que as comparações realizadas com base em valores fenotípicos mensuráveis reflitam as diferenças verdadeiramente genéticas. Como é a herdabilidade que quantifica essas relações, entende-se que ela seja um parâmetro indispensável no processo de melhoramento genético de qualquer

caráter. Assim, dentre os componentes genéticos, a herdabilidade tem função primordial por predizer o valor genotípico com base na informação fenotípica.

Outrossim, segundo Hallauer e Miranda Filho (1988), a correlação estimada por meio do coeficiente de correlação tem importância no melhoramento de plantas, porque quantifica o grau de associação genético e não-genético entre duas ou mais características. De acordo com Paterniani e Campos (1999), a eficiência da seleção de um caráter pode ser aumentada com a utilização de características agrônomicas correlacionadas. Cruz et al. (2004) ressaltam a importância das estimativas das correlações, afirmando que essas associações quantificam a possibilidade de ganhos indiretos por seleção em características correlacionadas, e que características de baixa herdabilidade têm a seleção mais eficiente quando realizada com base em características que lhe são correlacionadas em elevada magnitude.

A mensuração da correlação pode ser obtida diretamente entre duas características, em determinado número de indivíduos que representam a população, e é denominada correlação fenotípica, que é proveniente de duas causas: uma genética e outra ambiental. Somente a correlação genética envolve associações de natureza herdável e, por isso, é a que realmente interessa a um programa de melhoramento. A causa da correlação genética é, principalmente, a pleiotropia. Ligações gênicas constituem causas transitórias, especialmente em populações derivadas de cruzamento entre linhagens divergentes (Falconer, 1987).

Santos et al. (2007) afirmam que há necessidade de conhecer o comportamento de blocos gênicos envolvidos na expressão de características de interesse para o melhoramento do milho pipoca nos diferentes ciclos de seleção recorrente. Considerando que as correlações variam entre os ciclos, é de absoluta importância a estimação das correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre características agrônomicas para monitorar o comportamento da associação, sobretudo entre as características de maior interesse para o melhoramento da cultura nos sucessivos ciclos de melhoramento.

Em milho pipoca, a capacidade de expansão (CE) tem revelado correlações negativas com a maioria das características agrônomicas de interesse econômico (Brunson, 1937; Lima et al., 1971; Merlo et al., 1988; Zinsly e Machado, 1987; Dofing et al., 1991; Andrade et al., 2002). Com isto, o

melhoramento genético torna-se mais difícil, pois há a necessidade de contornar as associações indesejáveis.

A introdução de boas características agronômicas, negativamente correlacionadas com a CE, entre as quais a produção e resistência ao acamamento, existentes em linhagens elites de milho comum, foi conseguida por vários autores, que recuperaram a capacidade de expansão (CE) com dois retrocruzamentos (Gama, 1990; Sawazaki, 1996). Carpentieri-Pípolo et al. (2002), avaliando nove genótipos de milho pipoca, constataram que a capacidade de expansão revelou correlação fenotípica positiva com o tamanho da pipoca e com o número de grãos por volume, e correlação negativa com massa de grãos por planta. As características massa de grãos por planta e peso total da espiga revelaram correlações fenotípicas e genotípicas positivas entre si, o que possibilita a utilização de uma ou de outra na seleção, optando-se pela que melhor convier aos propósitos do programa de melhoramento.

Com o intento de monitorar o comportamento de blocos gênicos entre duas gerações de seleção recorrente em UNB-2U, Daros et al. (2004 b) verificaram que houve acréscimo da correlação genotípica entre rendimentos de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE) do primeiro para o segundo ciclo, denotando aumento na concentração de alelos favoráveis na população. Já Santos (2005) verificou que a estimativa de correlação genotípica positiva e significativa ocorreu entre as características CE e RG, evidenciando que é possível em um programa de melhoramento de milho pipoca a seleção de cultivares com efeito positivo para ambas as características.

2.8 Índices de Seleção

A indicação de cultivares, baseando-se em apenas um caráter, pode não ser a melhor opção, pois o valor do genótipo é estreitamente relacionado por várias características. Assim, ao se decidirem quais são os melhores genótipos, seja como progenitores ou para recomendação de cultivares, é racional que o profissional leve em consideração as características de maior interesse, as quais podem não ter o mesmo peso econômico, mas agregam valores àqueles genótipos. Como exemplo, a indicação de cultivares de milho pipoca considerando-se somente a produtividade de grãos pode ser rejeitada pelos

agricultores, consumidores e até mesmo pela indústria, caso a capacidade de expansão não expresse um padrão mínimo de pipocamento. Portanto, de nada adianta uma cultivar ser muito produtiva se ela apresenta, por exemplo, baixa capacidade de expansão, suscetibilidade ao acamamento, ao quebramento, a pragas e a doenças.

Neste contexto, para se obter materiais genéticos realmente superiores, é necessário que o material selecionado reúna, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que lhe confira rendimento comparativamente mais elevado e que satisfaça às exigências do consumidor. Segundo Cruz et al. (2004), a seleção com base em uma, ou em poucas características, tem-se mostrado inadequada, por conduzir a um produto final superior em relação às características selecionadas, mas com desempenho não favorável em relação às várias outras características consideradas.

Para tanto, uma alternativa viável é o uso dos índices de seleção, que constituem técnicas multivariadas que associam as informações relativas a vários caracteres de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada. Com os índices de seleção, criam-se valores numéricos, que funcionam como um caráter adicional, teórico, resultante da combinação de determinados caracteres selecionados pelo melhorista, sobre os quais deseja manter seleção simultânea (Cruz et al., 2004).

Diferentes índices representam variadas alternativas de seleção nos programas de melhoramento, e, conseqüentemente, de ganhos percentuais. Estes identificam, de maneira rápida e eficiente, materiais genéticos que podem ser mais adequados para os propósitos do melhorista.

Smith (1936) propôs o uso de índice de seleção nos programas de melhoramento de plantas como critério de seleção simultânea de duas ou mais características correlacionadas. Este procedimento foi adaptado ao melhoramento genético animal por Hazel (1943). Segundo esses autores, para se estabelecer o índice de seleção, são necessários o valor econômico relativo a cada característica, as variâncias genóticas e fenotípicas de cada característica e as covariâncias genóticas e fenotípicas entre cada par de características.

Devido às dificuldades de estabelecer pesos econômicos, Cruz (1990) propôs que os pesos econômicos poderiam ser estimados a partir de estatísticas dos próprios dados experimentais. O coeficiente de variação genético se

constituiria num bom referencial, pelo fato de ser um caráter adimensional e diretamente proporcional à variância genética. No entanto, nas análises de Santos et al. (2007), o melhor resultado foi obtido usando pesos econômicos aleatórios, com ganhos satisfatórios e consistentes para produção de grãos e capacidade de expansão.

Pesek e Baker (1969) sugeriram o uso de ‘ganhos genéticos desejados’ de características individuais, num programa de seleção, para substituir os pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção. Para se usar a modificação proposta, necessitam-se da média dos genótipos e das matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica. Assim, é possível calcular os coeficientes dos índices sem designar pesos econômicos, dessa forma, o índice obtido resultará em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na especificação do ganho desejado, sujeito às restrições impostas pela constituição fenotípica e genotípica da população.

Willians (1962) propôs o denominado índice-base, objetivando-se evitar a interferência de imprecisões das matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas na estimação dos coeficientes que constituem o índice. Esse método propõe o estabelecimento de índices, mediante a combinação linear dos valores fenotípicos médios das características, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos (Cruz e Carneiro, 2003).

Segundo Cruz e Carneiro (2003), este índice tem apresentado boa aceitação pelos melhoristas, por dispensar as estimativas de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas e ter revelado resultados satisfatórios, quando utilizado com critério de seleção em vários trabalhos científicos.

Mulamba e Mock (1978) propuseram o índice com base na soma de postos (ou “ranks”), que consiste em classificar os materiais genotípicos em relação a cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificadas, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção.

Em milho pipoca, a correlação negativa entre as duas principais características de interesse econômico, a capacidade de expansão e a produção de grãos, dificultam o melhoramento, mas não o impossibilita (Brunson, 1937; Lima et al., 1971; Merlo et al., 1988; Zinsly e Machado, 1987; Dofing et al., 1991;

Andrade et al., 2002; Carpentieri-Pípolo et al., 2002; Daros et al., 2004 b). Porém, segundo Marques (2000), a predição de ganhos simultâneos nessas características não foi possível, usando o método de seleção direta e indireta (resposta correlacionada), o que ratifica a necessidade de utilização de índices de seleção no melhoramento populacional de milho pipoca.

Todavia, mesmo com base na seleção truncada de progênies superiores de milho pipoca, Daros et al. (2002) estimaram ganhos de 10,39% e 4,69%, respectivamente, para capacidade de expansão e rendimento de grãos. Porém, tais percentuais foram inferiores aos preditos, para recombinação do segundo ciclo de seleção recorrente (17,80% e 26,95%, respectivamente) em UNB-2U, utilizando-se o índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), obtidos por Santos et al. (2003).

Segundo Santos et al. (2007), no ciclo C3 da população UNB-2U, a seleção das famílias superiores, realizada com base no índice de Mulamba e Mock (1978), proporcionou ganhos preditos de 7,16% para capacidade de expansão e 10,00% para produção, além de ganhos negativos para espigas doentes e atacadas por pragas e plantas acamadas e quebradas, sendo, portanto, o procedimento mais adequado na seleção de progênies superiores para constituírem o terceiro ciclo de seleção recorrente.

Cruz et al. (1993) verificaram ganhos simultâneos nas características teor de óleo e rendimento de espigas, em progênies de irmãos completos de milho comum, usando índices de seleção, o que não foi possível quando usaram a seleção direta e indireta.

Granate et al. (2002), avaliando a população de milho pipoca CMS-43, obtiveram sucesso na utilização do índice de Smith (1936) e Hazel (1943) na predição de progresso desejado nos caracteres altura de planta, produção e capacidade de expansão, quando usaram pesos obtidos aleatoriamente por tentativas.

2.9. Interações Genótipos x Ambientes

Por ambientes, entende-se o conjunto de fatores não-genéticos que podem afetar a expressão fenotípica do genótipo. As condições ambientais que influenciam a expressão do genótipo podem ser agrupadas em previsíveis e

imprevisíveis. As previsíveis são aquelas devidas a fatores permanentes do ambiente, como fertilidade do solo, fotoperíodo, data de plantio, densidade de plantio, práticas agronômicas, dentre outras. Já as imprevisíveis ocorrem aleatoriamente, como por exemplo, o estande final, a distribuição de chuvas, a temperatura, os ventos, a umidade relativa do ar, a ocorrência de pragas, a agressividade de plantas daninhas e o ataque de doenças (Allard e Bradshaw, 1964).

Para que a interação genótipos x ambientes possa ser detectada, é necessário que os diferentes genótipos sejam avaliados em dois ou mais ambientes contrastantes. Considerando-se didaticamente dois ambientes e duas cultivares, três situações podem ocorrer: a) as cultivares apresentam comportamento concordantes nos dois ambientes; neste caso, não existe interação, e a indicação da cultivar superior é a mesma; b) o comportamento das cultivares não é semelhante nos dois ambientes, e uma delas responde mais acentuadamente à melhoria do ambiente do que a outra; nessa situação, ocorre interação, denominado do 'tipo simples', porém a cultivar superior também pode ser indicada para os dois ambientes sem problemas; e c) o comportamento das duas cultivares é inverso nos dois ambientes (interação do tipo complexa); nesse caso, existe complicação para o trabalho do melhorista, cuja indicação de uma cultivar é restrita a um ambiente específico (Arias, 1998).

Para minimizar os efeitos da interação genótipos x ambientes, existem pelo menos três opções: a) identificar cultivares específicas para cada ambiente. b) realizar zoneamento ecológico; e c) identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica (Ramalho et al., 1993).

O teste F significativo para a interação genótipos x ambientes indica que o grupo de genótipos apresenta comportamento diferenciado em pelo menos um dos ambientes avaliados, mas não revela qual ambiente foi responsável pela interação. Deste modo, o conhecimento do comportamento não só dos genótipos, como também do ambiente, é de fundamental importância para o estabelecimento de subgrupos de ambientes, cuja interação seja nula ou mínima para que a recomendação de cultivares seja feita de modo mais seguro possível.

A quantificação do percentual da parte complexa da interação genótipos x ambientes é muito importante para estabelecer a estratégia de melhoramento, tanto na escolha do ambiente, onde serão conduzidos os ensaios, quanto na

seleção dos genótipos, conforme sua adaptabilidade à determinada condição ambiental (Venkovsky, 1978). A interação simples é proporcionada pela diferença de variabilidade entre os genótipos nos diferentes ambientes, enquanto a interação complexa é consequência da falta de correlação entre genótipos, indicando inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental, ou seja, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro, tornando difícil a indicação de cultivares ou, mesmo, a realização de seleção (Cruz et al., 2004). Assim, medidas que controlem ou amenizem os efeitos dessa interação devem ser tomadas para que as recomendações sejam mais seguras.

Segundo Cruz et al., (2004), o estudo dos ambientes é de grande importância, pois fornece informações sobre os padrões de resposta das cultivares, de modo a conhecer o grau de representatividade dos locais e tomar decisões quanto à desistência, ou não, da instalação de ensaios em determinado local, em razão de problemas técnicos ou de escassez de recursos.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Obtenção das Famílias de Irmãos Completos e Tratos Culturais

A obtenção das progênies foi realizada em 2005, no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, situado a 21° 45' de latitude sul e 41° 20' de longitude oeste, e a 11 m de altitude, classificado como tropical chuvoso, clima de bosque com uma precipitação média anual de 1023 mm, evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23 °C.

Foi empregado o método de seleção recorrente entre famílias de irmãos completos. Uma amostra da população UNB-2U, no terceiro ciclo de seleção recorrente foi semeada em março de 2005. O espaçamento utilizado foi de linhas de 6,0 m de comprimento, espaçadas em 1,0 m, com 15 plantas distanciadas em 0,4 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 realizado o desbaste, deixando-se uma planta por cova. A adubação no plantio foi realizada de acordo com análise de solo, com aplicação de 350 kg.ha⁻¹ de N-P-K, da formulação 04-14-08, no plantio mais 60 kg.ha⁻¹ de nitrogênio, na forma de sulfato de amônio em cobertura aos 30 dias após a emergência. Todos os tratos culturais foram realizados quando necessários, conforme as recomendações para a cultura (Sawazaki, 2001).

Foram semeadas 300 linhas constituídas da mistura balanceada das sementes recombinadas do terceiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional. Para obtenção das progênies de irmãos completos o seguinte procedimento foi adotado: enumeraram-se as fileiras e cada planta das fileiras, para facilitar a identificação dos cruzamentos que foram feitos aos pares. Na floração as espigas foram cobertas antes de liberar os estigmas, utilizando-se sacolas de plástico. Simultaneamente, verificaram-se os pares que estavam aptos para se fazer os cruzamentos. Para realizar os cruzamentos, cobriram-se os pendões sempre no dia anterior ao cruzamento a ser feito; esse cuidado é necessário, vez que o pólen perde sua viabilidade após oito horas (Goodman e Smith, 1987); assim, qualquer pólen viável que se encontre no saco de papel no dia seguinte só poderá ter sido proveniente do pendão coberto. No outro dia, foram feitos os cruzamentos, colocando-se a sacola de papel 'Kraft' com pólen do pendão sobre a espiga e identificando-se o número da linha e o número de cada planta no saco de papel 'Kraft' com caneta contendo tinta resistente, para que a identificação não se apagasse. Neste procedimento foram obtidas 200 famílias, com duas espigas para cada família.

3.2. Características dos Locais de Instalação dos Experimentos

Os experimentos foram implementados no ano agrícola 2005/2006, no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, situado a 21° 45' de latitude sul e a 41° 20' de longitude oeste, e a 11 m de altitude, classificado como tropical chuvoso, clima de bosque com uma precipitação média anual de 1023 mm, evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23 °C; e na Estação Experimental da PESAGRO-RIO, em Itaocara, Rio de Janeiro, localizada na Região Noroeste Fluminense, situada a 21° 39' 12" de latitude sul e 42° 04' 36" de longitude oeste, e a 60 m de altitude, com temperatura média anual de 22,5 °C e precipitação média anual de 1041 mm (Fontes, 2002).

3.3. Avaliação e Seleção Entre Progenies em Ensaio de Competição

Na avaliação das 200 famílias de irmãos completos foram incluídas, para comparação, também as populações UNB-2U C0, UNB-2U C1, UNB-2U C2, UNB-2U C3 e a variedade BRS ANGELA, da Embrapa-Milho e Sorgo. O plantio foi realizado em novembro de 2005, no delineamento em blocos casualizados com repetições dentro de 'sets'. Utilizaram-se oito 'sets', com duas repetições, sendo que cada 'set' conteve 30 tratamentos, ou seja, 25 famílias de irmãos completos e cinco testemunhas. As populações incluídas foram utilizadas como testemunhas, com o objetivo de se avaliar comparativamente a população UNB-2U. Para posterior recombinação das famílias selecionadas, uma quantidade suficiente de sementes de todas as famílias de irmãos completos foi armazenada.

O espaçamento utilizado foi de linhas de 5,0 m de comprimento, espaçadas em 1,0 m, com 25 plantas distanciadas em 0,2 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 realizado o desbaste, deixando-se uma planta por cova, perfazendo uma população que correspondeu a 50.000 plantas.ha⁻¹. A adubação no plantio foi realizada de acordo com análise de solo. A adubação de cobertura foi realizada cerca de 30 dias após o plantio. Os tratos culturais foram realizados conforme as necessidades da cultura.

As seguintes características foram avaliadas: a) altura da planta, em cm (AP); b) altura de inserção da primeira espiga, em cm (AE); c) número de plantas acamadas (NPA); d) número de plantas quebradas (NPQ); e) estande final (NP); f) número de espigas (NE); g) rendimento de grãos (RG); h) peso de grão com espiga (PE); i) número de espigas doentes (ED); j) número de espigas atacadas por pragas (EP); l) número de espiga mal empalhada (EMP); m) dias para florescimento (FLOR); n) peso de 100 grãos, em g (P100); e o) capacidade de expansão dos grãos (CE).

A altura da planta (AP) foi quantificada em cm, após o pendoamento, do nível do solo à inserção da folha bandeira, em oito plantas competitivas. Já a altura da espiga (AE) foi obtida pela quantificação da distância, em cm, do nível do solo à base de inserção da espiga superior, em oito plantas competitivas, conforme descrito por Brunson (1937), Verma e Singh (1979) e Lira (1983).

O número de plantas acamadas (NPA) foi obtido pela contagem de plantas que apresentavam um ângulo de inclinação superior a 45° em relação à vertical, na ocasião da colheita. O número de plantas quebradas (NPQ) foi obtido pela contagem de plantas que apresentavam o colmo quebrado abaixo da espiga superior em cada parcela, na ocasião da colheita.

O estande final (NP) foi obtido pelo número de plantas na parcela, na ocasião da colheita. O número de espiga (NE) foi obtido pela contagem do número de espigas colhido em cada parcela. O rendimento de grãos (RG) foi determinado por meio da pesagem dos grãos após a eliminação do sabugo, sendo expresso em Kg.ha^{-1} .

O peso de espiga com grãos (PE) foi obtido por pesagem das espigas despalhadas, após a colheita, em Kg.ha^{-1} . O número de espigas doentes (ED) foi obtido pela contagem de espigas doentes em cada parcela, na ocasião da colheita. O número de espigas atacadas por pragas (EP) foi obtido pela contagem de espigas atacadas por pragas em cada parcela, na ocasião da colheita.

O número de espigas mal empalhadas (EMP) foi obtido pela contagem das espigas que apresentavam a ponta não coberta por palha, em cada parcela, na ocasião da colheita. O número de dias para o florescimento (FLOR) foi obtido pela quantificação do período compreendido entre o plantio e a liberação dos estilos de 50% das plantas da fileira.

Quanto ao peso de 100 grãos (P100), foram pesados, em balança com duas casas decimais, 100 grãos tomados aleatoriamente de plantas distintas de cada parcela (Lira, 1983). A capacidade de expansão foi determinada em laboratório, de acordo com o método recomendado por Andrade et al. (2002) e Pacheco et al. (1998), utilizando-se de pipoqueira elétrica adquirida da EMBRAPA - Instrumentação Agropecuária. Foi avaliada pela relação mL.g^{-1} , ou seja, volume de pipoca em uma proveta de 2000 L em relação à massa de 30 g de grãos submetidos ao pipocamento, com duas repetições para cada parcela, empregando-se temperatura de 270°C , com tempo de pipocamento de 2,5 minutos.

3.4. Análise Estatística

Os dados das características foram submetidos à análise de variância de acordo com o modelo estatístico $Y_{ijkl} = \mu + A_i + S_j + AS_{ij} + R/AS_{ijk} + F/S_{jl} + AF/S_{ijl} + \xi_{ijkl}$, 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_{ijk} é o efeito da k-ésima repetição dentro da interação entre o i-ésimo ambiente e o j-ésimo “set”, F/S_{jl} é o efeito aleatório da i-ésima família dentro do j-ésimo “set”, AF/S_{ijl} é o efeito da interação de ambientes e famílias dentro do j-ésimo “set”, e ξ_{ijkl} é o erro experimental.

As esperanças dos quadrados médios das fontes de variação relativas ao modelo estatístico usado estão presentes na Tabela 1. As fontes de variação, com exceção de ambiente, foram consideradas de natureza aleatória.

Tabela 1 – Análise de variância e esperança de quadrados médios

FV	GL	E (QM) ^{1/}
Ambientes (A)	a – 1	$\sigma^2 + fr\theta\sigma_{AS}^2 + f\theta\sigma_{R/AS}^2 + r\theta\sigma_{AF/S}^2 + fsr\Phi_A$
Sets (S)	s – 1	$\sigma^2 + ar\sigma_{F/S}^2 + far\sigma_S^2$
A x S	(a – 1) (s – 1)	$\sigma^2 + r\theta\sigma_{AF/S}^2 + f\theta\sigma_{R/AS}^2 + fr\sigma_{AS}^2$
Repetições (R) / A x S	as (r – 1)	$\sigma^2 + f\theta\sigma_{R/AS}^2$
Famílias (F) / S	s (f – 1)	$\sigma^2 + ar\sigma_{F/S}^2$
A x F / S	s (f – 1) (a – 1)	$\sigma^2 + r\theta\sigma_{AF/S}^2$
Erro	as (f – 1) (r – 1)	σ^2
Total	afrs - 1	

$$^{1/} \theta = \frac{a}{a-1} ; \quad \Phi_A = \frac{\sum A_i^2}{a-1}$$

Na análise estatística utilizou-se o programa SAS (1995), onde foi obtida a análise de variância, matriz do erro e matriz de tratamento para essa análise. O seguinte editor foi utilizado:

data conjunta;

```

input amb set rep fic ne ed ep pe pg ce p100 flor ap ae np npq npa emp;
cards;
proc glm;
class amb set rep fic;
model ne ed ep pe pg ce p100 flor ap ae np npq npa emp = amb set
amb*set rep(amb*set) fic(set) fic*amb(set) / ss3 solution;
manova h = amb set amb*set rep(amb*set) fic(set) fic*amb(set) / printh
printe;
run;

```

As matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas foram obtidas a partir das matrizes das somas de quadrados dos erros e de tratamentos analisados por meio do 'comando' MANOVA do editor do SAS (1995). Para obter a matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas foi feita à divisão da matriz dos tratamentos pelo número de repetições; já, para a obtenção da matriz de variâncias e covariâncias genotípicas, subtraiu-se a matriz do tratamento pela matriz do erro. A seguir, os valores estimados foram divididos pelo número de repetição, multiplicando-se, a seguir, pelo número de ambiente.

3.4.1. Estimadores de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos

3.4.1.1. Estimadores das Variâncias Fenotípica (σ_f^2), Genotípica (σ_g^2), residual (σ_r^2), da Herdabilidade (h^2), do Coeficiente de Variação Genético (CV_g) e da Razão CV_g/CV_e

De posse das esperanças de quadrados médios, contidas na Tabela 1, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância. O estimador da variância genotípica entre famílias foi expresso por:

$$\sigma_g^2 = \frac{QM_F - QM_R}{ra},$$

em que:

QM_F = quadrado médio de famílias dentro de 'sets';

QM_R = quadrado médio do resíduo;

r = número de repetição; e

a = número de ambiente.

O estimador da variância residual entre famílias foi expresso por:

$$\sigma_r^2 = \frac{QM_R}{ra}$$

em que:

QM_R = quadrado médio do resíduo;

r = número de repetição; e

a = número de ambiente.

A herdabilidade com base na média de famílias foi estimada pela expressão:

$$h_x^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2},$$

sendo $\sigma_f^2 = \frac{QM_F}{ra}$ o estimador da variância fenotípica entre famílias.

$$\text{Coeficiente de variação genético: } CV_g (\%) = \left(100 \cdot \sqrt{\hat{\sigma}_g^2 / \bar{x}}\right);$$

$$\text{Índice de variação: } I_v (\%) = 100(CV_g / CV_e)$$

3.4.1.2. Estimadores das Correlações Entre Pares de Características

As seguintes expressões foram utilizadas para o cálculo dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e ambiental (r_A) entre os pares de características (Cruz et al., 2004):

$$r_f = \frac{COV_{f(X,Y)}}{\sqrt{(\sigma_{fX}^2 \cdot \sigma_{fY}^2)}}$$

$$r_G = \frac{COV_{G(X,Y)}}{\sqrt{(\sigma_{GX}^2 \cdot \sigma_{GY}^2)}}$$

$$r_A = \frac{COV_{A(X,Y)}}{\sqrt{(\sigma^2_{AX} \cdot \sigma^2_{AY})}}$$

em que:

$COV_{F(X,Y)}$, $COV_{G(X,Y)}$ e $COV_{A(X,Y)}$ correspondem, respectivamente, às estimativas das covariâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre as características x e y;

σ^2_{FX} , σ^2_{GX} , σ^2_{AX} , correspondem às estimativas das variâncias fenotípica, genotípica e de ambiente da característica X; e

σ^2_{FY} , σ^2_{GY} e σ^2_{AY} , correspondem às variâncias fenotípica, genotípica e de ambiente da característica Y.

A significância dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e de ambiente foi avaliada pelo teste t, em 5% e 1% de probabilidade (Cruz e Regazzi, 2003). Para a obtenção das variâncias e covariâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente utilizou-se os recursos computacionais do programa SAS (1995).

3.4.2. Decomposição da Interação em Parte Complexa

A decomposição da interação em parte complexa foi realizada segundo Cruz e Castoldi (1991). A decomposição proposta por Cruz e Castoldi (1991) estabelece que a parte complexa seja obtida pela expressão: $C = \sqrt{(1-r)^3} \sqrt{Q_1 Q_2}$, sendo Q_1 e Q_2 os quadrados médios de famílias nos ambientes 1 e 2, respectivamente, e r a correlação entre as médias de famílias nos dois ambientes.

3.4.3. Estimativa dos Ganhos Por Meio de Índices de Seleção

A predição dos ganhos por índices de seleção foi fundamentada em ideótipo, ou genótipo ideal. Procurou-se obter, na seleção de famílias mais produtivas e com maior capacidade de expansão, também a redução nas médias de: número de plantas quebradas, número de plantas acamadas, número de espigas mal empalhadas, número de espigas atacadas por pragas e doenças. As estimativas da predição dos ganhos por seleção, utilizando índices de seleção, foram realizadas com base nas médias dos dois ambientes estudados, Campos

dos Goytacazes e Itaocara. Para a realização das análises estatísticas utilizaram-se os recursos computacionais do Programa Genes (Cruz, 2006).

3.4.3.1. Índice de Smith (1936) e Hazel (1943)

Esse índice de seleção foi concebido como uma função linear dos valores fenotípicos observados nas várias características. O valor observado de cada característica é ponderado por um dos coeficientes do índice (Baker, 1986; Cruz et al., 2004), obtendo-se o seguinte agregado fenotípico:

$$I = b_1 P_1 + \dots + b_i P_i + b_n P_n,$$

em que:

I = índice de seleção;

b_i = o peso atribuído à característica P_i no índice de seleção; e

n = número de características avaliadas.

O valor genético total é representado por uma combinação linear dos valores genéticos de cada característica, ponderados por pesos econômicos conhecidos, definidos pelo pesquisador (Baker, 1986; Marques, 2000). Essa combinação linear é designada do agregado genotípico:

$$W = a_1 G_1 + a_i G_i + \dots + a_n G_n,$$

em que:

W = valor genético ou agregado genotípico;

a_i = peso econômico atribuído ao valor genético G_i de cada característica; e

n = número de características avaliadas.

A variação no agregado genotípico, devida ao uso do índice de seleção, é (Baker, 1986):

$$\Delta W = (W_s - W_o) = b_w (I_s - I_o), \quad (1)$$

em que:

ΔW = variação esperada no valor genotípico;

W_s = valor genotípico dos indivíduos selecionados;

W_o = valor genotípico da população original;

b_w = coeficiente de regressão linear;

I_s = valor do índice de seleção nos indivíduos selecionados; e

I_o = valor do índice de seleção da população original.

A expressão (1) pode ser apresentada da seguinte forma:

$$\Delta W = (\text{Cov}(W, I)) / V(I) * (I_s - I_o), \quad (2)$$

em que:

$\text{Cov}(W, I)$ = covariância entre o valor genético e o índice; e

$V(I)$ = variância do índice.

Se a variação for expressa em unidades de desvio padrão, tem-se a expressão (Baker, 1986):

$$\Delta W / \sigma_w = (I_s - I_o) \sigma_{w, I} / (\sigma_I * \sigma_w, \sigma_I) = (I_s - I) / \sigma_I r_{WI}, \quad (3)$$

em que:

σ_w = desvio-padrão do agregado genotípico;

σ_I = desvio-padrão do índice de seleção;

σ_w, σ_I = covariância entre o valor genotípico e o índice de seleção; e

r_{WI} = coeficiente de correlação entre o valor genotípico e o índice de seleção.

Como o diferencial de seleção expresso em unidades de desvio-padrão fenotípico depende da intensidade de seleção, para maximizar a expressão (3) são necessários coeficientes do índice de seleção que maximizem a correlação. Smith (1936), citado por Baker (1986), demonstrou que a solução do seguinte sistema de equações na forma matricial é a que maximiza o coeficiente de correlação:

$$Pb = Ga,$$

em que:

P = matriz n por n das variâncias e covariâncias fenotípicas;

b = vetor n x 1 de coeficientes do índice clássico, a ser determinado;

G = matriz n por n das variâncias e covariâncias genotípicas; e

a = vetor n x 1 dos pesos econômicos atribuídos aos valores genéticos.

Com a resolução em ordem a b, obtém-se: $b = P^{-1} Ga$, que permite obter os coeficientes do Índice Clássico.

3.4.3.2. Índice Clássico de Mulamba e Mock (1978)

O índice de Mulamba e Mock (1978) hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Por fim, os valores atribuídos a cada característica são somados, obtendo-se a soma dos “ranks”, que assinala a classificação dos genótipos (Cruz et al., 2004).

3.3.4.4.3. Índice de Pesek e Baker (1969)

Os pesos econômicos constituem uma das dificuldades da aplicação do Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e por essa razão foi proposto por Pesek e Baker, em 1969, um índice de seleção baseado nos ganhos desejados, os quais são mais fáceis de definir. Segundo Cruz et al. (2004), a partir da expressão fornecida pelo Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), obtém-se a expressão dos ganhos esperados:

$$\Delta g = Gb_1 / \sigma_1,$$

em que:

Δg = vetor de ganhos esperados;

G = matriz das variâncias e covariâncias genotípicas;

b_1 = vetor n x 1 de coeficientes do índice;

i = intensidade de seleção; e
 σ_I = desvio-padrão do índice.

Por substituição do vetor dos ganhos esperados por um vetor com os ganhos desejados, Δg_d , é possível estimar o vetor b dos coeficientes do índice:

$$b = G^{-1} \Delta g_d \sigma_I / i,$$

em que:

σ_I / i = um escalar que não influi na proporcionalidade dos coeficientes e pode ser eliminado.

3.3.4.4.4. Índice de Williams (1962)

Este índice de seleção, em geral denominado Índice Base, é uma combinação linear das características de interesse no melhoramento, em que os pesos econômicos são os coeficientes de ponderação do índice, o que dispensa o uso de matrizes de variância e covariâncias (Baker, 1986; Cruz et al. 2004).

Representa-se do seguinte modo:

$$I = a_1 x_1 + a_2 x_2 + \dots + a_n x_n = a' X,$$

em que:

I = índice de seleção;

a_i = peso econômico atribuído à característica i , $i = 1, \dots, n$;

a' = vetor dos pesos econômicos;

x_i = média da característica i , $i = 1, \dots, n$; e

X = vetor de médias das n características que entram no índice.

No presente trabalho, foram usados como ganhos desejados o coeficiente de variação genético, o desvio-padrão genético, a razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental, a herdabilidade e os pesos econômicos obtidos aleatoriamente por tentativas, quais sejam: 1, 10, 20, 1, 100, 100, 1, 1, 1, 1, 1, 15, 25 e 15.

3.5. Recombinação das Progenies Selecionadas

Para a recombinação e formação da população a ser submetida a novo ciclo de seleção, utilizaram-se as sementes remanescentes das famílias de irmãos completos selecionadas, com base no índice de seleção.

O início da recombinação ocorreu com o plantio de 30 progenies de irmãos completos, correspondentes aos progenitores selecionados das melhores famílias de irmãos completos, os quais formaram o quarto ciclo de recombinação. O plantio foi realizado na Escola Estadual Agrícola Antônio Sarlo. As linhas foram dispostas em fileiras de seis metros de comprimento, espaçadas em 1,00 metro uma da outra, com 15 plantas distanciadas em 0,40 m entre si. Todos os tratos culturais foram realizados conforme a necessidade da cultura (Sawazaki, 2001).

Aos sessenta dias após o plantio, realizou-se a recombinação das famílias selecionadas. Para tanto, as espigas foram cobertas antes de soltar os estilo-estigmas, utilizando-se sacolas de plásticos. Os pendões foram cobertos assim que as espigas apresentaram a emergência do estigma.

O seguinte esquema foi utilizado para a recombinação: havendo espigas aptas, ou seja, espigas com emissão do estigma, que poderiam ser polinizadas, os pendões que se encontraram na fase inicial de liberação de grãos de pólen foram, então, cobertos, isso quando os pendões se encontravam com 1/3 ou menos das anteras abertas. No dia seguinte, colheram-se os grãos de pólen de todos os pendões previamente preparados, que foram misturados, formando, assim, uma única amostra. Essa amostra de grãos de pólen foi, então, utilizada para polinizar todas as espigas receptivas, com exceção daquelas cujas plantas forneceram os grãos de pólen.

Em cada fileira foram polinizadas no mínimo seis espigas. Após a maturação da semente, foram obtidas 180 espigas recombinadas. Dessas, foram usadas cinco por fileira, totalizando 150 espigas. Com a mistura dessas 150 espigas, se constituiu a população que deu origem ao quarto ciclo de seleção recorrente de UNB-2U, qual seja: UNB-2U C4.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise de Variância

Encontram-se na Tabela 2 as estimativas dos valores e as significâncias dos quadrados médios, bem como as médias e os coeficientes percentuais de variação experimental para as progênies do quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de famílias de irmãos completos em milho pipoca em dois ambientes, Campos dos Goytacazes e Itaocara.

Pode-se verificar que apenas não houve efeito significativo de ambiente (A) para AP e NP, o que demonstra que para as características NE, ED, EP, PE, RG, CE, P100, FLOR, AE, NPQ, NPA e EMP há distinção de comportamento dos genótipos entre os ambientes avaliados. Avaliando-se a característica capacidade de expansão, nota-se que houve efeito significativo de ambiente (Tabela 2). Outros autores analisando a capacidade de expansão (CE) verificaram essa significância. Vendruscolo et al. (2001), por exemplo, avaliando quinze genótipos (variedades e híbridos inter-varietais), em quinze ambientes na região Centro-Sul do Brasil, constataram influência do ambiente sobre a capacidade de expansão. Tal característica tem sido citada ser fortemente influenciada pelo ambiente, contribuindo para a suposição de herança quantitativa, conforme inicialmente sugerido por Brunson (1937) e Lima et al. (1971). Nesse contexto, Alexander e Creech (1977) concordam que a capacidade de expansão é uma característica poligênica, porém, sujeita a baixa influência ambiental. A influência do ambiente

Tabela 2 – Quadrados médios, médias e coeficientes de variação experimental de quatorze características avaliadas em dois ambientes, em progênies do quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de famílias de irmãos completos em milho pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

FV	GL	QM ^{1/}						
		NE	ED	EP	PE	RG	CE	P100
Ambiente (A)	1	2132,2099**	325,0227**	136,0115**	371911525,0000**	22242737,5000**	28,54567*	4443,0319**
Set (S)	7	61,9503**	9,8529 ^{ns}	4,8247 ^{ns}	2236207,6000**	956764,5000**	40,0827**	14,4006**
A x S	7	73,9664**	12,6212 ^{ns}	5,3528 ^{ns}	2062223,9000**	1225771,7000**	5,2867 ^{ns}	2,9809*
Rep (R) /A x S	16	100,7707**	14,0621*	6,1546 ^{ns}	1782337,5000**	1499974,0000**	10,8446**	13,5611**
Família (F)/ S	192	44,9841**	10,3142*	4,9538*	7080099,8000**	532241,0000**	43,6911**	5,1814**
A x F/ S	192	26,3195*	8,7951 ^{ns}	4,9086*	508407,6000**	368325,1000**	12,5215**	2,3907**
Resíduo	383	20,6975	7,7937	3,8068	319199,2000	229460,4000	4,2850	1,3470
Média		27,66	3,2912	3,25	2971,48	2393,98	25,06	12,0212
CVe (%)		16,68	84,82	59,94	19,01	20,00	8,26	9,6547

^{1/} NE = número médio de espigas, ED = número médio de espigas doentes, EP = número médio de espigas com pragas, PE = peso médio de espigas com grãos, RG = rendimento de grãos, CE = capacidade de expansão, P100 = peso médio de cem grãos. ^{ns} = Não significativo no nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F; * = Significativo no nível de 5% de probabilidade; e ** = Significativo no nível de 1% de probabilidade.

Continua

Tabela 2 – Continuação.

FV	GL	QM ^{1/}						
		FLOR	AP	AE	NP	NPQ	NPA	EMP
Ambiente (A)	1	371,6770**	0,0333 ^{ns}	6,9638**	0,6787 ^{ns}	14420,9467**	359,35**	124,2660**
Set (S)	7	23,4988**	0,0483*	0,0489**	6,2781 ^{ns}	27,8719**	3,4615 ^{ns}	9,9749**
A x S	7	25,0009**	0,0574**	0,0285 ^{ns}	17,3892**	22,4223*	1,9651 ^{ns}	7,7351**
Rep (R) / A x S	16	10,6164**	0,1323**	0,0611**	27,5411**	91,1240**	12,2484**	5,0351**
Família (F) / S	192	13,6274**	0,0463**	0,0249**	7,6780**	17,3906**	4,2317**	4,1951**
A x F / S	192	6,5958*	0,0175 ^{ns}	0,0185 ^{ns}	5,4388 ^{ns}	15,5276**	3,0191**	3,1914**
Resíduo	383	5,1805	0,0182	0,0165	5,2606	10,0770	2,1658	2,1042
Médio		57,64	1,95	1,22	22,94	5,83	1,11	1,99
Cve (%)		3,94	6,91	10,52	9,99	54,15	131,69	72,75

^{1/} FLOR = dias para florescimento, AP = altura média de planta, AE = altura média de espiga, NP = estande final, NPQ = número médio de plantas quebradas, NPA = número médio de plantas acamadas, EMP = número médio de espigas mal empalhadas. ^{ns} = Não significativo no nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F; * = Significativo no nível de 5% de probabilidade; e ** = Significativo no nível de 1% de probabilidade.

na capacidade de expansão do milho pipoca é justificada pelo fato de que nem todos os genes que contribuem para dureza do endosperma também contribuem para a capacidade de expansão dos grãos (Robbins e Ashman, 1984; Linares, 1987).

As características NE, PE, RG, CE, P100, FLOR, AP, AE, NPQ e EMP revelaram diferenças significativas para 'sets' (Tabela 2). Desse modo, demonstra-se a eficiência e a necessidade do uso de delineamento em blocos com divisão em 'sets'. Prevê-se que a ausência dessa divisão produziria variações que poderiam resultar em perda de precisão dos experimentos.

Avaliando-se a fonte de variação ambiente x 'set' (A x S), nota-se que as características NE, PE, PG, P100, FLOR, AP, NP, NPQ e EMP revelaram diferenças significativas (Tabela 2), denotando que os genótipos aleatoriamente distribuídos nos 'sets' exibiram modificações fenotípicas impulsionadas pelas mudanças edafoclimáticas dos ambientes.

Todas as características avaliadas apresentaram significância para a fonte de variação F/set (Tabela 2), o que demonstra haver variabilidade genética a ser explorada em ciclos futuros, possibilitando progressos com a seleção. Além disso, indica que o objetivo de melhoramento da população sem perda da variabilidade genética pela seleção recorrente foi alcançado também na população de quarto ciclo de seleção recorrente em famílias de irmãos completos.

Avaliando-se a característica número de plantas (Tabela 2), verifica-se a ocorrência de significância para a fonte de variação F/set em 1% de probabilidade, pelo teste F. A ocorrência de falhas de plantas nas parcelas, causando variações no número de plantas, é um problema que ocorre com freqüência em experimentos realizados a campo, dificultando a comparação entre tratamentos, pois reduz a confiabilidade das análises biométricas, dos testes de hipóteses e das comparações entre médias de tratamentos. Nesse experimento, o número de plantas foi de 12 a 28 plantas por parcela; no entanto, a correção para NP não foi realizada por não ser um procedimento adequado para o presente conjunto de dados. Deste modo, esta significância pode ser devido a causas genéticas e não ambientais, pois, conforme a Tabela 2, essa característica não apresentou significância para a fonte de variação ambiente.

A presença de valor significativo para a interação ambiente x família dentro de 'set' (A X F / S), para as características NE, EP, PE, RG, CE, P100, FLOR,

NPQ, NPA e EMP, evidencia que as famílias de irmãos completos não mantiveram o mesmo comportamento fenotípico para tais características nos dois ambientes. Essa significância na interação ambientes x famílias dentro de 'set' não impede a implementação de um único programa de melhoramento para as duas localidades, uma vez que Ferrão (1985), Daros et al. (2004 a), Santos (2005) e Tardin (2006) também encontraram interações significativas para ambiente x família dentro de 'set' e concluíram que o que importa para a seleção é a expressão das médias fenotípicas das famílias em ambos os ambientes. Neste sentido, um teste de agrupamentos de médias foi realizado e notou-se que as famílias apresentaram médias elevadas, principalmente as famílias selecionadas (Tabelas 13 e 14 contidas em Apêndices). Desse modo, a obtenção de ganhos por seleção é possível, sobretudo com a utilização da potencialidade de índices de seleção.

A avaliação da precisão experimental dos resultados de um ensaio de competição de cultivares, bem como de outros ensaios, é importante para a validação das conclusões obtidas. O coeficiente de variação experimental (CVe) constituiu-se numa estimativa do erro experimental, em relação a média geral do ensaio, e é uma estatística muito utilizada como medida de avaliação da qualidade experimental. Considera-se que quanto menor for o coeficiente de variação experimental maior será a precisão do experimento, e quanto maior a precisão experimental, menores diferenças entre as estimativas serão significativas. Cargnelutti Filho e Storck (2007) avaliando estatísticas de precisão experimental, concluíram que o coeficiente de variação experimental e a diferença mínima significativa, pelo teste tukey expresso em porcentagem da média, estão associados à média e à variância residual e são estatísticas adequadas para a classificação de experimentos com médias semelhantes.

De acordo com Gomes (1990), os coeficientes de variação (CV_e) encontrados em ensaios agrícolas de campo podem ser considerados baixos, quando inferiores a 10%; médios, quando variam de 10% a 20%; altos, quando se estendem de 20% a 30% e muito altos, quando superiores a 30%. Embora a classificação de Gomes (1990) seja extensivamente utilizada, Garcia (1989) enfatiza que tal classificação é muito abrangente, não levando em consideração as particularidades da cultura estudada e, principalmente, não faz distinção entre a natureza da característica avaliada.

De acordo com a classificação proposta por Scapim et al. (1995), a maioria das características avaliadas no presente trabalho revelou baixo a médio CV_e (%), conforme Tabela 2. Neste experimento, houve valores de coeficientes de variação oscilando de 3,94% para FLOR, a 131,69% para NPA, embora a maioria (nove) das características revelaram valores variando entre 3,94% e 20,00%. Neste rol estão as principais características para o melhoramento da cultura, exemplificando-se, rendimento de grãos, com 20,00%; peso de cem grãos, com 9,65%; e capacidade de expansão com 8,26%. Os maiores valores do coeficiente de variação foram expressos para as características número de plantas acamadas, número de espigas doentes, número de espigas mal empalhadas, número de espigas com pragas e número de plantas quebradas, com magnitudes percentuais respectivas de 131,59%, 84,82%, 72,75%, 59,94% e 54,15%. Isso denota a maior sensibilidade dessas características em relação à influência ambiental.

Trabalhando com milho comum, Gabriel (2006) encontrou CV_e (%) elevados para NPA, ED, EP, NPQ e EMP. Coimbra (2000), também trabalhando com milho comum, encontrou magnitudes de CV_e (%) muito altas para as características proporção de plantas quebradas, proporção de plantas acamadas, proporção de espigas doentes e empalhamento. Por sua vez, Marques (2000), em milho pipoca, obteve CV_e (%) alto para a característica altura de planta, médio para altura de espiga, número de espiga, prolificidade e peso de grãos; e baixo para capacidade de expansão.

Pacheco et al. (1998) obtiveram valores de CV_e (%) para porcentagem de plantas acamadas e quebradas, de 156,40% e 50,50%, respectivamente, para a população de milho pipoca CMS-42. Para a população CMS-43, também de milho pipoca, os valores respectivos do CV_e (%) para porcentagem de plantas acamadas e plantas quebradas foram de 143,80% e 59,30%. Arnhold (2004), em estudo de seleção recorrente com milho pipoca também obteve valores elevados de CV_e (%) para as características número de espigas mal empalhadas e proporção de plantas acamadas.

Daros et al. (2004 a), analisando progênies S_1 para a confecção do segundo ciclo de seleção recorrente em UNB-2U, constataram valor baixo de CV_e (%) para número de plantas; médio, para capacidade de expansão; alto, para número de espigas saudáveis; e muito altos para número de espigas doentes,

número de plantas quebradas, número de espigas mal empalhadas e produção. Nesse contexto, Santos (2005), analisando famílias de irmãos completos para a obtenção do terceiro ciclo de seleção recorrente de UNB-2U, constatou valores elevados de CV_e (%) para número de espigas doentes, números de espigas com pragas, número de plantas quebradas, número de espigas mal empalhadas e produção. Isso, de certa forma, corrobora a suscetibilidade das mencionadas características quanto à influência do ambiente.

4.2. Estimativas das Interações Complexas

A existência de respostas diferenciadas de genótipos às variações ambientais tem sido freqüentemente constatada. Essa interação, além de influenciar os ganhos genéticos, dificulta a recomendação para mais de um ambiente. Neste sentido, realizou-se a predição das estimativas das interações complexas (% C), no quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional, pois, conforme Tabela 2, foi constatada interação significativa na fonte de variação A X F / S para as características NE, EP, PE, RG, CE, P100, FLOR, NPQ, NPA e EMP.

Avaliando-se a Tabela 3, nota-se que a maioria das características revelou interação complexa abaixo de 20%; apenas as características ND (20,23%), NP (33,57%) e EME (21,66%) apresentaram valores acima de 20%. Estes resultados evidenciam a superioridade da interação simples em relação à complexa, pois todas as características apresentaram interações complexas abaixo de 50% (Tabela 3).

Cruz e Castoldi (1991), ao avaliarem a natureza da interação genótipos x ambientes para 14 características, em 19 cultivares de feijão, propuseram uma nova decomposição do quadrado médio da interação para a parte complexa, sendo esta empregada no presente trabalho. Os autores concluíram que as características número de dias para floração, peso médio de 100 sementes, número médio de nós e número médio de sementes por vagem apresentaram valores da interação tipo complexa abaixo de 50%, indicando predominância da interação do tipo simples.

Os resultados obtidos comprovam que a maior parte da interação foi do tipo simples. Desse modo, depreende-se que as diferenças de ambiente não

foram suficientemente consideráveis para o estabelecimento de programas de melhoramento próprios para cada ambiente. Nesse sentido, um único programa de seleção recorrente para o Norte e Noroeste Fluminense poderá promover o acúmulo de alelos favoráveis na população em seleção, o que implica em economia de tempo, esforço e recurso.

Tabela 3 – Estimativas das Interações Complexas (% C), no quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em famílias de irmãos completos em milho pipoca de UNB-2U. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

Características ^{1/}	Estimativas absolutas das Interações complexas	Estimativas percentuais das Interações complexas
NE	2,6955	10,2417
ED	1,7793	20,2308
EP	1,6481	33,5700
PE	97391,1807	19,1561
RG	68333,6478	18,5525
CE	1,8863	15,0646
P100	0,3293	13,7779
FLOR	0,7619	11,5528
AP	0,0000	0,0000
AE	0,0004	2,4096
NP	0,0000	0,0000
NPQ	2,1277	13,7033
NPA	0,2828	9,3694
EME	0,6915	21,6697

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grão; RG = rendimento de grãos; CE = capacidade de expansão; P100 = peso médio de 100 grãos; FLOR = número de dias para o florescimento; AP = altura média de plantas; AE = altura média de espigas; NP = estande final; NPQ = número médio de plantas quebradas; NPA = número médio de plantas acamadas; e EME = número médio de espigas mal empalhadas.

4.3. Estimativas das Médias do Limite Inferior e Limite Superior

Na Tabela 4 há as estimativas das médias da população original, das famílias selecionadas, da testemunha – no caso, representada apenas pela variedade BRS ANGELA – do limite inferior e do limite superior das progênes no quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de famílias de irmãos completos em milho pipoca.

Trabalhando com milho pipoca, Pacheco et al. (1998) também se basearam nos limites superiores e inferiores para capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos (RG) para predizer a perspectiva da obtenção de segregantes superiores nas populações CMS-42 e CMS-43, no segundo ciclo de seleção recorrente.

Daros et al. (2004 a) trabalharam na obtenção do segundo ciclo de seleção recorrente da população UNB-2U e concluíram que o limite superior não é um teto, mas um valor a ser acrescido pelo ganho de seleção, devendo ser entendido como um valor máximo detectado em determinado ciclo, que poderá ser inferior ao máximo para o ciclo seguinte e, assim, sucessivamente, com o aumento na frequência de alelos favoráveis na população.

Por sua vez, Santos et al. (2007), trabalhando no terceiro ciclo de seleção recorrente da população UNB-2U, detectaram que os resultados inferiores das testemunhas para a maioria das características avaliadas revelaram uma situação favorável ao melhoramento da população UNB-2U, cujas famílias exibiram um menor índice de doenças, de plantas quebradas, de espigas mal empalhadas, além de revelar maior sincronia no florescimento e na altura de inserção das espigas.

Pelos resultados contidos na Tabela 4, observa-se que, para as principais características – RG e CE – ocorreu grande discrepância entre o limite inferior e superior, em que RG e CE apresentaram um limite inferior de 910 Kg.ha⁻¹ e 11,20 mL.g⁻¹, respectivamente, e respectivos limites superiores de 4.510 Kg.ha⁻¹ e 35,90 mL.g⁻¹, o que é um indicativo da variabilidade genética da população UNB-2U e denota uma condição essencial para a obtenção de segregantes superiores via seleção.

Comparando-se as médias da testemunha com as dos selecionados, nota-se que para a característica RG os selecionados apresentaram uma produtividade

Tabela 4 – Estimativas das médias da população original (\bar{X}_o), das famílias selecionadas (\bar{X}_s), da testemunha (\bar{X}_T), do limite inferior (LI) e do limite superior (LS) das progênies no quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de famílias de irmãos completos em milho pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

Características ^{1/}	\bar{X}_o	\bar{X}_s	\bar{X}_T	LI	LS
NE	27,66	29,05	23,73	10,00	58,00
ED	3,29	2,71	2,93	0,00	21,00
EP	3,25	2,87	4,34	0,00	13,00
PE	2791,48	3383,16	2635,50	910,00	5620,00
RG	2393,98	2772,50	1955,00	670,00	4510,00
CE	25,06	28,00	30,21	11,20	35,90
P100	12,02	12,05	11,83	5,07	21,25
FLOR	57,64	56,84	60,12	52,00	64,00
AP	1,95	1,94	1,88	1,09	2,55
AE	1,22	1,21	1,22	0,86	2,14
NP	22,94	23,56	20,81	12,00	28,00
NPQ	5,83	5,43	6,43	0,00	18,00
NPA	1,11	1,10	0,56	0,00	16,00
EME	1,99	1,81	0,87	0,00	13,00

^{1/} NE = número médio de espigas; ND = número médio de espigas doentes; NP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espiga com grão; RG = rendimento de grãos; CE = capacidade de expansão; P100 = peso médio de 100 grãos; FLOR = número de dias para o florescimento; AP = altura média de plantas; AE= altura média de espiga; NP = estande final; NPQ= número médio de plantas quebradas; NPA = número médio de plantas acamadas; e EME = número médio de espigas mal empalhadas.

média 30% mais elevada que a média da testemunha. Resultados em que as médias dos selecionados foram superiores à testemunha também foram notados para outras características, quais sejam: NE, PE, P100, AP, NP, NPA e EMP. Todavia, apesar dos selecionados apresentarem maior altura de planta, maior número de plantas acamadas e maior número de espigas mal empalhadas, essas

apresentaram médias baixas e não diferiram estatisticamente pelo teste de agrupamento de médias Scott e Knott em nível de 5% de probabilidade em relação à testemunha (Tabelas 13 e 14, contidas em Apêndices).

Para CE, a variedade Angela revelou-se 7,31% maior quando comparada com a média dos selecionados. Essa diferença é muito pequena, visto que a variedade BRS ANGELA já é um material lançado pela Embrapa-Milho e Sorgo (Pacheco et al., 1998). Outras características que detiveram médias da testemunha inferiores às dos selecionados foram: ED, EP, FLOR e NPQ. Deve-se ressaltar que, nesses casos, os resultados inferiores das testemunhas revelam uma situação favorável ao melhoramento, pois as famílias tendem a exibir menor índice de doenças, menor índice de espiga atacada por pragas, bem como menor número de plantas quebradas e maior sincronia no florescimento.

Isso posto, ganhos ainda mais expressivos são esperados em futuros ciclos, o que está em concordância com o princípio da seleção recorrente, que preconiza concentração de alelos favoráveis com o passar dos ciclos. Em específico a RG, a perspectiva de progresso futuro é ratificada pelo fato da média das famílias selecionadas ter sido superior à média da testemunha, conforme Tabela 4.

4.4. Estimativas de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos

Encontram-se na Tabela 5 as estimativas da variância fenotípica (σ_f^2), variância genotípica (σ_g^2), variância residual (σ_r^2), herdabilidade com base na média de famílias (h_x^2), coeficiente de variação genético (CV_g) e índice de variação (I_V) para quatorze características avaliadas no quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em famílias de irmãos completos em milho pipoca de UNB-2U, em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

Constatam-se grandes possibilidades de identificação de genótipos superiores para as características de maiores interesses econômicos, RG e CE, por apresentarem ampla variância genotípica (σ_g^2), e valores elevados de herdabilidade, com percentuais de 58,88% e 90,19%, respectivamente. Para essas características, métodos simples de seleção seriam suficientes para se obterem ganhos satisfatórios. Esta superioridade da herdabilidade para CE, em

relação a RG era esperada ocorrer, o que está em concordância com os resultados obtidos por Pereira e Amaral Júnior (2001), usando o Delineamento I de Comstock e Robison (1948), na população-base e Santos et al. (2007), trabalhando no terceiro ciclo de seleção recorrente de famílias de meios-irmãos.

Tabela 5 – Estimativas da variância fenotípica (σ_f^2), variância genotípica (σ_g^2), variância residual (σ_r^2), herdabilidade com base na média de famílias (h_x^2), coeficiente de variação genético (CV_g) e índice de variação (I_v) no quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em famílias de irmãos completos em milho pipoca de UNB-2U. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

Características	σ_f^2	σ_g^2	σ_r^2	h_x^2	CV_g	I_v
NE	11,2460	6,0716	5,1743	53,98	8,90	0,5335
ED	2,5786	0,6301	1,4842	24,45	24,11	0,2842
EP	1,2384	0,2867	0,9517	23,15	16,47	0,2747
PE	1770024,9500	1690225,1500	79799,8000	95,49	43,75	2,3014
RG	133060,2500	75695,1500	57365,1000	56,88	11,49	0,5745
CE	10,9227	9,8515	1,0712	90,19	12,52	1,5157
P100	1,2953	0,9586	0,3367	74,00	8,14	0,8435
FLOR	3,4068	2,1117	1,2951	61,98	2,52	0,6395
AP	0,0115	0,007	0,0045	60,86	4,29	0,6208
AE	0,0062	0,0021	0,0041	33,87	3,75	0,3564
NP	1,9195	0,6043	1,3151	31,48	3,38	0,3338
NPQ	4,3476	1,8284	2,5192	42,05	23,19	0,4282
NPA	1,0579	0,5164	0,5414	48,82	64,73	0,4915
EME	1,0487	0,5227	0,5260	52,27	36,33	0,4993

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grão; RG = rendimento de grãos; CE = capacidade de expansão; P100 = peso médio de 100 grãos; FLOR = número de dias para o florescimento; AP = altura média de plantas; AE = altura média de espigas; NP = estande final; NPQ = número médio de plantas quebradas; NPA = número médio de plantas acamadas; e EME = número médio de espigas mal empalhadas.

Linares (1987), trabalhando com famílias de meios-irmãos em milho pipoca, obteve valores de herdabilidade para característica RG de 15,72% na variedade Pirapoca e de 7,49% para o Composto N. No presente estudo, a magnitude de herdabilidade para RG foi de 58,88%, portanto, bem superior aos obtidos por Linares (1987).

Pacheco et al. (1998) obtiveram estimativas de 60% para a herdabilidade da CE do milho pipoca CMS43, no segundo ciclo de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos. Marques (2000), por sua vez, estimou valores de herdabilidade para RG e CE de 18,72% e 6,39%, respectivamente, em famílias de meios-irmãos em milho pipoca. Daros et al. (2002) conseguiram valores de herdabilidade para RG e CE de 57,48% e 77,75%, respectivamente, em famílias de irmãos completos na população UNB-2U, no primeiro ciclo de seleção recorrente. No segundo ciclo de seleção recorrente, com famílias endogâmicas, Daros et al. (2004 a) estimaram valores de herdabilidade para CE e RG de 44,62% e 64,56%, respectivamente. Para o terceiro ciclo, Santos et al. (2007) obtiveram valores de herdabilidade para RG e CE de 50,17% e 68,41%, respectivamente, em famílias de meios-irmãos da população UNB-2U.

Nota-se, pois, um aumento significativo da herdabilidade na seqüência dos ciclos, o que é um indicativo de acúmulo de alelos favoráveis na população, ratificando a seleção recorrente como um método eficiente de melhoramento.

A herdabilidade expressa a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético, ou o grau de correspondência entre valor fenotípico e valor genético, ou seja, revela a confiabilidade do valor fenotípico mensurado em prever o verdadeiro valor genotípico (Falconer, 1987). Assim, pode-se saber se as diferenças detectadas são de natureza genética e se a seleção proporcionará ganhos em programas de melhoramento genético. Nesse sentido, resultados alvissareiros são esperados, vez que a população apresenta elevada herdabilidade para a maioria das características (Tabela 5).

Estimativas do coeficiente de variação genético (CV_g) permitem ao melhorista ter uma noção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção, ao longo de um programa de melhoramento. Pode-se observar na Tabela 5 que, de maneira geral, as características apresentaram elevados valores de CV_g , destacando-se ED, EP, PE, RG, CE, NPQ, NPA e EME, o que indica boas chances de sucesso em programas de melhoramento que

utilizem essa população, visando a seleção para essas características. Coimbra et al. (2002), trabalhando com milho pipoca, também obtiveram valores elevados para CV_g para as principais características econômicas, CE e RG.

Para se ter uma idéia real da situação de cada característica visando ao melhoramento, é importante analisar a relação CV_g/CV_e , conhecida como índice de variação. As características CE e PE expressaram $I_v \geq 1$, indicando que se tratam de características que contemplam situações mais favoráveis ao melhoramento e métodos simples de seleção seriam suficientes para se obterem ganhos satisfatórios. Todavia, as características NE, RG, P100, FLOR e AP, com valores de I_v de 0,5335; 0,5745; 0,8435; 0,6395 e 0,6208; respectivamente, podem proporcionar ganhos satisfatórios em gerações avançadas, vez que a menor magnitude do I_v suplantou o valor de 0,5. Por outro lado, ED, EP, AE, NP, NPQ, NPA e EME, com valores de I_v inferiores a 0,5 são menos promissoras para obtenção de ganhos nos processos seletivos.

Uma análise que merece destaque é que a relação entre σ^2_r e σ^2_F para CE e RG não expressou valores discrepantes, sendo 0,3923 para CE e 1,7244 para RG. Isso consubstancia que o ambiente não será empecilho para obtenção de segregantes com superioridade genotípica para capacidade de expansão e produção de grãos em gerações futuras, o que implica em economia de tempo, esforço e recurso, e será de grande importância para atendimento do mercado consumidor e produtor de grãos do Norte e Noroeste Fluminense.

4.5. Avaliação da Evolução dos Ciclos

Ao se comparar a evolução das médias obtidas para CE e RG nos ciclos C0, C1, C2, C3 e predita para C4 (Tabela 6), observa-se que houve aumento crescente tanto para CE quanto para RG, conforme Figuras 1 e 2. Este aumento linear também foi constatado por Santos (2005), onde o autor afirmou que com a mudança da estratégia de seleção de famílias endogâmicas para seleção entre famílias de meios-irmãos, os ganhos para capacidade de expansão permaneceram satisfatórios e o aumento no rendimento de grãos retomou os ganhos desejáveis, possivelmente devido à recuperação do vigor híbrido na geração de recombinação. Resultados idênticos foram alcançados no presente trabalho, onde se constatou que a mudança da estratégia de melhoramento, para

seleção entre famílias de irmãos completos, os ganhos para rendimento de grãos continuaram crescentes e os ganhos para capacidade de expansão permanecem satisfatórios.

Tabela 6 – Estimativas de médias de capacidade de expansão (mL.g^{-1}) e rendimento de grãos (Kg.ha^{-1}) obtidas para os ciclos C0, C1, C2, C3 e previstas para C4, na população UNB-2U, submetida à seleção recorrente intrapopulacional. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

CICLO	CE (mL.g^{-1})	RG (Kg.ha^{-1})
C0	19,35	1.699,44
C1	21,80	2.247,19
C2	22,89	2.497,81
C3	24,66	2.741,88
C4	28,00	2.772,50

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

Comparando-se os ganhos previstos obtidos por Daros et al. (2002), no segundo ciclo de seleção recorrente, e Santos et al. (2007), para o terceiro ciclo, com o presente trabalho (Tabela 7), nota-se que para a característica RG, quando se obtém a média real, ocorre um incremento em relação ao previsto. Isso se deve à pamixia que ocorre no lote de recombinação, favorecendo a heterose.

Tabela 7 – Estimativas das médias previstas de capacidade de expansão e de rendimento de grãos (Kg.ha^{-1}) para o ciclo C4 e obtidas para os ciclos C2 e C3 para a população UNB-2U, submetida à seleção recorrente intrapopulacional. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

Ciclos	Média prevista	
	CE (mL.g^{-1})	RG (Kg.ha^{-1})
C2	18,52	1.140,00
C3	25,11	2.156,00
C4	28,00	2.772,50

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

Para o ciclo C2 foi prevista uma produção média de 1.140,00 Kg.ha⁻¹ e quando se obteve a média real o rendimento chegou a 2.497,81 Kg.ha⁻¹ (Tabela 6), o que corresponde a um incremento de 119% em relação à média prevista. Avaliando o ciclo C3, Santos et al. (2007) previram que para o rendimento de grãos era esperado 2.156,00 Kg.ha⁻¹; todavia, com a obtenção da média real, houve um acréscimo de 27% em relação ao previsto, vez que se alcançou um rendimento médio de grãos de 2.741,88 Kg.ha⁻¹ após a recombinação das progênies de C3.

Neste sentido, resultados promissores são esperados, já que para o ciclo C4 foi predita estimativa de média de 2.772,50 Kg.ha⁻¹. Se realmente houver um incremento conforme constatado nos ciclos anteriores, a média real poderá chegar a 3.000,00 Kg.ha⁻¹, o que é um valor bem significativo, visto que, a média nacional não passa de 2.500,00 Kg.ha⁻¹.

Em relação à característica CE, nota-se que quando se compara a média prevista do ciclo C3 com a média real há um decréscimo de 1,8% o que não é significativo, pois, em se tratando de valores numéricos, equivale a 0,45 mL.g⁻¹.

Esses resultados são satisfatórios em se tratando de uma variedade, pois no próximo ciclo a população poderá atingir uma produtividade média de 3.000,00 Kg.ha⁻¹ e valor da capacidade de expansão próximo de 28 mL.g⁻¹, o que já possibilita o seu lançamento. Vale ressaltar que a condicionante principal para lançamento de variedade é estimativa de CE de 15 mL.g⁻¹ (Miranda et al., 2003).

Avaliando-se as Figuras 1 e 2, que contêm a expressão da função de regressão para CE e RG nos ciclos de seleção recorrente, nota-se que estão em concordância com a premissa da seleção recorrente, que visa aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem redução da variabilidade genética da população e, com isso, aumentar a média da população.

A Figura 1, refere-se ao desempenho da população UNB-2U, em quatro ciclos de seleção recorrente intrapopulacional, em relação à capacidade de expansão, vê-se que o R² é elevado, o que é um indicativo de que o modelo da equação ficou bem ajustado. Nesta Figura percebe-se a evolução nos ciclos de seleção recorrente intrapopulacional. Em C0, a população apresentava uma capacidade de expansão de 19 mL.g⁻¹ e já em C4 é previsto uma CE de 28 mL.g⁻¹; ou seja, houve um incremento de 47% na capacidade de expansão em

apenas quatro ciclos de seleção recorrente, ratificando a premissa do aumento gradativo na frequência de alelos favoráveis nessa população.

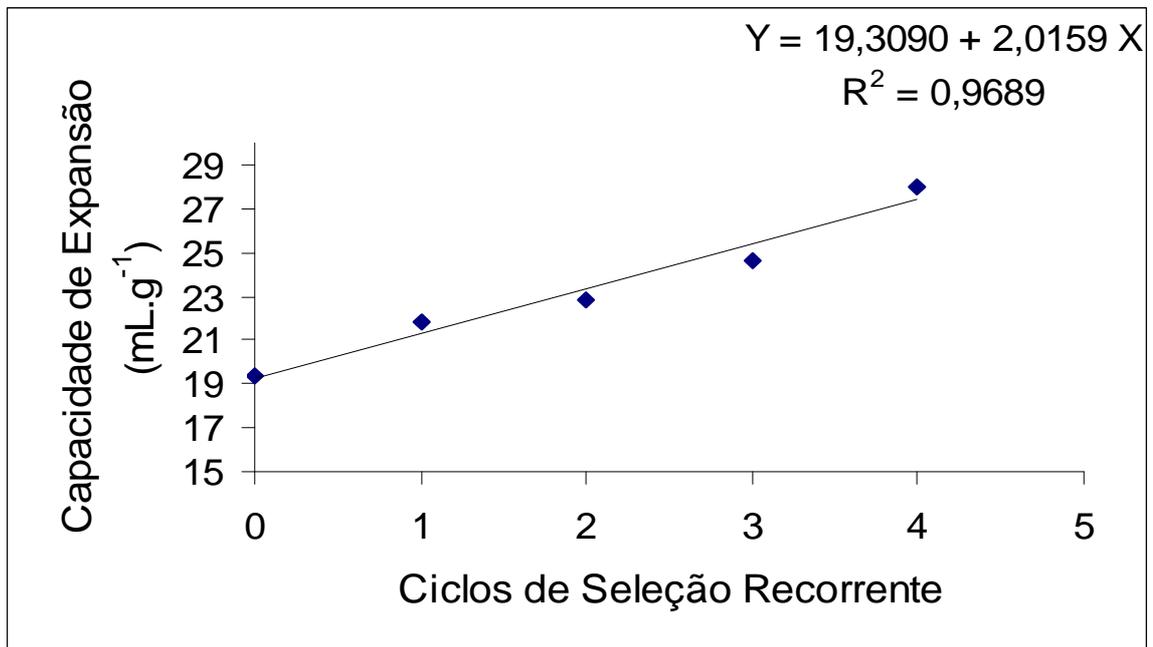


Figura 1 - Evolução das médias obtidas nos ciclos C0, C1, C2, C3 e predita em C4 para a característica capacidade de expansão (mL.g⁻¹).

A Figura 2 representa a evolução da população UNB-2U, em quatro ciclos de seleção recorrente, em relação ao rendimento de grãos. Vê-se que o R^2 é elevado, o que é um indicativo de que o modelo da equação ficou bem ajustado. A Figura 2 revela que no ciclo C0 a população apresentava um rendimento médio de 1.700,00 Kg.ha⁻¹ e no ciclo C4 é previsto um rendimento médio de 2.772,00 Kg.ha⁻¹, o que representa um aumento de 63% no rendimento médio em apenas quatro ciclos, confirmando que os métodos de melhoramento utilizados estão sendo eficientes para essa população.

Com isso, pode-se antever que em relação a CE e RG resultados alvissareiros são esperados, haja vista o bom desempenho da população nesses quatro ciclos de seleção recorrente intrapopulacional. Espera-se, pois, que nos próximos dois ciclos seja possível disponibilizar ao produtor do Norte e Noroeste Fluminense uma variedade produtiva e com alta capacidade de expansão.

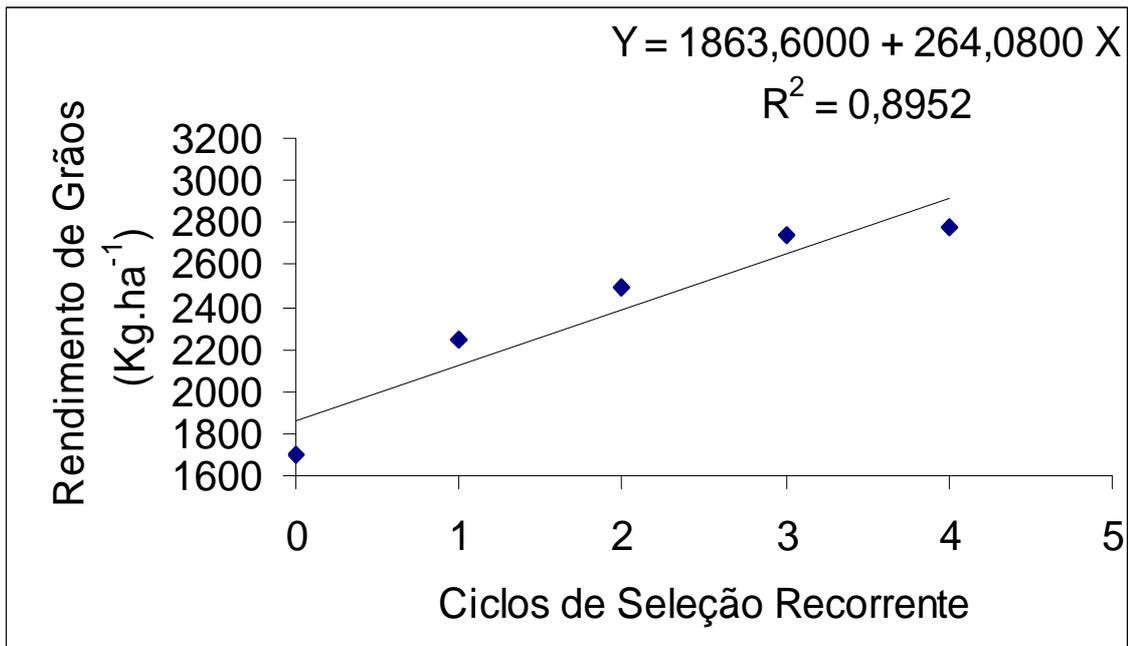


Figura 2 - Evolução das médias obtidas nos ciclos C0, C1, C2, C3 e predita em C4 para a característica rendimento de grãos (Kg.ha⁻¹).

4.6. Estimativas das correlações

Na Tabela 8 encontram-se as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_A) entre quatorze características agronômicas avaliadas em duzentas famílias de irmãos completos de milho pipoca em dois ambientes, Campos dos Goytacazes e Itaocara.

Avaliando-se a Tabela 8, constata-se que dos 91 pares de características 42 expressaram correlações genotípicas maiores que as fenotípicas e de ambiente, o que representa 46% dos pares. Tais ocorrências indicam que os componentes genotípicos têm maior influência na determinação das correlações que os de ambiente, denotando que ganhos serão alcançados ao se implementar um único programa de melhoramento para as Regiões Norte e Noroeste Fluminense.

Estimativas com baixos valores dos coeficientes de correlações de ambiente resultam da ação casual do meio sobre a característica, ao passo que os altos valores negativos indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro. Essa última situação não ocorreu em nenhum par de correlações, visto que as correlações ambientais do presente trabalho apresentaram valores negativos baixos (Tabela 8).

As diferenças de sinais entre as correlações genóticas e de ambiente indicam que as causas de variação genética e de ambiente influenciam as características por meio de mecanismos fisiológicos diferentes (Falconer, 1987). Em outras palavras, significa dizer que características correlacionadas, geneticamente, têm no ambiente um entrave, vez que ao favorecer o incremento de uma desfavorece aumentos na outra característica. É o que ocorreu com 39 pares de características. Como exemplo, constata-se entre o par RG e NPQ, que revelaram valores de correlação genotípica de 0,2868 e de ambiente de -0,0379. Isto posto, embora o aumento do rendimento de grãos tenda a produzir aumentos no número plantas quebradas, o ambiente ao favorecer RG desfavorecerá NPQ.

Avaliando-se as significâncias das correlações genóticas, percebe-se que 52 pares de características contiveram correlações genóticas significativas, sendo que 32 foram positivas (Tabela 8). Correlações genóticas positivas entre pares de características indicam que a seleção, objetivando aumento de uma delas, provocará o mesmo efeito na outra. Adotando-se como exemplo as maiores magnitudes de correlações genotípica expressas, pode-se afirmar que maiores ganhos via seleção indireta são possíveis entre NE e RG e entre PG e P100, cujos resultados são semelhantes aos obtidos por Linares (1987) e Sawazaki (1996), trabalhando com milho pipoca.

Para a característica RG, observam-se correlações genóticas significativas e altamente positivas para com as características: NE (0,5166**), PE (0,9898**) e NP (0,6028**), o que já era esperado, pois, quanto maior o número de plantas, maior também será o número de espigas e, conseqüentemente, maior será o peso de espigas.

Todavia, as correlações entre RG e as características: EP (0,0085^{ns}), NPQ (0,2868**) e EME (0,1032^{ns}), também apresentaram correlações positivas, no entanto, os valores foram baixos, e para EP e EME foram não significativos, diferentemente do esperado. Uma possível explicação para essas correlações positivas está no fato de plantas mais produtivas serem geralmente prolíferas e possuírem espigas bem granadas; conseqüentemente, mais pesadas. Assim, plantas prolíficas têm mais chances de serem atacadas por pragas e, por serem mais pesadas, podem quebrar-se mais facilmente, o que também foi constatado por Ji et al. (2006).

Tabela 8 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_A) entre quatorze características agronômicas avaliadas em duzentas famílias de irmãos completos de milho pipoca em dois ambientes.

Característica ^{1/}	r	ED	EP	PE	RG	CE	P100	FLOR	AP	AE	NP	NPQ	NPA	EMP
NE	r_F	0,2034**	0,1113 ^{ns}	0,6206**	0,5840**	0,1315 ^{ns}	-0,1446*	-0,1853*	0,0722 ^{ns}	0,1556*	0,2864**	0,1414*	0,0641 ^{ns}	-0,0333 ^{ns}
	r_G	0,1593	0,1166 ^{ns}	0,5663**	0,5166**	0,1576*	-0,3018**	-0,2356**	-0,1114 ^{ns}	0,1673*	0,2244**	0,3267**	0,0023 ^{ns}	-0,0528 ^{ns}
	r_A	0,2402**	0,1163 ^{ns}	0,6807**	0,6574**	0,1161 ^{ns}	0,1103 ^{ns}	-0,1250 ^{ns}	0,2827**	0,1542*	0,3386**	0,0055 ^{ns}	0,1163 ^{ns}	-0,0135 ^{ns}
ED	r_F		-0,1986**	-0,1566*	-0,2193**	-0,1025 ^{ns}	-0,1266 ^{ns}	0,0036 ^{ns}	0,1148 ^{ns}	0,1150 ^{ns}	-0,0926 ^{ns}	0,1166 ^{ns}	-0,002 ^{ns}	0,0169 ^{ns}
	r_G		0,0204 ^{ns}	-0,4034**	-0,5156**	-0,1670*	-0,1863**	0,0007 ^{ns}	0,1560*	0,2703**	-0,8099**	0,3010*	-0,0049 ^{ns}	-0,0419 ^{ns}
	r_A		-0,2611**	-0,0253 ^{ns}	-0,0656 ^{ns}	-0,0965 ^{ns}	-0,1130 ^{ns}	0,0061 ^{ns}	0,1017 ^{ns}	0,0620 ^{ns}	0,1137 ^{ns}	0,0433 ^{ns}	-0,0007 ^{ns}	0,0506 ^{ns}
EP	r_F			0,0173 ^{ns}	0,0061 ^{ns}	-0,0050 ^{ns}	0,0229 ^{ns}	0,1435*	0,0588 ^{ns}	0,0538 ^{ns}	0,0658 ^{ns}	0,0041 ^{ns}	-0,0471 ^{ns}	0,1752*
	r_G			0,0004 ^{ns}	0,0085 ^{ns}	0,0042 ^{ns}	-0,0312 ^{ns}	0,3379**	0,2508**	0,0862 ^{ns}	0,2641**	0,0131 ^{ns}	-0,1865**	0,4750**
	r_A			0,0287 ^{ns}	0,0053 ^{ns}	-0,0244 ^{ns}	0,0800 ^{ns}	0,0360 ^{ns}	-0,0509 ^{ns}	0,0432 ^{ns}	0,0104 ^{ns}	0,0007 ^{ns}	0,0132 ^{ns}	0,0276 ^{ns}
PE	r_F				0,9479**	-0,0235 ^{ns}	0,2956**	-0,3276**	0,0649 ^{ns}	0,0907 ^{ns}	0,3840**	0,0889 ^{ns}	-0,0238 ^{ns}	0,0852 ^{ns}
	r_G				0,9898**	-0,0649 ^{ns}	0,2626**	-0,3974**	-0,1708*	-0,0990 ^{ns}	0,6169**	0,2172**	-0,1377*	0,1246 ^{ns}
	r_A				0,8988**	0,1006 ^{ns}	0,3779**	-0,2331**	0,3611**	0,2274**	0,2862**	-0,0135 ^{ns}	0,0807 ^{ns}	0,0415 ^{ns}
RG	r_F					-0,0168 ^{ns}	0,3099**	-0,3221**	0,0217 ^{ns}	0,0781 ^{ns}	0,3615**	0,1057 ^{ns}	-0,0190*	0,0656 ^{ns}
	r_G					-0,0650 ^{ns}	0,2858**	-0,3901**	-0,2142**	-0,0997 ^{ns}	0,6028**	0,2868**	-0,1523*	0,1032 ^{ns}
	r_A					0,1303 ^{ns}	0,3772**	-0,2313**	0,3151**	0,2042**	0,2569**	-0,0379 ^{ns}	0,1022 ^{ns}	0,0242 ^{ns}
CE	r_F						-0,4091**	0,0272 ^{ns}	-0,0783 ^{ns}	0,0473 ^{ns}	0,0334 ^{ns}	-0,0237 ^{ns}	0,0705 ^{ns}	-0,1122 ^{ns}
	r_G						-0,5014**	0,0417 ^{ns}	-0,1019 ^{ns}	0,1210 ^{ns}	-0,0095 ^{ns}	-0,0808 ^{ns}	0,1382*	-0,1697*
	r_A						0,0123 ^{ns}	-0,0195 ^{ns}	-0,0255 ^{ns}	-0,0523 ^{ns}	0,1331*	0,0874 ^{ns}	-0,0576 ^{ns}	0,0121 ^{ns}
P100	r_F							-0,2044**	0,1337*	0,0056 ^{ns}	0,2188**	-0,0801 ^{ns}	0,0299 ^{ns}	0,0782 ^{ns}
	r_G							-0,2469**	0,1349*	-0,1025 ^{ns}	0,4982**	-0,1121 ^{ns}	0,0109 ^{ns}	0,0896 ^{ns}
	r_A							-0,1176 ^{ns}	0,1387**	0,1254 ^{ns}	0,0379 ^{ns}	-0,0544 ^{ns}	0,0622 ^{ns}	0,0652 ^{ns}
FLOR	r_F								0,2829**	0,2079**	-0,1779*	-0,1993**	0,1927**	0,0475 ^{ns}
	r_G								0,6078**	0,6617**	-0,3964**	-0,4413**	0,4495**	0,1224 ^{ns}
	r_A								-0,1933 ^{ns}	-0,1360 ^{ns}	-0,0582 ^{ns}	0,0187 ^{ns}	-0,0751 ^{ns}	-0,0491 ^{ns}
AP	r_F									0,5087**	0,0905 ^{ns}	-0,1264 ^{ns}	0,2298**	0,0576 ^{ns}
	r_G									0,8147**	0,1498*	-0,3278**	0,4013**	0,0959 ^{ns}
	r_A									0,3232**	0,0647 ^{ns}	0,0430 ^{ns}	0,0680 ^{ns}	0,0127 ^{ns}
AE	r_F										0,0410 ^{ns}	0,0222 ^{ns}	0,2871**	-0,0065 ^{ns}
	r_G										-0,0272 ^{ns}	-0,1549*	0,6822**	-0,0506 ^{ns}
	r_A										0,0641 ^{ns}	0,1068 ^{ns}	0,0791 ^{ns}	0,0218 ^{ns}
NP	r_F											-0,1181 ^{ns}	-0,0676 ^{ns}	0,0137 ^{ns}
	r_G											-0,8143**	-0,4182*	0,0758 ^{ns}
	r_A											0,1578*	0,0874 ^{ns}	-0,0189 ^{ns}
NPQ	r_F												-0,1733*	-0,0523 ^{ns}
	r_G												-0,2123*	-0,1623 ^{ns}
	r_A												-0,1489*	0,0311 ^{ns}
NPA	r_F													0,0030 ^{ns}
	r_G													-0,0554 ^{ns}
	r_A													0,0535 ^{ns}

^{1/} Ne = número médio espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grão; RG = rendimento de grãos; CE = capacidade de expansão; P100 = peso médio de cem grãos; FLOR = dias para florescimento; AP = altura média de planta; AE = altura de média espiga; NP = estande final; NPQ = número médio de plantas quebradas; NPA = número médio de plantas acamadas; EMP = número médio de espigas mal empalhadas. ^{ns} = Não significativo no nível de 1% e 5% de probabilidade; * = Significativo no nível de 5% de probabilidade e ** = Significativo no nível de 1% de probabilidade.

A correlação positiva entre RG e EMP é perfeitamente explicável, pois plantas com espigas mais compridas e, conseqüentemente, com maior produtividade, têm maior probabilidade de apresentarem um empalhamento mais curto, o que contribui para o ataque de pragas. Esse fato pode ser bem evidenciado observando-se o valor de correlação positiva entre EMP e EP (0,4750^{**}). Resultados semelhantes foram encontrados por Daros et al. (2004 b) e Santos (2005), trabalhando com a mesma população em ciclos anteriores.

Para a característica ED houve correlação genotípica negativa e significativa a 5% para com CE (Tabela 8), evidenciando que grãos atingidos por doenças antes da colheita têm seu pericarpo danificado e, como conseqüência, diminuição da capacidade de expansão. A mesma afirmação foi feita por Hosney et al. (1983) e Santos (2005). Segundo esses autores qualquer dano no pericarpo provoca acentuada queda na capacidade de expansão.

Conforme a Tabela 8, a maioria das características avaliadas expressou correlação não significativa com capacidade de expansão, exceto NE, ED, P100, NPA e EMP. Em particular, a característica EMP revelou correlação genotípica negativa com capacidade de expansão, evidenciando que grãos expostos às intempéries antes da colheita têm seu pericarpo danificado e, por conseguinte, redução na capacidade de expansão.

A característica CE apresentou, no presente trabalho, correlação genotípica negativa e não-significativa para com RG (-0,0650^{ns}). Zanette (1989) obteve correlação estatisticamente não-significativa entre a produção de grãos e capacidade de expansão ao avaliar sete linhas de milho pipoca e os respectivos híbridos em um dialelo.

Segundo Ziegler e Ashman (1994), dos materiais (híbridos, sintéticos e linhagens) avaliados no programa de melhoramento da Iowa State University, entre 1987 e 1990, 500 acessos revelaram correlação de -0,20 entre rendimento e capacidade de expansão. Outros 509 expressaram correlação de 0,40. Várias outras correlações são mencionadas e, em todos os casos, foram baixas. Os mesmos autores sugerem que os ganhos na capacidade de expansão podem ser obtidos sem diminuição do rendimento de grãos.

Daros et al. (2004 b), trabalhando com a população UNB-2U, no primeiro e segundo ciclos de seleção recorrente, concluíram que, embora não significativa e em baixa magnitude, houve acréscimo da correlação genotípica entre rendimento

de grãos e capacidade de expansão do primeiro para o segundo ciclo, passando de -0,2649 para -0,0643, denotando aumento na concentração de alelos favoráveis na população. Tal pressuposição foi ratificada na consecução dos ciclos, pois Santos (2005) constatou correlação genotípica entre CE e RG de 0,2538, para a seleção de famílias de meios-irmãos, visando à implementação do terceiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional a partir de UNB-2U.

A redução da correlação genotípica entre CE e RG, do terceiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de famílias de meios-irmãos para o quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de famílias de irmãos completos, não confirma que houve redução da concentração de alelos favoráveis na população, já que esta população expressou ganhos e médias elevadas (Tabelas 13 e 14, contidas em Apêndices).

Essas considerações convergem para a necessidade do uso de índices de seleção para obtenção de materiais superiores em programas de melhoramento com milho pipoca. Apesar de enfatizada a potencialidade dos índices de seleção no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2004), em milho pipoca, apenas mais recentemente alguns trabalhos têm empregado a metodologia com adequada propriedade, como por exemplo, Mata e Viana (2001), Vilarinho et al. (2003), Granate et al. (2002) e Santos et al. (2007).

A despeito dos pares de correlações, CE e RG, ao não revelarem significância para a correlação ambiental, depreende-se que as diferenças de ambiente não foram suficientemente consideráveis para sustentar o argumento da necessidade de estabelecimento de programas de melhoramento próprios para cada ambiente, visto que a média desta população apresentou-se elevada. Desse modo, um único programa de seleção recorrente para o Norte e Noroeste Fluminense poderá promover o acúmulo de alelos favoráveis na população em seleção, o que implica em economia de tempo, esforço e recurso.

4.7. Índices de Seleção

A Tabela 9 contém as estimativas dos ganhos percentuais preditos para o índice de seleção e Mulamba e Mock (1978) e de Smith (1936) e Hazel (1943), utilizando como pesos econômicos: coeficiente de variação genético (CV_g), desvio-padrão genético (DP_g), índice de variação (CV_g/CV_e), herdabilidade (h^2) e

pesos atribuídos por tentativas (PA) (1, 10, 20, 1, 100, 100, 1, 1, 1, 1, 1, 15, 25 e 15), sendo a seleção praticada nas características NE, ED, EP, PE, PG, CE, P100, FLOR, AP, AE, NP, NPQ, NPA e EME.

Os ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de Mulamba e Mock (1978), para todos os pesos econômicos, proporcionaram valores simultâneos positivos para as duas principais características: rendimento de grãos e capacidade de expansão. Entretanto, para os pesos econômicos DP_g e CV_g houve os menores ganhos para CE, 2,14% e 1,27%, respectivamente. Quando utilizou-se o peso econômico h^2 , ocorreu o maior ganho para RG no valor de 8,86%; porém o ganho para CE, apesar de ser positivo, foi baixo, com magnitude de 6,47%. Essa estimativa foi inferior à que se obteve quando se usou o peso econômico CV_g/CV_e (9,44%), que proporcionou o segundo maior ganho genético. Nesse contexto, após várias tentativas, atribuindo pesos de várias grandezas aleatoriamente, conseguiu-se prever os ganhos simultâneos mais elevados nas duas principais características, sendo de 8,50% para RG e 10,55% para CE.

Avaliando-se os pesos econômicos CV_g e h^2 , nota-se que as características ED, EP, FLOR, AP, AE, NPQ, NPA e EMP apresentaram ganhos negativos, o que é interessante na confecção de uma população, ou seja, é importante se ter uma população com menor número de espigas doentes, menor número de espigas atacadas por pragas, menor número de plantas quebradas e acamadas, ser precoce e apresentar porte menor.

Quando foram utilizados os pesos econômicos DP_g e CV_g somente a característica ND expressou ganhos negativos. As características EP, FLOR, AP, AE, NPQ, NPA e EMP detiveram ganhos positivos, o que não é interessante na confecção de uma população, pois essa apresentará todas as características negativas de uma cultivar (maior “quantum” de plantas acamadas e quebradas, bem como maior quantidade de espigas mal empalhadas) e, conseqüentemente acarretará baixas produtividade e capacidade de expansão.

Avaliando-se o peso econômico PA, percebe-se que as características ED, EP, FLOR, AP, AE, NPQ, NPA e EMP exibiram ganhos negativos, o que é interessante na confecção de uma população, já as características NE, PE, PG, CE e NP apresentaram ganhos positivos.

Tabela 9 - Estimativas dos ganhos percentuais, com base no diferencial de seleção, por seleção simultânea, em quatorze características no quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em famílias de irmãos completos em milho pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

Características ^{1/}	Mulamba e Mock					Smith e Hazel				
	CVg	DPg	CVg/CVe	h ²	PA	CVg	DPg	CVg/CVe	h ²	PA
NE	1,30	5,56	4,72	4,66	3,27	4,92	4,92	4,92	4,92	4,47
ED	-7,24	-3,27	-0,23	-6,55	-3,96	-4,59	-4,59	-4,59	-4,59	-6,66
EP	-0,92	0,52	2,24	-0,48	-2,53	0,30	0,30	0,30	0,30	0,41
PE	5,02	11,04	6,50	8,11	7,52	10,57	10,57	10,57	10,57	10,17
RG	5,11	11,60	6,47	8,86	8,50	11,17	11,17	11,17	11,17	10,98
CE	2,14	1,27	9,44	5,49	10,55	1,39	1,39	1,39	1,39	0,47
P100	1,29	2,31	1,21	2,83	0,14	2,10	2,10	2,10	2,10	2,76
FLOR	-0,69	-0,59	0,66	-0,38	-0,86	-1,21	-1,21	-1,21	-1,21	-1,00
AP	-1,34	0,50	2,33	-1,26	-0,37	-0,72	-0,72	-0,72	-0,72	-0,83
AE	-0,83	0,35	1,42	-0,79	-0,30	-0,40	-0,40	-0,40	-0,40	-0,22
NP	0,52	0,74	0,60	0,80	0,60	0,72	0,72	0,72	0,72	0,68
NPQ	-5,01	1,44	0,93	-2,32	-2,48	2,53	2,53	2,53	2,53	3,56
NPA	-26,76	2,14	17,69	-8,42	-0,65	-5,32	-5,32	-5,32	-5,32	-3,45
EMP	-132,92	2,52	10,61	-4,96	-4,53	2,51	2,51	2,51	2,51	2,08

Pesos econômicos utilizados nos índices de seleção: CV_g = coeficiente de variação genético; DP_g = desvio-padrão genético; CV_g / CV_e = razão CV_g / CV_e; h² = herdabilidade e PA = Pesos atribuídos por tentativas (1, 10, 20, 1, 100, 100, 1, 1, 1, 1, 1, 15, 25, 15). ^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; CE = capacidade de expansão; P100 = peso médio de cem grãos; FLOR = dias para florescimento; AP = altura média de plantas; AE = altura de espigas; NP = estande final; NPQ = número médio de plantas quebradas; NPA = número médio de plantas acamadas; e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

Nesse aspecto, quando se utilizou o índice de seleção de Mulamba e Mock (1978), atribuindo pesos arbitrários, foi possível obter maiores ganhos. Vilarinho et al. (2003), avaliando a eficiência da seleção truncada, dos índices de Smith (1936) e Hazel (1943), de Williams (1962), de Pesek e Baker (1969), de Mulamba e Mock (1978) e de Elston (1963), na identificação de progênies S_1 e S_2 superiores de milho pipoca, concluíram que na estratégia de seleção recomendada para 30 e 60 famílias o índice de Mulamba e Mock (1978) foi o que proporcionou os resultados mais desejáveis para ganhos satisfatórios em produção e capacidade de expansão.

Comparando a eficiência de vários índices de seleção e dos ganhos preditos por cada um deles, no melhoramento da resistência ao frio em duas populações de milho, Crosbie et al. (1980) observaram que os melhores ganhos em todas as características avaliadas foram possíveis com os índices de seleção de Mulamba e Mock, multiplicativo, de Elston e de Williams. Consideraram, ainda, que estes índices têm a vantagem de não serem afetados pela desigualdade das variâncias das características, bem como da simplicidade de uso e de não necessitarem da estimação de parâmetros genéticos, pode-se considerar que eles sejam tão robustos quanto o índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943).

Pelo índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), foi possível prever ganhos simultâneos nas duas principais características (CE e RG), em todos os pesos econômicos atribuídos (Tabela 9). Quando os pesos econômicos foram o CV_g , DP_g a relação CV_g/CV_e e a herdabilidade, os ganhos previstos foram iguais em todas as características, demonstrando que os valores não foram discrepantes o suficiente para causar mudanças nos ganhos.

Um dos maiores ganhos para RG (11,17%) foi predito por este índice. Para todos os pesos econômicos utilizados, EP, NPQ e EMP revelaram ganhos positivos pequenos, o que não é desejável, pois esta população tenderá a conter no próximo ciclo, maior número de espigas atacadas por pragas, maior número de plantas quebradas e maior número de espigas mal empalhadas.

Os ganhos preditos para as características ED, FLOR e NPA foram negativos, o que é interessante, pois o que se almeja é uma população com menor ataque de doenças, bem como menor número de plantas acamadas e maior precocidade de florescimento. Avaliando-se o RG, nota-se que, apesar de revelar ganhos superiores ao do melhor ganho pelo índice de Mulamba e Mock

(1978), apresentou ganho muito baixo para capacidade de expansão quando comparado com o obtido pelo índice de Mulamba e Mock (1978).

No primeiro ciclo de seleção recorrente da população UNB-2U, utilizando seleção direta para a seleção de progênies superiores em famílias de irmãos completos, Daros et al. (2002) estimaram ganhos de 10,39% e 4,69% para capacidade de expansão e rendimento de grãos, cujas magnitudes foram inferiores às preditas, no segundo ciclo de seleção recorrente, com famílias endogâmicas (17,80% e 26,95%, respectivamente) utilizando-se o índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943) (Santos et al., 2003). Avaliando o terceiro ciclo de seleção recorrente, Santos et al. (2007), utilizando o índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), estimaram ganhos de 17,62% e 2,59% para capacidade de expansão e rendimento de grãos, cujas magnitudes foram inferiores às preditas, no segundo ciclo de seleção recorrente, utilizando-se o índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943).

Granate et al. (2002), avaliando a população de milho pipoca CMS-43, obtiveram sucesso na utilização do índice de Smith (1936) e Hazel (1943) na predição de progresso desejado nas características altura de planta, produção e capacidade de expansão, quando usaram pesos obtidos aleatoriamente por tentativas.

Cruz et al. (1993) verificaram ganhos simultâneos nas características teor de óleo e rendimento de espigas, em progênies de irmãos completos de milho comum por meio de índices de seleção, o que não foi possível quando usaram a seleção direta e indireta. Em trabalho de seleção em *Eucalyptus grandis*, Martins et al. (2006) utilizaram o coeficiente de variação genético como peso econômico do Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e não obtiveram resultados desejáveis, tendo que optar por usar como pesos econômicos valores baseados em outras estatísticas dos próprios dados.

Gabriel (2006) também utilizou o índice de Smith (1936) e Hazel (1943) em um programa de seleção recorrente em famílias de irmãos completos em milho comum e obteve ganhos para rendimento de grãos de 14,26%.

Os ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de Pesek e Baker (1969), expostos na Tabela 10, demonstraram que quando os pesos econômicos atribuídos foram o CV_g , o DP_g , a herdabilidade, a razão CV_g/CV_e e os pesos atribuídos por tentativas, houve estimativas de ganhos preditos superiores ao

índice de Smith (1936) e Hazel (1943) e de Mulamba e Mock (1978) para CE, mas não para RG. Quando o desvio-padrão genético foi utilizado, obtiveram-se os melhores resultados, sendo preditos ganhos simultâneos de 7,99% e 10,75% para RG e CE, respectivamente. Quando se utilizaram como pesos econômicos os CV_g , as razões CV_g/CV_e , as herdabilidades e os PA, esses expressaram ganhos acima de 16% para CE, porém apresentaram ganhos abaixo de 2% para RG. Martins et al. (2006), em eucalipto, considerou o índice de Pesek e Baker (1969) mais eficiente do que o índice de Smith (1936) e Hazel (1943) na obtenção de menores ganhos para número de árvores com ferrugem e número de árvore com cancro.

Na utilização do CV_g , o procedimento de Pesek e Baker (1969) resultou em ganhos desejáveis para ED, EP, NPQ, NPA e EMP, o que indica sê-lo interessante para a melhoria da população, por reduzir a susceptibilidade a pragas e doenças, reduzir o quebramento e acamamento de plantas, bem como reduzir o número de espigas mal empalhadas. Ao utilizar o DP_g , como peso econômico, notaram-se ganhos positivos para NPQ e EMP, portanto indesejáveis, pois a população tenderá apresentar maior número de plantas quebradas além de aumentar o número de espigas mal empalhadas. Ao utilizar como peso econômico PA, foram verificados ganhos negativos para ED, EP, AP, NPQ, NPA e EMP, portanto, desejáveis, pois a população tenderá apresentar menor número de espigas com pragas e doentes, menor número de plantas quebradas e acamadas, menor número de espigas mal empalhadas, bem como plantas de porte menor, mais preferidos para regiões com alta incidência de vento, como ocorre no Norte e Noroeste Fluminense.

Quando os pesos econômicos foram a razão CV_g/CV_e e a herdabilidade, os ganhos previstos foram iguais em todas as características. Todavia, a utilização da herdabilidade e da razão CV_g/CV_e , no procedimento de Pesek e Baker (1969), resultou em ganhos indesejáveis para NP, NPA e EMP, o que indica não sê-lo interessante para a melhoria simultânea, por potencializar a suscetibilidade a pragas, ao acamamento de plantas, bem como o número de espigas mal empalhadas.

Tabela 10 - Estimativas dos ganhos percentuais, com base no diferencial de seleção, por seleção simultânea, em quatorze características no quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em famílias de irmãos completos em milho pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

Características ^{1/}	Pesek e Baker					Williams				
	CVg	DPg	Cvg/Cve	h ²	PA	CVg	DPg	Cvg/Cve	h ²	PA
NE	1,37	2,39	1,45	1,45	1,37	5,66	5,66	5,66	5,66	5,27
ED	-1,38	-4,31	-0,40	-0,40	-1,38	-3,73	-3,73	-3,73	-3,73	-4,88
EP	-0,03	-1,20	0,30	0,30	-0,03	0,69	0,69	0,69	0,69	0,80
PE	0,60	7,95	0,30	0,30	0,60	11,03	11,03	11,03	11,03	10,33
RG	1,42	7,99	0,96	0,96	1,42	11,63	11,63	11,63	11,63	11,78
CE	16,92	10,75	16,98	16,98	16,92	0,72	0,72	0,72	0,72	1,98
P100	-3,75	-0,07	-3,78	-3,78	-3,75	2,53	2,53	2,53	2,53	2,25
FLOR	0,03	-0,81	0,09	0,09	0,03	-0,73	-0,73	-0,73	-0,73	-0,77
AP	-0,77	-0,52	-0,54	-0,54	-0,77	0,38	0,38	0,38	0,38	0,57
AE	0,23	0,14	0,33	0,33	0,23	0,30	0,30	0,30	0,30	0,31
NP	0,13	0,47	0,04	0,04	0,13	0,72	0,72	0,72	0,72	0,59
NPQ	-2,53	3,15	-2,17	-2,17	-2,53	1,80	1,80	1,80	1,80	2,42
NPA	-0,34	-0,96	0,59	0,59	-0,34	2,14	2,14	2,14	2,14	5,87
EMP	-1,33	1,87	-1,12	-1,12	-1,33	2,08	2,08	2,08	2,08	-0,48

Pesos econômicos utilizados nos índices de seleção: CV_g = coeficiente de variação genético; DP_g = desvio-padrão genético; CV_g / CV_e = razão CV_g / CV_e; h² = herdabilidade e PA = Pesos atribuídos por tentativas (1, 10, 20, 1, 100, 100, 1, 1, 1, 1, 1, 15, 25, 15). ^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médios de espigas com grãos; RG = rendimento de grãos; CE = capacidade de expansão; P100 = peso médio de cem grãos; FLOR = dias para florescimento; AP = altura média de plantas; AE = altura de espigas; NP = estande final; NPQ = número médio de plantas quebradas; NPA = número médio de plantas acamadas e EMP = número médio de espigas mal empalhadas.

No que se refere ao índice de seleção de Williams (1962), quando os pesos econômicos foram o CV_g , o DP_g , a razão CV_g/CV_e e a herdabilidade, os ganhos previstos foram iguais em todas as características (Tabela 10), resultado semelhante ao ocorrido quando utilizou-se o índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), demonstrando que os valores não foram discrepantes o suficiente para causar mudanças nos ganhos.

Quando os pesos econômicos utilizados foram o CV_g , o DP_g , a razão CV_g/CV_e , a herdabilidade e PA, houve obtenção de ganho nas características RG e CE. No entanto, a CE apresentou ganho muito baixo, não ultrapassando 2% (Tabela 10). Como os principais objetivos deste trabalho foram a melhoria simultânea das características CE e RG, não é interessante o uso de índices que resultem em baixos ganhos na média de uma dessas características.

Ao analisar a viabilidade do uso do índice de seleção de Williams (1962) em milho pipoca, Granate et al. (2002) concluíram que o mesmo não permitiu a obtenção de estimativas de ganhos preditos simultâneos nas características de interesse RG e CE.

Para o presente trabalho, o índice fulcrado na “soma de ranks” de Mulamba e Mock (1978) permitiu ganhos superiores e melhor distribuídos entre as características. Assim, selecionaram-se os 30 melhores genótipos para recombinação com base no índice de Mulamba e Mock (1978), sendo possível manter o ganho genético para CE e RG, além de proporcionar ganhos negativos para ED, EP, AP, AE, NPQ, NPA e EMP, conforme pode ser constatado na Tabela 9.

As Tabelas 11 e 12 contêm as médias das 30 famílias de irmãos completos selecionadas, por proporcionarem melhores ganhos pelo índice baseado na “soma de ranks”, de Mulamba e Mock (1978).

Nota-se que estas famílias contêm elevada média para capacidade de expansão e rendimento de grãos, além de apresentarem baixa média para ED, EP, AP, AE, NPQ, NPA e EMP.

Desta feita, conclui-se que o índice de Mulamba e Mock (1978) foi o que proporcionou os melhores resultados para a seleção das famílias de irmãos completos, não apenas por proporcionar ganhos satisfatórios para CE e RG, mas também por revelar ganhos negativos para características indesejáveis ao melhoramento do milho pipoca para o Norte e Noroeste Fluminense.

Tabela 11 – Médias de sete características, avaliadas em 30 famílias de irmãos completos, selecionadas pelo índice Mulamba e Mock (1978), para compor o quarto ciclo de Seleção Recorrente. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

Tratamentos	Médias Características ^{1/}						
	NE	ED	EP	PE	RG	CE	FLOR
1	30,00	2,00	4,75	3495,00	2937,50	24,50	61,25
4	27,00	1,25	3,00	3300,00	2745,00	30,45	57,75
7	31,25	2,25	3,00	3615,00	2957,50	29,33	57,25
26	30,75	1,75	1,75	3825,00	3130,00	25,03	56,00
28	30,25	2,50	4,25	3070,00	2427,50	31,35	56,75
31	35,25	5,50	2,75	3735,00	2920,00	27,00	57,25
36	24,25	3,25	4,00	3205,00	2582,50	28,45	55,50
37	28,50	2,25	3,50	3335,00	2695,00	26,13	54,25
38	28,75	3,00	2,75	3357,50	2500,00	27,50	58,00
40	26,00	2,75	2,25	3005,00	2435,00	31,13	56,25
49	24,50	1,50	4,00	3565,00	2907,50	25,90	57,25
54	36,00	4,00	3,50	3680,00	2860,00	27,33	56,00
66	25,25	3,25	2,00	3235,00	2645,00	28,33	55,00
83	32,00	0,75	1,00	3465,00	2885,00	28,45	56,25
96	27,00	3,50	2,75	3327,50	2635,00	31,88	57,75
111	24,00	1,25	2,50	3417,50	2877,50	27,45	55,00
113	30,25	2,25	3,50	3487,50	2892,50	26,93	56,25
116	29,25	4,50	2,00	3300,00	2720,00	26,20	54,00
125	29,50	3,50	2,75	3642,50	2735,00	29,83	56,50
131	33,25	1,50	3,00	3130,00	2527,50	28,43	59,50
135	29,75	3,75	2,00	3577,50	2885,00	27,48	55,00
147	29,25	1,75	1,25	3260,00	2567,50	27,53	60,00
152	27,50	3,50	3,00	2755,00	2862,50	29,45	56,50
155	23,50	3,00	2,00	2815,00	2315,00	30,65	59,25
166	30,50	1,00	3,00	3590,00	2997,50	23,98	54,25
167	36,75	2,50	5,50	3485,00	3320,00	28,65	58,25
172	24,75	1,00	3,25	3582,50	2937,50	26,30	57,75
177	26,75	3,00	2,75	3385,00	2812,50	28,70	55,50
178	30,50	4,50	2,25	3462,50	2757,50	29,05	59,50
195	29,50	5,00	2,25	3390,00	2705,00	26,83	55,50

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grão; RG = rendimento de grãos; CE = capacidade de expansão e FLOR = número de dias para o florescimento.

Tabela 12 – Médias de sete características, avaliadas em 30 famílias de irmãos completos, selecionadas pelo índice Mulamba e Mock (1978), para compor o quarto ciclo de Seleção Recorrente. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

Tratamentos	Médias Características ^{1/}						
	P100	AP	AE	NP	NPQ	NPA	EMP
1	11,48	2,10	1,29	25,25	2,75	0,50	2,75
4	11,98	1,84	1,15	22,25	2,25	1,25	1,75
7	11,90	2,02	1,10	24,25	4,00	1,00	2,00
26	11,19	1,85	1,11	22,75	6,50	0,50	2,50
28	11,48	2,10	1,29	25,25	2,75	0,50	2,75
31	11,49	2,11	1,34	23,75	9,25	1,25	2,25
36	13,56	1,89	1,14	22,50	2,75	1,25	2,75
37	13,19	1,81	1,08	24,25	3,50	0,00	3,25
38	11,35	1,88	1,29	24,00	3,75	0,75	0,75
40	11,40	2,03	1,27	20,50	5,00	0,00	2,50
49	12,49	1,89	1,03	24,00	5,00	0,50	3,25
54	11,37	2,16	1,24	22,75	7,50	2,00	0,50
66	14,26	1,92	1,13	23,50	5,00	1,25	1,75
83	11,45	1,73	1,30	21,75	7,50	3,50	1,00
96	15,19	1,96	1,26	24,00	5,50	0,25	2,50
111	12,45	1,79	1,16	24,75	5,25	0,50	2,75
113	10,80	2,04	1,34	24,25	7,75	0,75	1,75
116	10,83	1,93	1,29	24,75	4,75	0,50	1,00
125	12,84	1,82	1,16	25,25	7,75	0,75	2,25
131	10,99	1,89	1,30	24,25	6,25	2,00	0,50
135	11,67	1,97	1,12	23,75	2,50	1,50	2,50
147	12,21	2,00	1,18	23,50	4,00	3,00	1,75
152	12,18	1,94	1,20	24,50	8,75	0,75	0,25
155	9,91	1,88	1,13	22,25	8,25	0,25	1,00
166	12,78	1,92	1,06	23,25	3,00	0,50	0,50
167	11,25	2,00	1,35	24,50	4,75	2,75	1,00
172	15,49	1,95	1,30	24,00	6,75	2,00	3,25
177	12,08	2,02	1,31	21,75	5,75	2,25	2,75
178	10,81	2,01	1,30	24,50	4,50	0,50	1,75
195	10,42	1,92	1,26	22,25	10,75	0,75	0,75

^{1/} P100 = peso médio de cem grãos; AP = altura média de plantas; AE = altura de espigas; NP = estande final; NPQ = número médio de plantas quebradas; NPA = número médio de plantas acamadas e EMP= número médio de espigas mal empalhadas.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

Com o objetivo de dar continuidade ao programa de melhoramento genético de milho pipoca da UENF, foi implementado o quarto ciclo de seleção recorrente em famílias de irmãos completos. Para tanto, duzentas famílias de irmãos completos foram obtidas a partir da população de terceiro ciclo de seleção. As progênies foram avaliadas no delineamento de blocos casualizados com duas repetições dentro de “sets” em dois ambientes distintos: Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, e Estação Experimental da PESAGRO-RIO, em Itaocara, Rio de Janeiro. Foram definidos, em todos os procedimentos analíticos, o número de trinta famílias de meios-irmãos para continuidade do programa.

A análise de variância permitiu verificar que apenas não houve efeito significativo de ambiente para altura e número de plantas, ao passo que as demais expressaram que há distinção entre os ambientes avaliados. Essa significância entre os ambientes não impede a implementação de um único programa de melhoramento para as duas localidades, uma vez que houve predominância de interação tipo simples e o que importa para a seleção é a expressão das médias fenotípicas das famílias em ambos os ambientes que foram elevadas. Todas as características apresentaram significância nos quadrados médios, em nível de 1% e 5% de probabilidade pelo Teste F, em relação a F/S. Isso demonstra haver variabilidade genética a ser explorada em ciclos futuros, possibilitando progressos com a seleção.

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos revelaram que a população possui genótipos com bons potenciais, pois todas as características apresentaram altas estimativas de herdabilidade e satisfatórios ganhos por seleção. A herdabilidade com base na média de famílias para CE foi superior à de RG, com valores de 90,19% e 56,88%, respectivamente.

Constatou-se que dos 91 pares de características 42 expressaram correlações genotípicas maiores que as fenotípicas e de ambiente, o que representa 46% dos pares. Tais ocorrências indicam que os componentes genotípicos têm maior influência na determinação das correlações que os de ambiente. Isto é um indício de que ganhos serão alcançados ao se implementar um único programa de melhoramento para as regiões Norte e Noroeste Fluminense.

Os índices de seleção empregados para predizer os ganhos por seleção foram os de Mulamba e Mock (1978), Smith (1936) e Hazel (1943), Pesek e Baker (1969) e Williams (1962).

De forma sucinta e focando os índices de seleção, as demais conclusões foram possíveis:

- a) a significância na fonte de variação ambiente para maioria das características demonstra que há distinção entre os ambientes avaliados;
- b) houve variabilidade genética em todas as características avaliadas;
- c) estimativa de correlação genotípica negativa ocorreu entre as características CE e RG, porém foi não significativa;
- d) o uso de índices de seleção permitiu a predição de ganhos simultâneos nas duas principais características (CE e RG); e
- e) a seleção das famílias superiores foi possível com base no índice de Mulamba e Mock (1978), por meio de pesos econômicos atribuídos arbitrariamente.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alexander, D. E.; Creech, R. G. Breeding special industrial and nutritional types. In Sprague, G. F. e Fuccillo, D. A. (1997) Corn and corn improvement. *Madison, American Society of Agronomy*, 363-386.
- Allard, R.W.; Bradshaw, A.D. (1964) Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, 4:503-508.
- Andrade, R. A.; Cruz, C. D.; Scapim, C. A.; Silvério, L.; Pinto, R. J. B.; Tonet, A. (2002) Análise dialélica da capacidade combinatória de variedades de milho-pipoca. *Acta Scientiarum*, Maringá, 24(5):1197-120.
- Arias, C. A. A.; Souza Júnior C. L. (1998) Genetic variance and covariance components related to intra and interpopulation recurrent selection in maize. *Genetics and Molecular Biology*, 21:537-544.
- Arnhold, E. (2004) *Análise da eficiência de seleção dentro de famílias S₄, em programa de produção de linhagens com milho pipoca (Zea Mays L.)*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Viçosa - MG, Universidade Federal de Viçosa - UFV, 95p.

- Baker, R. J. (1986) Index Selection in plant breeding. *CRC Press, Boca Raton-Florida*, 218p.
- Betrán, F. J.; Hallauer, A. R. (1996) Hybrid improvement after reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Maydica*, 41: 25-33.
- Brasil (1992) *Ministério da Agricultura e Reforma Agrária. Comissão Técnica de Normas e Padrões. Normas de identidade, qualidade, embalagem e apresentação do milho*. Brasília-DF, 365p.
- Brewbaker, J.L.; Larish, L.B.; Zan, G.H. (1996) Pericarp thickness of the indigenous american races of maize. *Maydica*, 41(2):105-111.
- Brugnera, A.; Von Pinho, R. G.; Pacheco, C. A. P.; Alvarez, C. G. D. (2003) Resposta de cultivares de milho pipoca a doses de adubação de semeadura. *Revista Ceres*, Viçosa, 50(290):417-429.
- Brunson, A. M. (1937) Popcorn breeding. *Yearbook Agricultural*, 1:395-404.
- Cargnelutti Filho, A.; Storck, L. (2007) Estatística de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. Brasília, DF, *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42(1):17-24.
- Carpentieri-Pípolo, V.; Takahashi, H. W.; Endo, R. M.; Petek, M. R.; Seifert, A. (2002) Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. *Horticultura Brasileira*, 20(4):551-554.
- Ceagesp (2008) Disponível em < <http://www.ceagesp.gov.br/cotacoes>>. Acesso em 30 maio de 2008.
- Cepeda, M. C., Souza Jr., C. L.; Pandey S.; Leon, L.N. (2000). Efeitos gênicos e oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho SA3. *Pesq. Agropec. Brasil*, 35: 1585-1593.

- Coimbra, R. R. (2000) *Seleção entre famílias de meios-irmãos da população DFT1-Ribeirão de milho pipoca*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Viçosa - MG, Universidade Federal de Viçosa - UFV, 54p.
- Coimbra, R. R.; Miranda, G. V.; Viana, J. M. S.; Cruz, C. D.; Murakami, D. M.; Souza, L. V.; Fidelis, R. R. (2002) Estimation of genetic parameters and prediction of gains for DFT1-Ribeirão popcorn population. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 2(1):33-38.
- 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.
- Crosbie, T. M.; Mock, J. J.; Smith, O. S. (1980) Comparasion of gains predicted by several methods for cold tolerance traits of two maize populations. *Crop Science*, 20(5):649-655.
- Cruz, C. D. (1990) *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Tese (Doutorado em Agronomia) - Piracicaba-SP, Universidade de São Paulo, 188p.
- Cruz, C. D. (2006) *Programa Genes: Versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV, 648p.
- Cruz, C. D.; Carneiro, P. C. S. (2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 585 p.
- Cruz, C. D.; Castoldi, F. L. (1991) Decomposição da interação genótipo x ambiente em partes simples e complexas. *Revista Ceres*, 38(219):422-430.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: UFV, v.1, 480 p.

- Cruz, C. D.; Vencovsky, R.; Oliveira, S.; Tosello, G.A. (1993) Comparison of gains from selection among corn progenies, based on different criteria. *Revista Brasileira de Genética*, 16(1):79-89.
- Cruz, J. C.; Pereira Filho, I. A. (2007) *Cultivares de milho disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2006/2007*. Disponível em <http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>. Acesso em 25 maio 2008.
- 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.; Gabriel, A. P. C.; Scapim, C. A.; Freitas Júnior, S. P.; Silvério, L. (2004 a) Recurrent selection in inbred popcorn families. *Sci. Agric.*, Piracicaba-SP, 61(6):609-614.
- 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. (2004 b) Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho pipoca. *Ciência Rural*, Santa Maria_RS, 34(5):1389-1394.
- Dofing, S. M.; D`cruz-Mason, N.; Thomas-Compton, M. A. (1991) Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. *Crop Science*, Madison, 31:715-718.
- Eberhart, S. A. (1970) Factors effecting efficiencies of breeding methods. *African soils*, 15:669-680.
- Elston, R. C. (1963) A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. *Biometrics*, North Carolina, 19:85-97.
- Embrapa (1993) *Recomendações técnicas para o cultivo do milho*. 204 p.

- Falconer, D. S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 279p.
- Ferrão, R. G.; Silva, J. C.; Cruz, C. D. (1985) Avaliação da capacidade combinatória de oito linhagens de milho em um sistema dialélico desbalanceado. *Revista Ceres*, Viçosa, 32(182):283-292.
- Fontes, P. S. F. (2002) *Adubação nitrogenada e avaliação de cultivares de banana (Musa spp.) no Noroeste do Estado do Rio de Janeiro*. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 64p.
- Freitas Junior, S. P.; Amaral Júnior, A. T.; Pereira, M. G.; Cruz, C. D.; Scapim, C. A. (2006) Capacidade combinatória em milho pipoca por meio de dialelo circulante. Brasília, DF, *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41:1599-1607.
- Gabriel, A. P. C. (2006) *Melhoramento de milho: seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos*. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 92p.
- Galvão, J. C. C.; Sawazaki, E.; Miranda, G. V. (2000) Comportamento de híbridos de milho pipoca em Coimbra, Minas Gerais. *Revista Ceres*, Viçosa, 47(270):201-218.
- Gama, E. E. G.; Magnavaca, R.; Silva, J. B.; Sans, L. M. A.; Viana, P. A.; Parentoni, S. N.; Pacheco, C. A. P.; Correa, L. A.; Fernandes, F. T. (1990) *Milho pipoca. Informe Agropecuário*, Belo Horizonte, 14(165):8-12.
- Garcia, L. H. (1989) Tabelas para classificação do coeficiente de variação. *Circular Técnico 171*, Piracicaba-SP, IPEF.

- Gomes, F. P. (1990) *Curso de estatística experimental*. 13 ed. Piracicaba: São Paulo, USP/ESALQ, 468p.
- Goodman, M. M.; Smith, J. S. C. Botânica In: Paterniani, E. e Viegas, G. P. (1987) *Melhoramento e produção de milho*. Campinas, Fundação Cargill, 1:41-78.
- Granate, M. J.; Cruz, C. D.; Pacheco, C. A. (2002) Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho pipoca CMS-43. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37(7):101-108.
- Haarman, R. J.; White, D. G.; Dudley, J. W. (1993) Index vs. tandem selection for improvement of gain yield, leaf blight, and stalk rot resistance in maize. *Maydica*, 38(3):183-188.
- Hallauer, A. R. (1967) Development of single-cross hybrids from two eared maize populations. *Crop Science*, 7:192-195.
- Hallauer, A. R.; Eberhart, S. A. (1970) Reciprocal full-sib selection. *Crop Science*, 10:315-316.
- Hallauer, A. R.; Miranda Filho, J. B. (1988) *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University Press, 468p.
- Hallauer, A. R., Russell, W. A.; Lamkey, K. R. (1988) Corn Breeding. In: *Corn and Corn Improvement* (Eds. G.F. Sprague e J.W. Dudley). ASA, CSSA e SSSA. 986 p.
- 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 Chem.* 1:43-52.
- Hull, F. H. (1945) Recurrent selection and specific combining ability in corn. *Journal Am. Agron., Madison*, 37:134-145.

- IBGE (2006). *Número de estabelecimentos, área e valor bruto da produção; Categorias familiares por tipo de renda e patronal*. Censo Agropecuário (1995/96). Disponível em <http://www.ibge.gov.br> Acesso em 04 Jan. 2008.
- Ji, H. C.; CHO, J. W.; Yamakawa, T. (2006) Diallel analysis of plant and ear eights in tropical maizes (*Zea mays* L.). *Journal of Fac. Agr., Kyushu University, South Korea*, 51(2):233-238.
- 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.
- Larish, L. L. B.; Brewbaker, J. L. (1999) Diallel analyses of temperate and tropical popcorns. *Maydica*, Bergamo, 44:279-284.
- Lima, M.; Zinsly, J. R.; Vencovsky, R.; Melo, M. R. C. (1971) *Resultados parciais de um programa de melhoramento do milho (Zea mays L.) visando o aumento da produtividade, caracteres agronômicos e capacidade de expansão*. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 5:84-93.
- Linares, E. (1987) *Seleção recorrente recíproca em famílias de meio-irmãos em milho pipoca (Zea mays L.)*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Piracicaba - SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 78p.
- Lira, M. A. (1983) *Seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos para produção e capacidade de expansão e correlações entre alguns caracteres em milho pipoca (Zea mays L.)*. Tese (Mestrado em Fitotecnia) - Lavras - MG, Escola Superior de Agricultura de Lavras, 62p.
- Lonquist, J. H. (1961) Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. *Nebraska Agric. Exp. Stn. Res. Bull.* 197p.

- Lonquist, J. H.; Williams, N. E. (1967) Development of maize hybrids through selection among full-sib families. *Crop Science*, 7:369-370.
- Lyerly, P. J. (1942) Some genetic and morphological characters affecting the popping expansion of popcorn. *Journal American Society of Agronomy, Madison*, 34:986-995.
- Marques, M. J. B. S. G. S. M. (2000) *Número mínimo de famílias de meios-irmãos de milho pipoca: critério de seleção e predição de ganhos por seleção*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Viçosa - MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 236p.
- Martins, I. S.; Cristo, R. C. M.; Santos, D. P. (2006) Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptos grandis* Hill x *Maiden*. *Cerne*, Lavras, 12(3):287-291.
- Matta, F. P.; Viana, J. M. S. (2001) Testes de capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho pipoca. *Scientia Agrícola*, 58(4):845-851.
- Merlo, E.; Fornasieri Filho, D.; Lam-Sánchez, A. (1988) Avaliação de sete cultivares de milho pipoca (*Zea mays*, L.) em três densidades de semeadura. *Científica*, São Paulo, 16(2):245-251.
- 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. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília- DF, 38(6):681-688.
- Miranda, G. V.; Souza, L. V.; Galvão, J. C. C.; Guimarães, L. J. M.; Melo, A. V.; Santos, I. C. (2007) Genetic variability and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. *Euphytica*: DOI 10.1007/s10681-007-9598-9.

- 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.
- 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, 1-6.
- Pacheco, C. A. P.; Castoldi, F. L.; Alvarenga E. M. (1996) Efeito do dano mecânico na qualidade fisiológica e na capacidade de expansão de sementes de milho pipoca. *Revista Brasileira de Sementes*, 18(2):267-270.
- Pacheco, C. A. P.; Gama, E. E. G.; Guimarães, P. E. O.; Santos, M. S.; Ferreira, A. S. (1998) Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 33:1995-2001.
- Paterniani, E. e Miranda Filho, J. B. (1978) Melhoramento de populações. In: Paterniani, E. (Ed.) *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba, Esalq, 202-246.
- Paterniani, E.; Campos, M. S. (1999) *Melhoramento do milho*. In: Borém, A. (Organizador). *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: Editora UFV, 429-485.
- Peluzio, J. B. E. (1999) *Utilização de métodos multivariados na seleção em milho*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Viçosa - MG, Universidade Federal de Viçosa - UFV, 119p.
- Pereira, M. G.; Amaral Júnior, A. T. (2001) Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1:3-10.

- Pesek, J.; Baker, R.J. (1969) Desired improvement in relation to selection indices. *Can. J. Plant. Science*, Ottawa, 1:215-274.
- Pinto, R. J. B. (1995) *Introdução ao melhoramento genético de plantas*. Maringá: Editora da Universidade Estadual de Maringá. 275p.
- Programa Milho UFV (2008) Disponível em <www.ufv.br/dft/milho>. Acesso em 07 jan 2008.
- Ramalho, M. A. P. (1977) Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Tese (Doutorado). ESALQ/USP, 122 p.
- Ramalho, M. A. P.; Santos, J.B.; Zimmermann, M. J. O. (1993) *Genética Quantitativa em Plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia, GO, 271p.
- Rangel, R. M.; Amaral Júnior, A. T.; Viana, A. P.; Freitas Júnior, S. P.; Pereira, M. G. (2007) Prediction of popcorn hybrid and composites means. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 7(3):287-295.
- Ratkovic, S.; Dumanovic, J. (1991) Distribution of oil content in the maize ear. *Savremena Poljoprivreda*, 39(3):19-25.
- Rinaldi, D. A.; Carpentieri-Pípolo, V.; Gerage, A. C.; Ruas, C. F.; Fonseca Júnior, N. S.; Souza, A.; Souza, S. G. H.; Garbuglio, D. D. (2007) Correlação entre heterose e divergência genética estimadas por cruzamentos dialélicos e marcadores RAPD em populações de milho-pipoca. *Bragantia*, Campinas, 66(2):183-192.
- Robbins Júnior, W. A.; Ashman, R. B. (1984) Parent-offspring popping expansion correlations in progeny of dent corn x popcorn and flint corn x popcorn crosses. *Crop Science*, 24(1):119-121.

- Russell, W. A. (1985) Comparison of the hybrid performance of maize inbred lines developed from the original and improved cycles of BSSS. *Maydica*, 30: 407-419.
- Santos, F. S. (2005) *Seleção Recorrente entre famílias de meios-irmãos da população UNB-2U de milho pipoca (Zea mays L.)*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 96p.
- Santos, F. S.; Amaral Júnior, A. T.; Freitas Júnior, S. P.; Rangel, M. R.; Pereira, M. G. (2007) Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. In: *Bragantia*, Campinas, 66(3):389-396.
- Santos, F. S.; Daros, M.; Amaral Júnior, A. T.; Pereira, M. G.; Tardin, F. D.; Riva, E. M. (2003) Uso do índice de seleção de Smith e Hazel na população de milho de pipoca UNB-2U para obtenção do segundo ciclo de seleção recorrente. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2003, Porto Seguro-BA. Anais. Porto Seguro: Brazilian Society of Plant breeding, 2:5-5.
- SAS (1985) SAS user's guide: statistics. NC Cary, Nova York. 958p.
- Sawazaki, E. (2001) A cultura do milho pipoca no Brasil. *O Agrônomo*, Campinas, 53(2):11-13.
- Sawazaki, E.; Fantin, G. M.; Dudienas, C.; Castro, G. (2003) Resistência de genótipos de milho pipoca a doenças. *Revista de Agricultura*, Piracicaba, 78(1):149-164.
- Sawazaki, E.; Paterniani, M. E. A. G. Z.; Castro, J. L.; 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.

- Scapim CA, Pinto RJB, Amaral Júnior AT, Mora F and Dandolini TS (2006) Combining ability of white grain popcorn populations. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 6: 136-146.
- Scapim, C. A.; Carvalho, C. G. P.; Cruz, C. D. (1995) Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 30(5):683-686.
- 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-SP, 61(3):219-230.
- 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, O. S. (1983) Evaluation of recurrent selection in BSSS, BSCB1, and BS13 maize populations. *Crop Sci.*, 23:35-40.
- Souza Jr., C. L. (1987) Reciprocal recurrent selection with half-sib progênies obtained alternately from non-inbred (S0) and inbred (S1) plants in maize. *Maydica*, 32: 19-31.
- Souza Jr., C. L. (1993) Comparisons of intra-, interpopulation, and modified recurrent selection methods. *Rev. Brasil. Genet.*, 16: 91-105.
- Souza Jr., C. L. (1999) Recurrent selection and heterosis. In: Coors, J.G. e S. Pandey (ed.) *Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*. Madison: American Society of Agronomy, 524 p.

- Souza Jr., C. L. (2001) Melhoramento de espécies alógamas. In: Nass, L.L. *et al.* (Ed.) *Recursos Genéticos e Melhoramento, Plantas*. Rondonópolis: Fundação MT. 1183p.
- Steel, R. G. D.; Torrie, J. H. (1980) *Principles and procedures of statistics: a biometrical approach*. New York: McGraw-Hill Book Company, 633p.
- Tardin, F. D. (2006) *Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 92p.
- 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.
- Verma, R.K.; Singh, T.P. (1979) Inter relations among certain quantitative traits in popcorn. Mysore, *Journal Agricultural Science*, 13:15-18.
- Vilarinho, A. A.; Viana, J. M. S.; Santos, J. F.; Câmara, T. M. M. (2003) Eficiência da seleção de progênies S_1 e S_2 de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. *Bragantia*, Campinas-SP, 62(1):9-17.
- Vilela, F. O.; Amaral Júnior, A. T.; Pereira, M. G.; Scapim, C. A.; Viana, A. P.; Freitas Júnior, S. P. (2008) Effect of recurrent selection on the genetic variability of the UNB-2U popcorn population using RAPD markers. *Acta Scientiarum Agronomy*, 30:25-30.
- Willians, J. S. (1962) The evaluation of a selection index. *Biometrics*, North Carolina, 18:375-393.
- Zanette, V. A. (1989) Análise da variabilidade genética em populações de milho pipoca (*Zea mays* L.) I. Heterose da capacidade de expansão do grão. *Agronomia Sulriograndense*, Porto Alegre, 25(2):173-181.

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. *Melhoramento e produção do milho*. Campinas, Fundação Cargill, p. 413-421.

APÊNDICES

APÉNDICE A

Tabela 13 - Teste Scott-Knott a 5% de probabilidade para sete características avaliadas em 200 famílias de irmãos completos e testemunha de milho pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

Tratamentos	Médias Características													
	NE		ED		EP		PE		PG		CE		FLOR	
1	30,00	a	2,00	b	4,75	a	3495,00	a	2937,50	a	24,50	c	61,25	a
2	30,00	a	3,75	a	2,50	b	3172,50	a	2667,50	a	25,40	c	53,75	b
3	26,25	b	3,00	b	2,25	b	3275,00	a	2795,00	a	23,85	d	55,00	b
4	27,00	b	1,25	b	3,00	b	3300,00	a	2745,00	a	30,45	a	57,75	a
5	35,50	a	5,00	a	3,25	b	3187,50	a	2567,50	a	24,33	c	56,50	b
6	25,50	b	4,75	a	5,50	a	2260,00	b	1767,50	b	32,65	a	57,75	a
7	31,25	a	2,25	b	3,00	b	3615,00	a	2957,50	a	29,33	b	57,25	b
8	24,50	b	4,25	a	2,75	b	2220,00	b	1832,50	b	30,05	a	59,00	a
9	27,75	a	4,25	a	3,25	b	3050,00	a	2452,50	a	21,93	e	60,00	a
10	28,25	a	2,25	b	3,75	a	3095,00	a	2512,50	a	20,50	e	55,00	b
11	26,00	b	2,00	b	3,75	a	2935,00	a	2362,50	a	26,88	c	59,50	a
12	27,50	a	2,00	b	2,50	b	3190,00	a	2527,00	a	26,40	c	56,00	b
13	25,25	b	5,50	a	2,00	b	3285,00	a	2237,50	b	21,78	e	56,00	b
14	28,00	a	5,75	a	4,25	a	2640,00	b	2117,50	b	20,88	e	60,50	a
15	28,25	a	3,50	b	4,50	a	2877,50	a	2240,00	b	23,20	d	57,75	a
16	26,25	b	3,75	a	2,50	b	2690,00	b	2257,50	b	25,80	c	57,25	b
17	29,75	a	3,25	b	6,00	a	3550,00	a	2830,00	a	21,90	e	56,00	b
18	24,75	b	4,50	a	4,50	a	2090,00	b	1700,00	b	25,30	c	60,75	a
19	29,00	a	3,25	b	3,50	b	2975,00	a	2467,50	a	25,85	c	56,00	b
20	29,00	a	2,75	b	3,25	b	2625,00	b	2145,00	b	29,73	b	57,75	a
21	30,75	a	1,50	b	3,50	b	3430,00	a	2712,50	a	24,90	c	60,00	a
22	29,75	a	5,50	a	3,00	b	2892,50	a	2352,50	a	26,45	c	58,25	a
23	26,75	b	4,50	a	3,00	b	3240,00	a	2642,50	a	23,05	d	57,00	b
24	23,00	b	0,75	b	2,25	b	2590,00	b	2105,00	b	24,75	c	60,75	a
25	30,75	a	5,25	a	4,00	a	3060,00	a	2550,00	a	28,08	b	58,00	a
26	30,75	a	1,75	b	1,75	b	3825,00	a	3130,00	a	25,03	c	56,00	b
27	27,75	a	4,00	a	2,00	b	3070,00	a	2415,00	a	27,50	c	55,50	b
28	30,25	a	2,50	b	4,25	a	3070,00	a	2427,50	a	31,35	a	56,75	b
29	30,75	a	3,75	a	3,50	b	3542,50	a	2882,50	a	26,55	c	56,75	b
30	30,50	a	2,00	b	5,00	a	3385,00	a	2390,00	a	26,93	c	54,75	b
31	35,25	a	5,50	a	2,75	b	3735,00	a	2920,00	a	27,00	c	57,25	b
32	20,25	b	1,75	b	2,75	b	2460,00	b	1747,50	b	26,65	c	61,25	a
33	28,25	a	3,25	b	7,00	a	2815,00	b	2285,00	b	22,43	d	55,50	b
34	22,50	b	1,50	b	4,75	a	2470,00	b	2042,50	b	26,83	c	59,00	a
35	27,75	a	6,00	a	4,25	a	3075,00	a	2352,50	a	17,93	f	56,00	b
36	24,25	b	3,25	b	4,00	a	3205,00	a	2582,50	a	28,45	b	55,50	b
37	28,50	a	2,25	b	3,50	b	3335,00	a	2695,00	a	26,13	c	54,25	b
38	28,75	a	3,00	b	2,75	b	3357,50	a	2500,00	a	27,50	c	58,00	a
39	28,75	a	4,75	a	2,50	b	3545,00	a	2872,50	a	24,50	c	55,50	b
40	26,00	b	2,75	b	2,25	b	3005,00	a	2435,00	a	31,13	a	56,25	b
41	25,25	b	2,50	b	4,50	a	3385,00	a	2717,50	a	22,00	e	58,00	a
42	24,25	b	0,75	b	2,00	b	3205,00	a	2390,00	a	24,63	c	56,50	b
43	28,25	a	2,00	b	4,25	a	3270,00	a	2707,50	a	22,80	d	56,00	b
44	31,75	a	1,50	b	4,75	a	3460,00	a	2662,50	a	26,25	c	58,50	a
45	30,00	a	1,75	b	2,75	b	3170,00	a	2592,50	a	26,10	c	59,50	a
46	23,50	b	2,50	b	3,25	b	2815,00	b	2205,00	b	24,75	c	58,50	a
47	26,00	b	1,75	b	3,00	b	3165,00	a	2617,50	a	26,45	c	56,75	b
48	26,50	b	2,75	b	2,75	b	3040,00	a	2470,00	a	25,10	c	57,75	a
49	24,50	b	1,50	b	4,00	a	3565,00	a	2907,50	a	25,90	c	57,25	b
50	29,75	a	4,00	a	2,00	b	2955,00	a	2470,00	a	24,48	c	54,75	b
51	32,50	a	6,75	a	2,00	b	3205,00	a	2570,00	a	21,10	e	55,00	b
52	24,25	b	1,50	b	4,25	a	2645,00	b	2115,00	b	25,13	c	59,75	a

53	28,00	a	5,50	a	1,50	b	2695,00	b	2172,50	b	27,03	c	54,75	b
54	36,00	a	4,00	a	3,50	b	3680,00	a	2860,00	a	27,33	c	56,00	b
55	25,50	b	1,00	b	1,75	b	3110,00	a	2710,00	a	25,05	c	54,75	b
56	25,25	b	4,25	a	2,75	b	3015,00	a	2462,50	a	21,65	e	59,50	a
57	22,00	b	2,25	b	3,75	a	2535,00	b	2072,50	b	21,58	e	58,50	a
58	32,25	a	5,50	a	1,50	b	2930,00	a	2330,00	b	28,30	b	58,50	a
59	27,50	a	2,75	b	4,25	a	3090,00	a	2482,50	a	31,30	a	57,75	a
60	26,25	b	1,75	b	6,25	a	3077,50	a	2495,00	a	23,80	d	57,75	a
61	27,75	a	3,25	b	4,75	a	3105,00	a	2445,00	a	26,83	c	58,00	a
62	27,50	a	3,00	b	3,25	b	3135,00	a	2555,00	a	23,70	d	54,00	b
63	29,50	a	1,75	b	4,00	a	3167,50	a	2542,50	a	25,00	c	59,75	a
64	36,50	a	2,25	b	4,00	a	4210,00	a	3205,00	a	22,18	e	59,00	a
65	30,75	a	4,50	a	4,00	a	3190,00	a	2590,00	a	28,70	b	60,25	a
66	25,25	b	3,25	b	2,00	b	3235,00	a	2645,00	a	28,33	b	55,00	b
67	26,00	b	1,25	b	6,00	a	3382,50	a	2730,00	a	24,15	d	59,25	a
68	30,25	a	4,00	a	2,75	b	3020,00	a	2507,50	a	25,73	c	58,25	a
69	27,00	b	4,50	a	3,25	b	3087,50	a	2490,00	a	25,20	c	54,75	b
70	26,00	b	1,25	b	5,25	a	3020,00	a	2430,00	a	32,53	a	58,75	a
71	26,75	b	2,50	b	3,25	b	2855,00	b	2307,50	b	18,68	f	57,50	b
72	27,50	a	4,25	a	3,00	b	2955,00	a	2112,50	b	24,00	d	54,75	b
73	30,75	a	3,00	b	3,75	a	2880,00	a	2275,00	b	27,88	b	58,50	a
74	28,75	a	6,50	a	1,50	b	2965,00	a	2202,50	b	25,40	c	55,50	b
75	34,75	a	4,25	a	4,00	a	2857,50	b	2442,50	a	28,25	b	58,50	a
76	27,25	b	4,25	a	1,00	b	3035,00	a	2417,50	a	23,95	d	58,00	a
77	24,50	b	1,25	b	2,50	b	3075,00	a	2357,50	a	23,70	d	55,25	b
78	21,75	b	4,00	a	1,25	b	2812,50	b	2202,50	b	28,18	b	58,25	a
79	29,50	a	3,25	b	4,25	a	3055,00	a	2430,00	a	30,38	a	59,50	a
80	24,50	b	2,00	b	3,25	b	2845,00	b	2122,50	b	22,75	d	55,50	b
81	25,75	b	5,75	a	4,00	a	2875,00	a	1925,00	b	25,93	c	59,50	a
82	23,75	b	1,75	b	4,75	a	2820,00	b	2257,50	b	14,58	g	57,25	b
83	32,00	a	0,75	b	1,00	b	3465,00	a	2885,00	a	28,45	b	56,25	b
84	24,25	b	0,50	b	4,25	a	2920,00	a	2382,50	a	26,13	c	58,25	a
85	26,00	b	7,75	a	3,25	b	2365,00	b	1847,50	b	28,93	b	61,25	a
86	32,50	a	2,50	b	4,50	a	3322,50	a	2837,50	a	22,40	d	59,50	a
87	26,00	b	3,75	a	1,50	b	2941,50	a	2337,50	b	24,40	c	56,50	b
88	27,25	b	1,00	b	3,00	b	3125,00	a	2532,50	a	24,35	c	55,25	b
89	26,75	b	3,25	b	2,50	b	2975,00	a	2320,00	b	27,70	c	59,00	a
90	26,25	b	2,50	b	3,00	b	3205,00	a	2647,50	a	24,08	d	57,25	b
91	25,00	b	2,00	b	4,50	a	3105,00	a	2585,00	a	27,58	c	55,50	b
92	31,25	a	7,00	a	3,00	b	3072,50	a	2480,00	a	26,10	c	54,25	b
93	22,25	b	4,00	a	3,75	a	2582,50	b	2045,00	b	20,25	e	58,25	a
94	28,25	a	4,50	a	3,00	b	2870,00	a	2240,00	b	18,08	f	58,25	a
95	29,00	a	5,25	a	2,50	b	3392,50	a	2770,00	a	21,40	e	56,25	b
96	27,00	b	3,50	b	2,75	b	3327,50	a	2635,00	a	31,88	a	57,75	a
97	22,25	b	3,00	b	3,75	a	2385,00	b	1810,00	b	24,63	c	56,50	b
98	20,75	b	2,00	b	2,75	b	2617,50	b	2130,00	b	22,53	d	60,00	a
99	30,00	a	3,50	b	3,75	a	3320,00	a	2617,50	a	21,35	e	61,25	a
100	28,75	a	7,25	a	3,00	b	3370,00	a	2602,50	a	21,08	e	58,50	a
101	21,75	b	3,25	b	5,50	a	2510,00	b	2047,50	b	21,65	e	56,25	b
102	29,00	a	6,25	a	5,00	a	3140,00	a	2502,50	a	26,45	c	57,75	a
103	26,00	b	5,00	a	3,00	b	2430,00	b	1992,50	b	27,55	c	55,50	b
104	33,25	a	5,50	a	4,00	a	3505,00	a	2805,00	a	26,45	c	57,25	b
105	26,00	b	5,50	a	2,50	b	2362,50	b	1752,50	b	27,20	c	60,75	a
106	23,75	b	3,75	a	5,00	a	2445,00	b	1910,00	b	22,43	d	61,50	a
107	20,25	b	0,75	b	4,00	a	2275,00	b	1832,50	b	22,65	d	58,25	a
108	23,75	b	2,00	b	2,75	b	2195,00	b	1777,50	b	26,98	c	58,25	a
109	23,00	b	2,75	b	2,75	b	2685,00	b	2220,00	b	26,63	c	60,00	a
110	25,00	b	3,25	b	2,75	b	2380,00	b	1820,00	b	19,45	f	57,00	b
111	24,00	b	1,25	b	2,50	b	3417,50	a	2877,50	a	27,45	c	55,00	b
112	22,25	b	4,00	a	2,75	b	2385,00	b	2290,00	b	25,18	c	59,25	a
113	30,25	a	2,25	b	3,50	b	3487,50	a	2892,50	a	26,93	c	56,25	b
114	25,25	b	5,50	a	4,00	a	2925,00	a	2255,00	b	27,98	b	56,75	b

115	31,75	a	8,25	a	2,50	b	3007,50	a	2230,00	b	23,35	d	58,00	a
116	29,25	a	4,50	a	2,00	b	3300,00	a	2720,00	a	26,20	c	54,00	b
117	25,75	b	2,00	b	5,00	a	2460,00	b	1862,50	b	27,45	c	57,00	b
118	32,75	a	2,00	b	5,00	a	3085,00	a	2557,50	a	25,10	c	58,25	a
119	33,25	a	1,50	b	4,25	a	3465,00	a	2870,00	a	24,70	c	57,50	b
120	24,25	b	4,00	a	2,50	b	2620,00	b	2260,00	b	20,00	f	57,25	b
121	26,75	b	3,25	b	1,75	b	2712,50	b	2657,50	a	20,53	e	55,50	b
122	28,25	a	4,00	a	2,25	b	3470,00	a	2725,00	a	21,58	e	55,00	b
123	24,00	b	0,50	b	3,50	b	3500,00	a	2962,50	a	19,35	f	56,25	b
124	24,50	b	5,50	a	3,50	b	2712,50	b	2152,50	b	22,38	d	60,50	a
125	29,50	a	3,50	b	2,75	b	3642,50	a	2735,00	a	29,83	b	56,50	b
126	32,25	a	2,50	b	3,00	b	3445,00	a	2795,00	a	24,38	c	55,50	b
127	30,75	a	5,00	a	3,00	b	3305,00	a	2340,00	b	23,05	d	56,00	b
128	26,75	b	6,00	a	1,25	b	2685,00	b	2045,00	b	24,95	c	59,50	a
129	27,00	b	1,50	b	3,00	b	3515,00	a	2820,00	a	25,25	c	56,75	b
130	31,25	a	3,75	a	1,75	b	3627,50	a	2890,00	a	24,90	c	54,00	b
131	33,25	a	1,50	b	3,00	b	3130,00	a	2527,50	a	28,43	b	59,50	a
132	26,75	b	2,50	b	4,50	a	2905,00	a	2347,50	b	26,50	c	56,50	b
133	31,25	a	6,25	a	2,75	b	3450,00	a	2802,50	a	15,95	g	58,50	a
134	23,25	b	2,50	b	2,75	b	2450,00	b	2012,50	b	21,35	e	58,00	a
135	29,75	a	3,75	a	2,00	b	3577,50	a	2885,00	a	27,48	c	55,00	b
136	28,75	a	1,50	b	4,25	a	3445,00	a	2817,50	a	24,10	d	56,50	b
137	25,00	b	3,00	b	2,75	b	2610,00	b	2137,50	b	27,40	c	57,50	b
138	22,50	b	2,25	b	1,75	b	2585,00	b	2145,00	b	25,25	c	57,00	b
139	26,75	b	4,25	a	4,00	a	2772,50	b	2247,50	b	26,10	c	56,25	b
140	26,25	b	3,00	b	3,75	a	2957,50	a	2432,50	a	24,98	c	60,00	a
141	27,25	b	2,75	b	2,50	b	3135,00	a	2595,00	a	23,33	d	57,25	b
142	30,50	a	3,75	a	4,25	a	3460,00	a	2800,00	a	23,30	d	59,50	a
143	25,25	b	5,50	a	1,50	b	2740,00	b	2237,50	b	20,73	e	56,50	b
144	25,25	b	2,50	b	3,50	b	3250,00	a	2702,50	a	26,43	c	60,50	a
145	23,00	b	2,25	b	3,75	a	2925,00	a	2370,00	a	20,98	e	58,75	a
146	24,25	b	8,75	a	2,25	b	2387,50	b	1815,00	b	16,70	g	58,50	a
147	29,25	a	1,75	b	1,25	b	3260,00	a	2567,50	a	27,53	c	60,00	a
148	23,25	b	1,50	b	5,00	a	2920,00	a	2485,00	a	19,58	f	55,50	b
149	23,75	b	1,25	b	2,00	b	3230,00	a	2575,00	a	24,40	c	56,25	b
150	30,25	a	4,75	a	3,25	b	2810,00	b	2177,50	b	29,50	b	57,00	b
151	26,25	b	3,25	b	2,75	b	3285,00	a	2747,50	a	18,58	f	58,75	a
152	27,50	a	3,50	b	3,00	b	2755,00	b	2862,50	a	29,45	b	56,50	b
153	24,75	b	5,75	a	3,25	b	2140,00	b	1695,00	b	20,75	e	57,50	b
154	23,75	b	4,50	a	2,00	b	2620,00	b	2092,50	b	27,30	c	59,50	a
155	23,50	b	3,00	b	2,00	b	2815,00	b	2315,00	b	30,65	a	59,25	a
156	21,25	b	3,25	b	2,00	b	2425,00	b	1972,50	b	22,03	e	60,25	a
157	27,00	b	2,50	b	2,50	b	2485,00	b	2002,50	b	26,78	c	59,25	a
158	27,75	a	2,50	b	3,50	b	2816,00	b	2187,50	b	24,03	d	56,50	b
159	22,50	b	4,25	a	2,75	b	1685,00	b	1340,00	b	29,93	a	59,50	a
160	29,25	a	4,75	a	2,50	b	2497,50	b	1925,00	b	22,90	d	59,50	a
161	19,75	b	0,75	b	2,50	b	2055,00	b	1725,00	b	26,13	c	61,25	a
162	25,25	b	2,25	b	4,75	a	2230,00	b	1805,00	b	26,35	c	57,50	b
163	34,75	a	2,75	b	5,75	a	3085,00	a	2282,50	b	26,10	c	55,50	b
164	24,50	b	1,25	b	1,25	b	3152,50	a	2657,50	a	18,03	f	58,25	a
165	29,50	a	3,50	b	4,75	a	2780,00	b	2177,50	b	22,78	d	58,50	a
166	30,50	a	1,00	b	3,00	b	3590,00	a	2997,50	a	23,98	d	54,25	b
167	36,75	a	2,50	b	5,50	a	3485,00	a	3320,00	a	28,65	b	58,25	a
168	27,25	b	3,50	b	3,50	b	3100,00	a	2560,00	a	23,55	d	58,75	a
169	30,25	a	2,00	b	3,00	b	3387,50	a	2822,50	a	23,53	d	57,50	b
170	24,50	b	4,00	a	3,50	b	2095,00	b	1637,50	b	24,50	c	58,75	a
171	29,25	a	1,00	b	3,00	b	3315,00	a	2602,50	a	26,73	c	57,50	b
172	24,75	b	1,00	b	3,25	b	3582,50	a	2937,50	a	26,30	c	57,75	a
173	22,25	b	2,00	b	2,25	b	2100,00	b	1722,50	b	24,83	c	57,50	b
174	26,50	b	5,00	a	2,75	b	2345,00	b	1917,50	b	23,98	d	59,00	a
175	25,75	b	3,00	b	1,50	b	2635,00	b	2170,00	b	24,88	c	56,50	b
176	23,00	b	3,50	b	2,75	b	2465,00	b	2017,50	b	26,18	c	56,50	b

177	26,75	b	3,00	b	2,75	b	3385,00	a	2812,50	a	28,70	b	55,50	b
178	30,50	a	4,50	a	2,25	b	3462,50	a	2757,50	a	29,05	b	59,50	a
179	29,25	a	2,50	b	3,25	b	3875,00	a	3035,00	a	24,28	c	56,25	b
180	26,25	b	5,50	a	2,00	b	3100,00	a	2582,50	a	24,80	c	58,50	a
181	30,00	a	3,00	b	5,00	a	2992,50	a	2457,50	a	23,73	d	60,75	a
182	30,25	a	4,75	a	2,75	b	2395,00	b	1880,00	b	28,10	b	60,25	a
183	24,75	b	5,25	a	2,75	b	2560,00	b	2122,50	b	24,60	c	58,00	a
184	29,25	a	3,50	b	2,50	b	3292,50	a	2707,50	a	20,38	e	59,50	a
185	28,75	a	3,00	b	3,00	b	3475,00	a	2892,50	a	25,68	c	62,00	a
186	28,00	a	2,75	b	3,75	a	2560,00	b	2105,00	b	29,33	b	59,00	a
187	23,25	b	2,75	b	3,00	b	2165,00	b	1762,50	b	27,33	c	59,00	a
188	27,50	a	2,75	b	2,50	b	3050,00	a	2467,50	a	24,88	c	55,50	b
189	29,00	a	4,00	a	3,50	b	2322,50	b	1927,50	b	25,83	c	56,50	b
190	25,50	b	2,75	b	4,50	a	2635,00	b	2065,00	b	25,03	c	59,25	a
191	27,25	b	1,75	b	4,50	a	2975,00	a	2337,50	b	25,75	c	58,00	a
192	28,75	a	4,25	a	3,25	b	2495,00	b	1902,50	b	31,68	a	60,00	a
193	27,00	b	4,75	a	2,00	b	2617,50	b	2122,50	b	13,78	g	58,00	a
194	30,75	a	3,25	b	4,50	a	3490,00	a	2840,00	a	26,23	c	57,25	b
195	29,50	a	5,00	a	2,25	b	3390,00	a	2705,00	a	26,83	c	55,50	b
196	22,50	b	3,75	a	3,25	b	1610,00	b	1290,00	b	28,48	b	59,75	a
197	24,00	b	2,75	b	2,50	b	2380,00	b	1947,50	b	30,63	a	55,25	b
198	27,75	a	1,50	b	4,25	a	3107,50	a	2474,00	a	25,15	c	60,75	a
199	23,75	b	3,25	b	5,00	a	2525,00	b	1982,50	b	19,05	f	57,75	a
200	19,25	b	1,25	b	3,25	b	2225,00	b	1782,50	b	24,40	c	61,75	a
Ciclo 0	22,22	b	3,88	a	3,50	b	2162,81	b	1699,44	b	19,35	f	57,72	a
Ciclo 1	24,53	b	4,00	a	2,69	b	2890,31	a	2247,19	b	21,80	e	55,88	b
Ciclo 2	28,25	a	3,78	a	3,22	b	3085,63	a	2497,81	a	22,89	d	55,75	b
Ciclo 3	27,09	b	3,47	b	3,31	b	3315,00	a	2741,88	a	24,66	c	57,53	b
Angela	23,94	b	2,94	b	4,34	a	2635,50	b	1955,00	b	30,22	a	60,13	a

Médias seguidas de mesma letra, na mesma coluna, não diferem estatisticamente entre si pelo Teste Scott-Knott a 5% de probabilidade.

^{1/} NE = número médio de espigas; ED = número médio de espigas doentes; EP = número médio de espigas com pragas; PE = peso médio de espigas com grão; RG = rendimento de grãos; CE = capacidade de expansão e FLOR = número de dias para o florescimento.

APÊNDICE B

Tabela 14 - Teste Scott-Knott a 5% de probabilidade para sete características avaliadas em 2000 famílias de irmãos completos e testemunha de milho pipoca. Campos dos Goytacazes e Itaocara, 2006.

Tratamentos	Médias Características													
	P100		AP		AE		NP		NPQ		NPA		EMP	
1	11,48	c	2,10	a	1,29	a	25,25	a	2,75	b	0,50	c	2,75	a
2	12,11	b	1,89	b	1,31	a	22,50	b	5,50	b	0,50	c	0,75	b
3	12,07	b	1,83	b	1,18	b	23,50	a	7,50	a	1,50	c	2,00	b
4	11,98	c	1,84	b	1,15	b	22,25	b	2,25	b	1,25	c	1,75	b
5	9,90	d	1,99	a	1,21	b	24,25	a	3,50	b	4,00	a	2,00	b
6	9,22	d	1,74	b	1,22	b	21,00	b	8,00	a	0,75	c	3,00	a
7	11,90	c	2,02	a	1,10	b	24,25	a	4,00	b	1,00	c	2,00	b
8	10,91	c	1,73	b	1,15	b	22,00	b	3,75	b	0,00	c	2,00	b
9	10,61	d	1,94	b	1,06	b	22,00	b	4,75	b	0,00	c	2,75	a
10	12,53	b	1,74	b	1,15	b	24,75	a	1,25	b	0,25	c	2,25	a
11	11,81	c	2,11	a	1,30	a	21,75	b	6,00	a	2,50	b	1,25	b
12	13,26	a	1,81	b	1,32	a	24,00	a	7,75	a	0,75	c	1,75	b
13	13,98	a	1,88	b	1,11	b	24,50	a	5,00	b	1,75	b	1,25	b
14	12,10	b	2,13	a	1,39	a	23,00	a	4,00	b	1,25	c	3,25	a
15	12,12	b	2,00	a	1,17	b	23,25	a	2,50	b	1,00	c	3,75	a
16	10,80	d	1,89	b	1,26	a	21,75	b	7,25	a	2,50	b	1,50	b
17	13,65	a	1,98	a	1,19	b	22,75	b	8,25	a	0,00	c	1,25	b
18	10,84	d	1,83	b	1,18	b	19,75	b	6,50	a	0,75	c	1,50	b
19	13,80	a	1,96	a	1,22	b	23,00	a	3,00	b	1,50	c	4,25	a
20	10,43	d	1,94	b	1,26	a	21,50	b	4,50	b	1,25	c	1,75	b
21	12,17	b	2,03	a	1,27	a	23,25	a	6,25	a	2,75	b	1,50	b
22	12,93	b	1,95	a	1,17	b	24,00	a	6,25	a	0,50	c	2,50	a
23	11,56	c	2,03	a	1,28	a	21,75	b	5,50	b	0,50	c	1,50	b
24	11,76	c	1,93	b	1,15	b	21,75	b	3,00	b	0,50	c	1,75	b
25	11,18	c	1,97	a	1,19	b	22,75	b	3,25	b	1,75	b	2,00	b
26	11,19	c	1,85	b	1,11	b	22,75	b	6,50	a	0,50	c	2,50	a
27	12,25	b	2,04	a	1,26	a	24,50	a	7,00	a	1,00	c	1,00	b
28	11,48	c	2,10	a	1,29	a	25,25	a	2,75	b	0,50	c	2,75	a
29	13,79	a	2,10	a	1,39	a	25,00	a	5,00	b	3,00	a	2,50	a
30	12,81	b	1,85	b	1,18	b	24,25	a	8,00	a	0,25	c	1,50	b
31	11,49	c	2,11	a	1,34	a	23,75	a	9,25	a	1,25	c	2,25	a
32	12,07	b	2,05	a	1,26	a	21,25	b	3,00	b	1,00	c	2,25	a
33	12,98	b	1,89	b	1,14	b	21,50	b	9,25	a	0,00	c	4,25	a
34	12,15	b	1,98	a	1,18	b	22,75	b	2,75	b	0,00	c	0,75	b
35	12,97	b	1,99	a	1,30	a	22,50	b	8,50	a	0,25	c	3,50	a
36	13,56	a	1,89	b	1,14	b	22,50	b	2,75	b	1,25	c	2,75	a
37	13,19	a	1,81	b	1,08	b	24,25	a	3,50	b	0,00	c	3,25	a
38	11,35	c	1,88	b	1,29	a	24,00	a	3,75	b	0,75	c	0,75	b
39	12,58	b	2,00	a	1,19	b	24,25	a	5,25	b	0,75	c	2,75	a
40	11,40	c	2,03	a	1,27	a	20,50	b	5,00	b	0,00	c	2,50	a
41	14,21	a	2,16	a	1,23	a	23,00	a	4,00	b	1,00	c	3,00	a
42	11,24	c	1,92	b	1,11	b	21,50	b	7,25	a	1,75	b	3,25	a
43	13,60	a	1,92	b	1,15	b	24,50	a	6,00	a	0,25	c	1,50	b
44	11,03	c	1,92	b	1,17	b	24,00	a	6,50	a	0,00	c	3,25	a
45	11,98	c	1,94	b	1,18	b	24,75	a	5,00	b	1,00	c	2,00	b
46	12,09	b	2,05	a	1,20	b	23,00	a	7,50	a	0,50	c	3,75	a
47	13,72	a	1,71	b	1,30	a	22,25	b	6,75	a	2,75	b	3,00	a
48	11,28	c	1,79	b	1,09	b	23,00	a	4,75	b	1,00	c	1,50	b
49	12,49	b	1,89	b	1,03	b	24,00	a	5,00	b	0,50	c	3,25	a
50	12,04	b	1,64	b	1,06	b	23,00	a	9,00	a	0,50	c	3,00	a
51	10,76	d	1,81	b	1,19	b	24,25	a	8,25	a	0,00	c	3,50	a
52	11,98	c	1,96	a	1,20	b	24,75	a	5,00	b	0,50	c	0,00	b
53	11,57	c	1,76	b	1,18	b	20,75	b	7,50	a	0,25	c	1,25	b
54	11,37	c	2,16	a	1,24	a	22,75	b	7,50	a	2,00	b	0,50	b

55	13,00	b	2,11	a	1,23	a	23,50	a	3,75	b	0,75	c	2,25	a
56	12,83	b	2,04	a	1,19	b	24,25	a	5,75	b	0,50	c	2,50	a
57	11,68	c	2,07	a	1,17	b	17,75	b	5,50	b	0,75	c	4,25	a
58	10,99	c	2,01	a	1,22	b	21,50	b	6,25	a	0,75	c	1,00	b
59	11,66	c	1,96	a	1,29	a	21,75	b	7,50	a	1,50	c	1,00	b
60	10,92	c	1,72	b	1,34	a	23,00	a	3,75	b	0,75	c	1,25	b
61	11,87	c	2,02	a	1,26	a	24,00	a	3,75	b	2,25	b	4,25	a
62	13,29	a	1,99	a	1,33	a	22,75	b	9,75	a	0,00	c	2,50	a
63	11,47	c	2,16	a	1,29	a	21,50	b	6,75	a	1,75	b	4,75	a
64	13,45	a	2,08	a	1,37	a	25,50	a	2,50	b	0,75	c	1,50	b
65	9,64	d	1,99	a	1,23	a	24,25	a	8,25	a	0,50	c	2,75	a
66	14,26	a	1,92	b	1,13	b	23,50	a	5,00	b	1,25	c	1,75	b
67	13,42	a	2,02	a	1,22	b	22,75	b	5,50	b	1,25	c	1,75	b
68	12,67	b	1,96	a	1,38	a	24,00	a	5,50	b	1,00	c	0,75	b
69	12,12	b	2,00	a	1,29	a	19,75	b	7,00	a	0,00	c	1,25	b
70	11,67	c	2,18	a	1,40	a	24,50	a	5,00	b	1,00	c	2,75	a
71	11,44	c	1,82	b	1,12	b	23,25	a	2,75	b	0,25	c	5,50	a
72	12,12	b	1,82	b	1,14	b	24,25	a	5,75	b	1,00	c	1,00	b
73	10,58	d	2,07	a	1,32	a	23,75	a	3,75	b	1,25	c	2,00	b
74	11,07	c	2,09	a	1,21	b	22,75	b	3,25	b	0,50	c	2,50	a
75	11,28	c	2,02	a	1,18	b	23,25	a	5,00	b	1,50	c	2,50	a
76	10,92	c	1,99	a	1,19	b	23,25	a	7,50	a	0,00	c	2,50	a
77	12,85	b	1,83	b	1,21	b	25,75	a	8,00	a	0,25	c	1,25	b
78	11,95	c	2,12	a	1,32	a	23,25	a	5,25	b	0,75	c	2,50	a
79	11,41	c	1,96	a	1,24	a	22,50	b	6,00	a	1,50	c	2,25	a
80	12,22	b	2,00	a	1,05	b	23,25	a	2,25	b	1,00	c	2,00	b
81	10,37	d	2,07	a	1,20	b	22,25	b	1,00	b	3,50	a	3,25	a
82	13,71	a	2,04	a	1,16	b	23,75	a	5,50	b	1,00	c	2,50	a
83	11,45	c	1,73	b	1,30	a	21,75	b	7,50	a	3,50	a	1,00	b
84	13,67	a	1,85	b	1,15	b	21,25	b	4,50	b	0,75	c	2,50	a
85	13,15	a	2,10	a	1,25	a	24,50	a	3,00	b	1,75	b	1,75	b
86	13,18	a	2,02	a	1,25	a	23,25	a	6,50	a	1,00	c	0,75	b
87	11,67	c	1,85	b	1,25	a	22,50	b	5,25	b	0,75	c	3,00	a
88	12,81	b	2,02	a	1,22	b	24,25	a	8,75	a	0,25	c	2,75	a
89	11,87	c	1,93	b	1,19	b	22,50	b	6,50	a	1,50	c	0,50	b
90	11,34	c	1,84	b	1,24	a	22,00	b	3,75	b	0,75	c	1,75	b
91	13,51	a	2,00	a	1,16	b	24,75	a	7,00	a	1,25	c	0,50	b
92	11,36	c	1,82	b	1,21	b	23,00	a	6,25	a	3,50	a	2,00	b
93	12,77	b	1,83	b	1,24	a	19,75	b	4,50	b	2,00	b	1,25	b
94	13,65	a	2,09	a	1,24	a	21,25	b	4,75	b	0,75	c	1,00	b
95	14,35	a	1,86	b	1,13	b	23,50	a	4,50	b	0,75	c	3,25	a
96	15,19	a	1,96	a	1,26	a	24,00	a	5,50	b	0,25	c	2,50	a
97	11,67	c	1,80	b	0,98	b	23,25	a	6,50	a	0,00	c	1,25	b
98	12,66	b	1,90	b	1,22	b	22,00	b	9,25	a	0,00	c	2,75	a
99	11,51	c	2,05	a	1,35	a	23,75	a	5,25	b	1,50	c	3,50	a
100	12,71	b	1,95	a	1,19	b	22,50	b	8,25	a	0,50	c	2,25	a
101	13,45	a	1,90	b	1,26	a	21,25	b	9,25	a	0,00	c	2,75	a
102	11,24	c	1,97	a	1,19	b	24,00	a	6,50	a	0,25	c	3,50	a
103	11,40	c	2,08	a	1,28	a	23,75	a	5,50	b	0,00	c	0,75	b
104	12,87	b	1,96	a	1,18	b	23,00	a	10,00	a	0,50	c	3,25	a
105	10,15	d	1,73	b	1,10	b	21,75	b	6,00	a	2,50	b	2,00	b
106	13,52	a	1,99	a	1,30	a	21,75	b	3,25	b	1,75	b	3,50	a
107	11,93	c	2,02	a	1,27	a	25,50	a	3,00	b	0,50	c	3,75	a
108	10,83	d	1,96	a	1,25	a	18,25	b	4,25	b	0,50	c	0,75	b
109	12,98	b	2,09	a	1,38	a	20,50	b	4,25	b	6,00	a	3,25	a
110	12,70	b	2,07	a	1,23	a	22,50	b	3,75	b	0,75	c	0,75	b
111	12,45	b	1,79	b	1,16	b	24,75	a	5,25	b	0,50	c	2,75	a
112	12,22	b	1,79	b	1,24	a	22,25	b	5,25	b	0,50	c	2,50	a
113	10,80	d	2,04	a	1,34	a	24,25	a	7,75	a	0,75	c	1,75	b
114	12,25	b	2,02	a	1,28	a	22,00	b	7,00	a	1,25	c	3,00	a
115	13,39	a	2,15	a	1,25	a	22,00	b	8,50	a	1,50	c	2,25	a
116	10,83	d	1,93	b	1,29	a	24,75	a	4,75	b	0,50	c	1,00	b

117	11,94	c	2,12	a	1,24	a	22,25	b	10,00	a	1,75	b	0,25	b
118	10,29	d	1,80	b	1,14	b	20,75	b	9,25	a	0,25	c	3,00	a
119	12,09	b	1,76	b	1,11	b	22,00	b	5,50	b	0,25	c	1,25	b
120	14,14	a	1,88	b	1,20	b	22,50	b	5,25	b	2,00	b	1,00	b
121	13,19	a	1,87	b	1,09	b	22,00	b	9,00	a	1,75	b	2,25	a
122	12,65	b	2,07	a	1,27	a	23,00	a	6,75	a	1,50	c	1,00	b
123	13,83	a	2,00	a	1,34	a	23,50	a	2,50	b	3,25	a	3,25	a
124	11,60	c	1,91	b	1,20	b	22,00	b	6,75	a	0,75	c	0,75	b
125	12,84	b	1,82	b	1,16	b	25,25	a	7,75	a	0,75	c	2,25	a
126	11,87	c	1,89	b	1,22	b	24,00	a	6,25	a	0,50	c	1,25	b
127	11,99	c	1,91	b	1,35	a	21,50	b	7,00	a	1,00	c	1,75	b
128	12,14	b	2,24	a	1,46	a	23,00	a	2,75	b	1,50	c	0,50	b
129	12,30	b	1,98	a	1,35	a	24,75	a	9,50	a	1,25	c	1,25	b
130	12,22	b	1,97	a	1,19	b	22,75	b	11,50	a	0,75	c	2,25	a
131	10,99	c	1,89	b	1,30	a	24,25	a	6,25	a	2,00	b	0,50	b
132	11,61	c	1,61	b	1,09	b	23,75	a	6,50	a	0,00	c	2,50	a
133	13,59	a	1,99	a	1,32	a	23,25	a	3,50	b	1,00	c	2,50	a
134	13,45	a	2,01	a	1,19	b	23,25	a	3,75	b	1,00	c	2,25	a
135	11,67	c	1,97	a	1,12	b	23,75	a	2,50	b	1,50	c	2,50	a
136	12,13	b	1,90	b	1,20	b	24,00	a	8,25	a	0,75	c	1,50	b
137	11,43	c	1,80	b	1,25	a	22,25	b	4,00	b	1,75	b	1,75	b
138	12,86	b	1,87	b	1,13	b	22,00	b	3,25	b	0,75	c	1,75	b
139	12,20	b	2,02	a	1,29	a	25,25	a	10,00	a	0,25	c	2,75	a
140	11,57	c	1,91	b	1,10	b	23,00	a	6,00	a	2,50	b	3,00	a
141	12,68	b	1,98	a	1,26	a	25,50	a	4,00	b	1,00	c	2,50	a
142	12,13	b	2,11	a	1,35	a	24,50	a	8,50	a	0,50	c	2,75	a
143	11,69	c	1,93	b	1,29	a	25,00	a	3,75	b	0,50	c	1,75	b
144	12,17	b	2,04	a	1,25	a	21,75	b	3,50	b	2,00	b	1,50	b
145	12,97	b	2,05	a	1,30	a	22,75	b	5,50	b	0,75	c	2,00	b
146	13,40	a	2,00	a	1,23	a	22,75	b	6,00	a	1,50	c	0,75	b
147	12,21	b	2,00	a	1,18	b	23,50	a	4,00	b	3,00	a	1,75	b
148	14,64	a	1,92	b	1,14	b	23,50	a	5,75	b	3,50	a	1,50	b
149	13,50	a	1,85	b	1,20	b	22,25	b	3,50	b	0,75	c	1,50	b
150	10,39	d	1,86	b	1,23	a	20,75	b	7,25	a	0,75	c	0,50	b
151	13,24	a	2,08	a	1,19	b	23,00	a	6,25	a	2,00	b	2,00	b
152	12,18	b	1,94	b	1,20	b	24,50	a	8,75	a	0,75	c	0,25	b
153	11,58	c	1,93	b	1,20	b	22,75	b	7,75	a	0,75	c	1,75	b
154	10,23	d	1,95	a	1,17	b	22,25	b	6,75	a	1,25	c	1,75	b
155	9,91	d	1,88	b	1,13	b	22,25	b	8,25	a	0,25	c	1,00	b
156	10,86	d	1,97	a	1,24	a	18,75	b	6,25	a	0,00	c	0,75	b
157	12,66	b	2,02	a	1,28	a	22,25	b	6,75	a	4,00	a	0,75	b
158	12,45	b	1,92	b	1,16	b	24,00	a	8,50	a	0,25	c	1,50	b
159	9,86	d	1,99	a	1,30	a	23,50	a	4,00	b	3,00	a	3,50	a
160	11,97	c	1,98	a	1,25	a	23,00	a	2,75	b	2,50	b	0,75	b
161	11,96	c	1,92	b	1,14	b	24,00	a	4,50	b	0,50	c	1,75	b
162	9,38	d	1,79	b	1,16	b	22,00	b	9,75	a	0,25	c	3,00	a
163	10,79	d	2,03	a	1,28	a	24,50	a	4,00	b	2,25	b	1,75	b
164	14,27	a	1,92	b	1,11	b	22,50	b	8,00	a	0,00	c	1,00	b
165	13,23	a	2,05	a	1,22	b	24,75	a	2,75	b	0,75	c	1,25	b
166	12,78	b	1,92	b	1,06	b	23,25	a	3,00	b	0,50	c	0,50	b
167	11,25	c	2,00	a	1,35	a	24,50	a	4,75	b	2,75	b	1,00	b
168	11,91	c	1,86	b	1,22	b	23,00	a	8,50	a	0,75	c	0,50	b
169	11,62	c	2,01	a	1,31	a	23,25	a	8,00	a	1,75	b	2,00	b
170	11,34	c	1,97	a	1,18	b	22,75	b	2,50	b	0,00	c	1,75	b
171	11,03	c	2,00	a	1,28	a	24,00	a	6,75	a	1,25	c	2,00	b
172	15,49	a	1,95	a	1,30	a	24,00	a	6,75	a	2,00	b	3,25	a
173	10,11	d	1,85	b	1,17	b	20,25	b	6,50	a	2,00	b	0,50	b
174	10,29	d	1,91	b	1,24	a	22,75	b	6,25	a	0,00	c	1,50	b
175	12,38	b	1,91	b	1,11	b	24,00	a	5,75	b	0,25	c	1,25	b
176	12,83	b	1,92	b	1,19	b	24,00	a	7,75	a	0,25	c	2,00	b
177	12,08	b	2,02	a	1,31	a	21,75	b	5,75	b	2,25	b	2,75	a
178	10,81	d	2,01	a	1,30	a	24,50	a	4,50	b	0,50	c	1,75	b

179	11,34	c	2,03	a	1,27	a	24,00	a	6,75	a	1,25	c	1,50	b
180	12,62	b	2,01	a	1,32	a	24,00	a	7,50	a	1,75	b	0,50	b
181	11,13	c	2,06	a	1,32	a	22,75	b	8,75	a	2,00	b	3,25	a
182	10,43	d	2,12	a	1,27	a	22,50	b	6,00	a	4,00	a	0,75	b
183	11,96	c	1,97	a	1,23	a	20,00	b	8,00	a	0,00	c	2,75	a
184	12,42	b	1,95	a	1,26	a	21,75	b	9,25	a	0,00	c	1,75	b
185	12,28	b	2,11	a	1,40	a	22,00	b	4,75	b	2,50	b	3,75	a
186	11,43	c	1,91	b	1,30	a	24,00	a	4,75	b	0,75	c	1,00	b
187	10,55	d	1,91	b	1,18	b	21,50	b	3,75	b	2,50	b	0,25	b
188	10,49	d	1,92	b	1,27	a	22,00	b	7,00	a	0,25	c	0,75	b
189	9,88	d	1,84	b	1,12	b	22,75	b	7,75	a	0,00	c	0,75	b
190	11,34	c	1,99	a	1,22	b	23,00	a	8,00	a	0,50	c	0,00	b
191	12,39	b	1,95	a	1,25	a	24,00	a	5,00	b	4,50	a	2,50	a
192	8,11	d	1,88	b	1,22	b	22,25	b	6,25	a	0,00	c	4,75	a
193	12,83	b	2,12	a	1,31	a	21,50	b	8,75	a	3,25	a	4,25	a
194	13,25	a	1,96	a	1,27	a	22,75	b	6,25	a	0,50	c	3,00	a
195	10,42	d	1,92	b	1,26	a	22,25	b	10,75	a	0,75	c	0,75	b
196	10,04	d	1,97	a	1,24	a	20,00	b	7,00	a	3,00	a	0,75	b
197	11,62	c	2,01	a	1,15	b	22,00	b	4,50	b	1,00	c	1,00	b
198	10,09	d	1,96	a	1,20	b	23,25	a	6,25	a	0,50	c	0,50	b
199	11,69	c	2,03	a	1,30	a	22,75	b	6,00	a	0,00	c	2,00	b
200	12,43	b	2,15	a	1,29	a	24,50	a	3,50	b	1,75	b	3,00	a
Ciclo 0	11,54	c	1,92	b	1,18	b	19,97	b	8,84	a	0,44	c	1,50	b
Ciclo 1	11,78	c	1,96	a	1,21	b	22,22	b	8,06	a	0,97	c	1,38	b
Ciclo 2	11,62	c	1,93	b	1,21	b	22,94	a	6,75	a	0,88	c	1,50	b
Ciclo 3	12,27	b	1,98	a	1,28	a	22,28	b	5,66	b	1,22	c	2,13	a
Angela	11,83	c	1,88	b	1,23	a	20,81	b	6,44	a	0,56	c	0,88	b

Médias seguidas de mesma letra, na mesma coluna, não diferem estatisticamente entre si pelo Teste Scott-Knott a 5% de probabilidade.

P100 = peso médio de cem grãos; AP = altura de plantas; AE = altura de espigas; NP = estande final; NPQ = número médio de plantas quebradas; NPA = número médio de plantas acamadas e EMP= número médio de espigas mal empalhadas.