

**ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA INTRA E
INTERPOPULACIONAIS NA IMPLEMENTAÇÃO DE SELEÇÃO
RECORRENTE RECÍPROCA EM MILHO-PIPOCA**

DIVINO ROSA DOS SANTOS JUNIOR

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
JANEIRO – 2023**

ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA INTRA E
INTERPOPULACIONAIS NA IMPLEMENTAÇÃO DE SELEÇÃO
RECORRENTE RECÍPROCA EM MILHO-PIPOCA

DIVINO ROSA DOS SANTOS JUNIOR

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

Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Junior

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
JANEIRO – 2023

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S237

Santos Junior, Divino Rosa dos.

ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA INTRA E INTERPOPULACIONAIS NA IMPLEMENTAÇÃO DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM MILHO-PIPOCA / Divino Rosa dos Santos Junior. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2023.

70 f.

Bibliografia: 48 - 58.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2023.
Orientador: Antonio Teixeira do Amaral Junior.

1. Milho-pipoca. 2. Seleção recorrente . 3. Ganhos genéticos . 4. Índice de seleção . 5. Heterose . I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA INTRA E INTERPOPULACIONAIS NA IMPLEMENTAÇÃO DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM MILHO-PIPOCA

DIVINO ROSA DOS SANTOS JUNIOR

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

Aprovada em 24 de janeiro de 2023.

Comissão Examinadora:



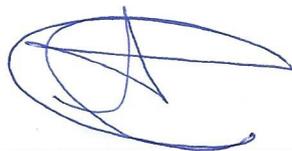
Prof.^a Amanda Gonçalves Guimarães (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
UFSC



Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) - UENF



Dr. Samuel Henrique Kamphorst (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



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

DEDICATÓRIA

“Dedico todo o esforço que depositei neste trabalho à minha família, em especial às minhas avós, Iolanda Rosa e Maria Letice (in memorian)”.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A elaboração deste trabalho não teria sido possível sem a colaboração, estímulo e empenho de diversas pessoas. Gostaria, por este fato, de expressar toda a minha gratidão e apreço a todos aqueles que, direta ou indiretamente, contribuíram para que esta tarefa se tornasse uma realidade. A todos, quero manifestar os meus sinceros agradecimentos.

Deus esteve ao meu lado e me deu força, ânimo e crença para não desistir e continuar lutando por este meu sonho e objetivo de vida.

Aos meus pais Divino Rosa e Joryan Dar'c, pelo amor, incentivo e apoio incondicional; às minhas irmãs Landa Letice e Jane Dayse, que nos momentos de minha ausência dedicados ao estudo, sempre fizeram entender que o futuro é feito a partir da constância do presente.

Ao professor Dr. Antônio Teixeira do Amaral Junior, para quem não há agradecimentos que cheguem.

Aos professores conselheiros Dr. Messias Gonzaga Pereira e Dr. Alexandre Pio Viana, pelo tempo, motivação, conselhos e esforço dedicados a este trabalho.

A esta instituição tão imponente eu agradeço pelo ambiente propício à evolução e crescimento, bem como a todas as pessoas que a tornam assim tão especial para quem a conhece.

A todos os colegas do LMGV, sobretudo ao grupo de pesquisa em milho-pipoca.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente, muito obrigado!

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1.INTRODUÇÃO	1
2.OBJETIVOS	3
2.1. Objetivo geral.....	3
2.2. Objetivos específicos.....	3
3.REVISÃO DA LITERATURA	4
3.1. Aspectos evolutivos, botânicos e importância socioeconômica do milho-pipoca....	4
3.2. Histórico de melhoramento de milho-pipoca no Brasil.....	6
3.3. Seleção recorrente.....	9
3.4. Índices de seleção.....	15
4.MATERIAIS E MÉTODOS	18
4.1. Materiais genéticos.....	18
4.1.1 Obtenção das famílias intrapopulacional e interpopulacionais.....	21
4.2. Avaliação das famílias e delineamento experimental.....	22
4.3. Características avaliadas.....	22
4.4. Análises estatísticas.....	23
4.4.1 Análise de variância conjunta e individual.....	23
4.4.2 Estimção dos parâmetros genéticos e ambientais.....	24
4.4.3 Estratégia de seleção.....	26
5.RESULTADOS E DISCUSSÃO	28

5.1. Variabilidade genética e ambiental	28
5.2. Distribuição das famílias, das médias e das heteroses.....	33
5.3. Componentes genéticos: a chave para a seleção em milho-pipoca	37
5.4. Ganhos esperados com a seleção.....	40
6.CONCLUSÕES	47
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	48

RESUMO

SANTOS JUNIOR, Divino Rosa dos; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; janeiro de 2023; Estimação de componentes de variância intra e interpopulacionais na implementação de seleção recorrente recíproca em milho-pipoca; Orientador: D.Sc. Antônio Teixeira do Amaral Junior; Conselheiros: Ph.D. Messias Gonzaga Pereira e D.Sc. Alexandre Pio Viana.

Tendo em vista a necessidade de desenvolvimento de novas cultivares de milho-pipoca e considerando as dúvidas na escolha dos métodos de melhoramento mais adequados para se obter progresso genético consistente simultaneamente para capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos (RG), desenvolveu-se este trabalho com o objetivo de aplicar a seleção recorrente interpopulacional e averiguar sua eficiência quanto aos ganhos genéticos no primeiro ciclo seletivo, em dois locais, além de investigar a resposta dos parâmetros genéticos, bem como os efeitos da heterose no controle das principais características agrônômicas em milho-pipoca. Foram constituídas duas populações (Pop.1, um composto sintético formado por nove linhagens pré-selecionadas para RG e CE; e Pop.2, composta pelo ciclo C10 de UENF-14). Foram avaliados 324 tratamentos, sendo 200 famílias de meios-irmãos – 100 do composto sintético e 100 da população UENF-14 –, 100 famílias de irmãos-completos entre as duas populações e 24 testemunhas. O experimento foi conduzido em campo, no delineamento em látice com três repetições em dois ambientes – Campos dos Goytacazes e Itaocara –, respectivamente regiões Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro, Brasil.

Realizou-se a decomposição da interação genótipos x ambientes e foram estimados os parâmetros genéticos, a heterose e os ganhos preditos pelo índice de Mulamba e Mock, com a seleção nos dois ambientes separados. Os parâmetros genéticos revelaram que há variabilidade a ser explorada nos sucessivos ciclos de seleção recorrente interpopulacional. Explorar a heterose para RG e CE e os componentes de rendimento é uma opção promissora para se obter aumentos no rendimento e na qualidade dos grãos. O índice de Mulamba e Mock foi eficiente em prever ganhos genéticos satisfatórios em RG e CE. A seleção recorrente interpopulacional é um método efetivo para proporcionar ganhos genéticos para as características com predominância da herança aditiva e de dominância.

Palavras Chaves: Milho-pipoca; Seleção recorrente; Ganhos genéticos; Índice de seleção; Heterose.

ABSTRACT

SANTOS JUNIOR, Divino Rosa dos; D.Sc.; State University of North Fluminense Darcy Ribeiro; January of 2023. Estimation of intra and interpopulation components of variance in the implementation of reciprocal recurrent selection in popcorn; Advisor: D.Sc. Antonio Teixeira do Amaral Júnior; Co-advisors: D.Sc. Alexandre Pio Viana and D.Sc. Messias Gonzaga Perreira.

This study was carried out to address the need to develop new popcorn cultivars and in view of the uncertainties in choosing the most appropriate breeding methods to ensure consistent genetic progress, simultaneously for both popping expansion and grain yield. The objectives were to use and evaluate the efficiency of interpopulation recurrent selection regarding genetic gains, to investigate the response in genetic parameters as well as heterotic effects on the control of the main agronomic traits of popcorn. Two populations were established (Pop1, a synthetic compound of nine lines pre-selected for grain yield (GY) and popping expansion (PE); and Pop2, corresponding to cycle C10 of population UENF-14). A total of 324 treatments were evaluated, which consisted of 200 half-sib families (100 of Pop1 and 100 of Pop2), 100 full-sib families of the two populations and 24 controls. The field experiment was arranged in a lattice design with three replications in two environments, Campos dos Goytacazes and Itaocara, respectively, in the North and Northwest regions of the state of Rio de Janeiro, Brazil. The genotype x

environment interaction was partitioned and the genetic parameters, heterosis and predicted gains were estimated by the Mulamba and Mock index, based on selection results in both environments. The genetic parameters detected variability that can be explored in successive interpopulation recurrent selection cycles. Exploring heterosis for GY, PE and yield components is a promising option to increase grain yield and quality. The Mulamba and Mock index was efficient in predicting the genetic gains in GY and PE. Interpopulation recurrent selection proved effective to provide genetic gains for traits with predominantly additive inheritance and dominance.

Keywords: Popcorn; Recurrent selection; Genetic gains; Selection index; Heterosis.

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) é uma espécie originária do Continente Americano e sua utilização é exclusiva para o consumo humano (Pinho et al., 2003). O Brasil é o segundo maior consumidor de pipoca, sendo que o maior mercado está concentrado nos Estados Unidos da América. Em 2018 o Brasil produziu aproximadamente 260 mil toneladas de pipoca e gerou uma movimentação de US\$ 628 milhões de dólares. Além disso, há uma projeção de crescimento na produção de 48% até o ano de 2024 (Pereira Filho e Borghi, 2019).

Atualmente a maioria das sementes de milho-pipoca utilizadas em cultivo no Brasil é importada dos EUA e da Argentina, implicando em aumentos nos custos de produção. As principais características que impulsionam a escolha de sementes são bons rendimentos e elevada qualidade dos grãos (Paterniani et al., 2020). Neste contexto, o desenvolvimento de cultivares de milho-pipoca com alto potencial agrônomico, isto é, que apresentem alto rendimento de grãos e elevada capacidade de expansão, é de importância indispensável para estimular a expansão do cultivo da cultura com sementes originadas de pesquisas com melhoramento no Brasil (Amaral Junior et al., 2013; Guimarães et al., 2018; Castro et al., 2022).

Considerando o controle genético e a herança das principais características agrônomicas na cultura de milho-pipoca, desde o advento do trabalho clássico de Larish e Brewbaker (1999), há a concepção de que a capacidade de expansão é uma característica exclusivamente governada por genes de ação aditiva, ao passo que o rendimento de grãos possui primazia de expressão de efeito de dominância (Pereira e Amaral Junior, 2001; Daros et al., 2004b; Freitas Júnior et al., 2006; Rangel et al., 2011; Cabral et al., 2016). Em decorrência da exclusividade da ação

aditiva na expressão da capacidade de expansão, detectada em alguns trabalhos, tem-se priorizado o desenvolvimento de métodos intrapopulacionais de melhoramento para a cultura (Pacheco et al., 1998b; Pereira e Amaral Junior, 2001; Daros et al., 2004b; Vieira et al., 2012; Lima et al., 2018). Entretanto, alguns estudos têm demonstrado que os efeitos de dominância podem também influenciar em alguma medida a capacidade de expansão e, portanto, torna-se um indicativo de que a exploração de híbridos possa ser uma opção também eficaz para o desenvolvimento de cultivares com maiores rendimentos (Babo et al., 2006; Li et al., 2007; Coan et al., 2019; Santos et al., 2020).

Dentre os métodos de melhoramento com populações em milho-pipoca, a seleção recorrente intrapopulacional vem sendo realizada com o propósito de aumentar as frequências de alelos favoráveis, predominantemente para a capacidade de expansão, principal característica da qualidade dos grãos e que apresenta primazia de expressão de efeitos genéticos aditivos (Daros et al., 2004b; Freitas et al., 2014; Guimarães et al., 2019). No entanto, considerando a perspectiva da dominância ser partícipe na herança da capacidade de expansão, o uso da seleção recorrente interpopulacional merece destaque, uma vez que este método proporciona aumentar gradativamente as frequências de alelos favoráveis das populações *per se*, além de potencializar os ganhos para características que apresentam efeito genético de dominância, por meio da exploração da heterose. Além disso, o método permite, ao final de cada ciclo, a extração de híbridos que apresentem potenciais produtivos, qualitativos e que sejam competitivos para a extração de linhagem, e/ou serem comercializados (Souza Junior, 2001; Heinz et al., 2012).

Até o presente momento, apenas um trabalho envolvendo a seleção recorrente interpopulacional na cultura de milho-pipoca foi desenvolvido (Viana et al., 2013). Deste modo, surgem as seguintes indagações científicas: Como se comportarão os componentes de variância considerando as principais características agrônômicas para a cultura de milho-pipoca quando submetida à seleção recorrente recíproca? Qual a viabilidade do método de seleção recorrente interpopulacional para a obtenção de efetivos ganhos para capacidade de expansão em populações de milho-pipoca? Como se comportam distintas estruturas de famílias (FIC interpopulacionais *versus* FMI intrapopulacionais) quando comparadas aos ganhos para rendimento de grãos – e seus componentes – e capacidade de expansão na cultura do milho-pipoca?

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Averiguar os ganhos genéticos, investigar o comportamento dos parâmetros genéticos, bem como os efeitos da heterose no controle genético das principais características agronômicas em milho-pipoca quando submetido à seleção recorrente interpopulacional no primeiro ciclo em dois locais de cultivo.

2.2. Objetivos específicos

- ✓ Investigar a viabilidade do método de seleção recorrente interpopulacional para obtenção de ganhos para capacidade de expansão em híbridos de milho-pipoca;
- ✓ Avaliar a estrutura genética das populações *per se* na seleção recorrente interpopulacional; e,
- ✓ Estimar os ganhos genéticos do primeiro ciclo de seleção recorrente recíproca do Programa de Melhoramento de milho-pipoca da UENF
- ✓ .

3. REVISÃO DA LITERATURA

3.1. Aspectos evolutivos, botânicos e importância socioeconômica do milho-pipoca

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*), pertence à Família Poaceae (Goodman e Smith, 1987), Subfamília Panicoide, Tribo Maydeae, gênero *Zea*, espécie *Zea mays* L., var. *everta* (Sturtev) L.H. Bailey (Galinat, 1979; Paterniani e Campos, 2005). Trata-se de uma espécie cujas plantas são herbáceas, anuais, monoicas, alógamas e diploides, com $2n = 2x = 20$ cromossomos (Gaut et al., 2000; Tenailon et al., 2004).

Quanto ao processo evolutivo do milho-pipoca, a comunidade científica destaca três conjecturas como sendo as mais relevantes. A mais aceita, defendida por Beadle (1978) e Galinat (1974, 1977), sugere que o milho tenha se originado de forma direta e unicamente do teosinto, por intermédio de intensa seleção praticada pelo homem. Outra hipótese, aventada por Weatherwax (1954), sugere que o milho, o teosinto e o *Tripsacum* spp. se originaram de um ancestral comum. Por fim, a hipótese defendida por Mangelsdorf (1974) propala que o teosinto tenha se originado do milho; portanto, o milho seria o genoma ancestral.

Considerando ainda as hipotetizações do processo evolutivo, alguns pesquisadores persistem na existência de um provável parentesco entre milho (*Zea mays* spp.), teosinte (*Zea mays* spp. mexicana) e *Tripsacum* (Engels et al., 2006). Neste contexto, Oliveira et al. (2006), caracterizaram por meio de marcadores ISSR

52 acessos da coleção de germoplasma da UENF, incluindo milho-pipoca, milho comum, milho-doce, teosinte e *Tripsacum*, tendo verificado que o *Tripsacum* compartilhou maior número de marcas comuns com o milho-doce e o milho-pipoca, na comparação com os demais tipos de milho comum, favorecendo a hipótese de Poggio et al. (2005) de que o teosinte não é o único ancestral do milho-comum e que a introgressão de genes de *Tripsacum* no milho não deve ser desconsiderada.

Quanto aos aspectos botânicos, o milho-pipoca é caracterizado por ser uma espécie monoica, apresentando crescimento herbáceo anual, exibindo menor porte e número de folhas, colmo fino e raquíticos, grãos duros e pequenos, em relação a outros tipos de milho (Zinsly e Machado, 1987). Geralmente, as plantas de milho-pipoca são mais prolíficas, super precoces na maturação e na secagem dos grãos, além de produzirem perfilhos com maior frequência (Fantin et al., 1991).

Em comparação ao milho comum, o milho-pipoca apresenta ampla similaridade nos estágios fenológicos de crescimento e desenvolvimento da cultura, épocas de cultivos e tratos culturais (Freire, 2015). Em relação à ecofisiologia da cultura em foco, os genótipos tendem a ser mais sensíveis em respostas aos estresses bióticos e abióticos; neste sentido, destaca-se uma maior ocorrência de doenças, ataque de pragas, além de apresentarem um sistema radicular menos desenvolvido, ocorrendo maior acamamento e maior sensibilidade à seca (Goodman e Smith, 1987; Sawazaki, 2001).

A particularidade da capacidade de expansão dos grãos determina o milho-pipoca como um tipo especial de milho, o que também proporciona uma diferenciação em relação aos demais cereais pertencentes a este gênero e espécie (Weatherwax, 1922). O processo de expansão está associado com a forte pressão exercida no pericarpo pela água e óleo encontrados no interior dos grãos (Dalbello et al., 1995; Sawazaki, 2001). Quando os grãos são submetidos a temperaturas em torno de 180°C, a ação conjunta destes fatores resulta na expansão celular do endosperma em até 40 vezes do seu volume inicial, formando, assim, a pipoca (Silva et al., 1993; Dalbello et al., 1995).

Dentre as principais características desejáveis que determinam uma boa cultivar de milho-pipoca, predominam o rendimento de grãos – RG – desejado pelos produtores, e a capacidade de expansão – CE – dos grãos, que deve apresentar um valor mínimo de 30 mL g⁻¹ (Matta e Viana, 2001; Sawazaki, 2001), a qual é almejada pelos consumidores.

No que se refere aos aspectos nutricionais, a pipoca possui em sua composição predominantemente frações ricas de lipídios e carboidratos, além de proteínas, fibras e vitaminas, bem como substâncias antioxidantes (Sawazaki, 1996; Manarini, 2012). Um estudo realizado na Universidade de Scranton, nos Estados Unidos da América, mostrou que o pericarpo do milho-pipoca contém substâncias, como polifenóis, que possuem ação antioxidante, inibindo a atuação dos radicais livres no organismo, diminuindo, desta forma, o envelhecimento precoce, com menor risco de doenças cardíacas e oxidação de colesterol (Bertolucci, 2016). Neste contexto, Manarini (2012) recomenda o consumo diário da pipoca, em razão dos teores de antioxidantes e de suas características nutricionais, sendo considerado um alimento que deve ser incluído em dietas balanceadas.

O cultivo do milho-pipoca no Brasil apresenta-se como uma opção para o produtor rural, devido a sua alta rentabilidade econômica entre os denominados “milhos especiais”, bem como em decorrência do melhor preço alcançado no mercado se comparado com o do milho comum. O Brasil é o terceiro maior produtor e exportador de milho comum, mas as informações sobre a produção de milho-pipoca são consideradas apensadas neste contexto. Conforme disposto no Anuário Brasileiro de Milho (2018), o estado do Mato Grosso é considerado o maior produtor de milho-pipoca, tendo gerado cerca de 252 mil toneladas no ano de 2018. No entanto, a produção nacional não é suficiente para atender o mercado interno, necessitando de importações, principalmente dos Estados Unidos da América e da Argentina. Esta situação tem sido revertida por importantes avanços alcançados pelos programas de melhoramento (Arnhold et al., 2009; Amaral Junior et al., 2013; Pena et al., 2016).

Quanto à comercialização dos grãos de milho-pipoca, esta é realizada por meio da venda dos grãos empacotados, concretizada principalmente pelas empresas empacotadoras que detêm a maioria das cultivares registradas, ou pela venda do produto final, como ocorre nas salas de cinemas, em shows, escolas etc.

3.2. Histórico de melhoramento de milho-pipoca no Brasil

O melhoramento do milho-pipoca no Brasil iniciou-se no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) em 1932, lançando a primeira variedade nacional no ano de 1941, a qual se originou de ciclos de seleção massal da população *South*

American Mushroom (SAM), derivada da população *South American*, proveniente dos Estados Unidos da América. Após o lançamento da primeira variedade de milho-pipoca, houve uma estagnação nos trabalhos com este cereal por cerca de 47 anos. Os trabalhos foram, então, retomados, resultando no lançamento do híbrido simples IAC-112, em 1988, proveniente da combinação de linhagens da variedade SAM com linhagens oriundas do híbrido intervarietal (Guarani x UFV Amarelo), e também o híbrido triplo Zélia, comercializado pela Pionner (Sawazaki, 2001; Scapim et al., 2002).

Apesar de o Brasil expressar um aumento na produção de milho-pipoca, e uma conseqüente diminuição na importação, ainda é expressiva a quantidade de grãos importados. Neste contexto, o desenvolvimento de genótipos com alto potencial agrônômico é fundamental para estimular a expansão do cultivo do milho-pipoca (Amaral Junior et al., 2013). Atualmente, 166 registros deste cereal encontram-se descritos no Registro Nacional de Cultivares (RCN) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), destes, 132 são cultivares, 14 são linhagens e 7 são híbridos. As empresas privadas detêm 73 genótipos registrados, enquanto os centros de pesquisas públicos possuem 38 destes registros. Neste cenário, considerando os centros de pesquisas públicos, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro participa com aproximadamente 58% dos registros, ao passo que os 42% restantes são oriundos do Instituto Agrônômico de Campinas.

Por conseguinte, o lançamento de cultivares superiores, isto é, que apresentem elevada produtividade em congruência com alta capacidade de expansão, é de inequívoca importância (Amaral Junior et al., 2013). Desta forma, a seleção de genótipos com alta frequência de alelos favoráveis para as principais características é uma das estratégias que visa aumentar as possibilidades de seleção de genótipos com boa aptidão para rendimento de grãos e capacidade de expansão (Scapim et al., 2002).

Isso posto, o conhecimento da herança dos caracteres de importância econômica da cultura é de fundamental importância no auxílio ao melhorista para a escolha do método de melhoramento mais adequado a ser utilizado na obtenção de ganhos superiores (Hallauer et al., 2010).

No intento de compreender a estrutura genética, bem como estimar os componentes de variância e, conseqüentemente, a determinação do controle

genético das principais características em milho-pipoca, Pereira e Amaral Junior (2001) implementaram o Delineamento I de Comstock e Robinson (1948) na população UNB-2U, e observaram que a característica rendimento de grãos era governada predominantemente por genes de efeitos de dominância e que a capacidade de expansão possuía primazia de expressão por genes de efeitos aditivos. Em decorrência, deduziram que a melhor estratégia de melhoramento para incremento direto na capacidade de expansão e indireto para rendimento de grãos seria o uso de métodos intrapopulacionais com a obtenção de famílias de irmãos-completos.

Resultados equivalentes que apontaram a predominância dos efeitos aditivos para a capacidade de expansão e não-aditivos para rendimento de grãos foram observados por Daros et al. (2004), que monitoraram o comportamento de blocos gênicos em diferentes gerações de seleção recorrente; bem como por Freitas Júnior et al. (2006), que utilizaram um esquema de cruzamento em dialelo circulante; Rangel et al. (2011a), que trabalharam com método de seleção recorrente intrapopulacional em família de irmãos-completos; e por Cabral et al. (2016), que aplicaram um esquema de dialelo completo.

Todavia, alguns estudos revelaram resultados que discordam destas expressões no controle genético para as duas principais características da cultura do milho-pipoca, como demonstrado por Babo et al. (2006) e Li et al. (2007). Em estudos com a finalidade de detectar a magnitude e tipos dos efeitos genéticos da capacidade de expansão, desenvolveram mapas de QTLs a partir do cruzamento de milho-pipoca e milho dentado e, deste modo, identificaram marcas associadas à capacidade de expansão com efeito de dominância, dominância parcial e sobredominância (Babo et al., 2006; Li et al., 2007).

Mais recentemente, Oliveira (2016), por meio de análise dialélica de linhagem em S_3 observou a influência de efeitos não-aditivos na expressão da capacidade de expansão, recomendando desta forma, a exploração de híbridos para o aumento significativo da expansão da pipoca e da produtividade. Coan et al. (2019), no intento de melhor compreender a herança da característica capacidade de expansão (CE), efetuaram o cruzamento de milho-pipoca com milho dentado e observaram a ocorrência de efeitos gênicos aditivos e poligênicos em conjunto com genes de dominância, propondo a ocorrência de herança mista na expressão de CE. Santos et al. (2020) desenvolveram um estudo para quantificar o mérito

genético e o controle genético para doenças foliares em milho-pipoca e, para tanto, avaliaram oito linhagens e 56 híbridos oriundos de um esquema de dialelo completo incluindo os recíprocos, tendo detectado que o componente genético de variância para a capacidade de expansão foi predominantemente não-aditivo.

Em relação aos programas de melhoramento nacionais, no Brasil algumas instituições públicas desenvolvem programas de melhoramento funcionais com a cultura do milho-pipoca, a saber: Universidade Estadual de Maringá (UEM), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e Universidade Federal do Cariri (UFCA), Universidade Federal de Lavras (UFLA), Universidade Estadual de Londrina (UEL) e o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) desenvolve, desde 2001, um Programa de Melhoramento Genético com milho-pipoca, que culminou no lançamento da cultivar UENF 14 (Amaral Junior et al., 2013). O programa, que começou com o emprego da seleção recorrente genotípica intrapopulacional (Pereira e Amaral Junior, 2001), atualmente desenvolve diferentes linhas de pesquisas, como a seleção recorrente genômica (Schwantes et al., 2020; Mafra et al. 2021) e melhoramento para estresses abióticos – eficiência no uso do P, do N e tolerância ao déficit hídrico (Santos et al., 2017a; Gerhardt et al., 2019; Kamphorst et al., 2021; Khan et al., 2022; Leite et al., 2022) e a estresses bióticos (Kurosawa et al., 2017; Mafra et al., 2018; Santos et al., 2020; Santos Junior et al., 2022).

3.3. Seleção recorrente

A seleção recorrente foi primeiramente proposta por Hull (1945) e é empregada como uma re-seleção, geração após geração, com intercruzamento entre dois tipos de genótipos selecionados. Este método foi utilizado com a finalidade de obter recombinações gênicas com elevadas frequências de alelos favoráveis, níveis baixos de endogamia e alto grau de variabilidade genética (Pinto, 2009). Atualmente, a seleção recorrente consiste em um processo cíclico que tem por objetivo melhorar a *performance* dos caracteres sob seleção nas populações ou nos híbridos interpopulacionais, simultaneamente, mantendo a variabilidade genética em níveis adequados, de modo a permitir que o melhoramento populacional ocorra por longos períodos (Hallauer et al., 2010).

O processo de execução desta metodologia constitui-se em quatro fases: obtenção de progênies; avaliação das progênies em delineamentos estatísticos; seleção das progênies com *performance* superiores para as características desejadas; e, recombinação das progênies superiores selecionadas, tendo-se em conta que essas etapas são repetidas de forma cíclica, gerando a cada ciclo uma população melhorada (Hull, 1945; Hallauer et al., 2010).

Dependendo do objetivo do programa de melhoramento, do tipo de ação gênica que controla o caráter de interesse e dos recursos disponíveis, a seleção recorrente pode ser exercida por meio de duas estratégias: intrapopulacional e interpopulacional. A seleção recorrente intrapopulacional visa ao melhoramento da *performance* dos caracteres das populações *per se*, com enfoque no aumento da ação gênica aditiva (Pereira e Amaral Junior, 2001; Hallauer et al., 2010). Por outro lado, a seleção recorrente interpopulacional visa ao melhoramento da geração F₁ do cruzamento entre duas populações distintas, além de desenvolver linhagens com alta capacidade de combinação para produção de híbridos (Hallauer et al., 2010; Stein et al., 2016). Em ambos os casos, a seleção recorrente pode ser conduzida empregando-se os procedimentos massal ou massal estratificado, utilizando progênies de meios-irmãos, irmãos-completos ou endogâmicas (Hallauer et al., 2010).

De acordo com Souza Junior (2001), a seleção recorrente intrapopulacional é indicada em processos iniciais de programas de melhoramento, seja para incorporar germoplasmas exóticos ou para a adaptação de uma população, visto que a seleção fenotípica individual é feita correntemente para os caracteres que apresentem magnitudes elevadas de coeficiente de herdabilidade, ou seja, aqueles determinados por ação gênica do tipo aditiva. Considerando a cultura do milho-pipoca o método de seleção recorrente intrapopulacional é amplamente aplicado.

Pacheco et al. (1998a), após seis ciclos de seleção recorrente intrapopulacional, lançaram a variedade BRS Angela, originária do composto CMS 43, que por sua vez, foi oriundo de quatro ciclos de recombinação de 33 materiais do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Milho e Sorgo, selecionados para tolerância a *Helminthosporium turcicum* e *Puccinia* ssp., em 1979.

Vieira et al. (2017) avaliaram os compostos UEM-Co1 e UEM-Co2 originários de quatro ciclos de seleção recorrente intrapopulacional. Os autores indicaram os índices de Subandi (1973) e Mulamba e Mock (1978) como os mais

promissores na seleção, em decorrência dos ganhos genéticos mais elevados proporcionados para capacidade de expansão e rendimento de grãos entre famílias meios-irmãos.

Lima et al. (2018) utilizaram de índices de seleção para estimar os ganhos genéticos no primeiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional de milho-pipoca no Cariri Cearense entre 210 famílias de irmãos-completos, tendo sido selecionados 38 genótipos superiores para recombinação. Os ganhos esperados foram de 8,15% para capacidade de expansão e de 24,29% para rendimento de grãos.

O Programa de Seleção Recorrente de milho-pipoca da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) foi iniciado com uma população de polinização aberta, denominada de UNB-2U. Esta foi extraída de um composto indígena doado à Universidade de Brasília (UNB) pela ESALQ/USP, nomeado de UNB-1. No ano de 1993, o professor Joachim Friedrich Wilhelm Von Bülow levou para UENF a população UNB-1, a qual foi cruzada com a variedade de milho-pipoca SAM (*South American Mushroom*). A primeira geração filial foi, então, cruzada com uma variedade de milho-pipoca resistente a *Exserohilum turcicum* (helmintosporiose) e, a *posteriori*, foi submetida a dois ciclos de seleção massal, sequenciados por três retrocruzamentos com a variedade SAM, originando, assim, a população UNB-2. Esta, após dois ciclos de seleção massal, tornou-se a população UNB-2U (Pereira e Amaral Júnior, 2001), a qual foi melhorada por nove ciclos via seleção recorrente intrapopulacional.

Com o conseqüente desenvolvimento da população UNB-2U, Pereira e Amaral Júnior (2001) aplicaram o Delineamento I de Comstock e Robinson (1948) no intuito de investigar a melhor estratégia na obtenção de ganhos genéticos para as principais características da cultura de milho-pipoca – rendimento de grãos e capacidade de expansão –, sendo prescrita a seleção recorrente intrapopulacional como a melhor estratégia para obter-se ganhos, vez que a característica que necessitava de maiores incrementos genéticos era a capacidade de expansão, identificada como de controle por genes de ação aditiva. Foram estimados os ganhos genéticos propondo-se a utilização de diferentes métodos de seleção recorrente intrapopulacional, por meio do modelo preditivo de Eberhart (1970). Com base nos resultados, os maiores ganhos genéticos simultâneos para as duas principais características agrônômicas a partir de UNB-2U foram preditos com o

uso da estratégia de composição de famílias de irmãos-completos (Pereira e Amaral Junior, 2001).

Por conseguinte, Daros et al. (2002) implementaram o ciclo C_1 na população UNB-2U, fazendo o uso de 75 famílias de irmãos-completos. A avaliação das famílias irmãos-completos foi realizada em dois ambientes, no estado do Rio de Janeiro, no ano agrícola 1998/1999. Para estimar os ganhos genéticos, foram selecionadas as 30 famílias superiores obtidas de acordo com Falconer (1981), que resultaram em ganhos de 10,39% para capacidade de expansão e 4,69% produtividade de grãos. Na recombinação foram utilizadas 30 famílias superiores, que consistiu no plantio das 60 famílias S_1 correspondentes aos genitores autofecundados.

Na sequência, o ciclo C_2 foi desenvolvido utilizando 222 famílias endogâmicas (S_1), que foram avaliadas em dois ambientes na safra em 2001/2002. A seleção das 40 famílias superiores foi utilizada para estimar os ganhos preditos por meio do uso do índice Smith (1936) e Hazel (1943), que alcançaram 26,95% para rendimento de grãos e 17,80% para capacidade de expansão. Para a recombinação, foram utilizadas sementes remanescentes das 40 famílias endogâmicas S_1 selecionadas (Daros et al., 2004a).

No terceiro ciclo – C_3 – de UNB-2U, Santos et al. (2007) obtiveram 192 famílias de meios-irmãos. A avaliação foi realizada em dois ambientes em 2004/2005, das quais foram selecionadas 30 famílias superiores, por meio do índice de Mulamba e Mock (1978), obtendo-se ganhos genéticos de 7,16% para capacidade de expansão e de 10,00% para rendimento de grãos. A recombinação das famílias superiores foi realizada por meio das respectivas famílias S_1 .

De C_4 a C_8 os ciclos foram conduzidos de forma semelhante, tendo sido utilizadas em cada ciclo 200 famílias de irmãos-completos, com avaliação das progênes em dois ambientes e seleção das 30 famílias superiores, com base no índice Mulamba e Mock (1978) e a recombinação das melhores famílias efetuadas a partir das sementes S_1 . A estimação dos ganhos genéticos de rendimento e capacidade de expansão dos grãos proporcionaram, respectivamente, os seguintes ganhos, nesta ordem hierárquica de sequência dos ciclos: 8,50% e 10,55% (Freitas Júnior et al., 2009b); 8,53 e 6,01% (Rangel et al., 2011); 15,30% e 10,97% (Ribeiro et al., 2012); 7,78% e 5,11% (Freitas Junior et al., 2014); 4,60% e 3,61% (Guimarães et al., 2018).

O ciclo C₉ foi desenvolvido em duas etapas, a primeira realizada por meio de uma seleção baseada em avaliação fenotípica das progênies; para isso foram avaliadas 200 famílias de irmãos-completos oriundas do oitavo ciclo da população UENF-14 – assim denominada a partir do ciclo C₆, quando houve o registro de nova cultivar (Amaral Junior et al., 2013) –, a partir das quais 40 famílias superiores foram selecionadas (Guimarães et al., 2019), com ganhos preditos de 2,62% para capacidade de expansão e de 4,17% para rendimento grãos. A segunda etapa foi realizada por meio de uma seleção recorrente genômica (SRG) utilizando a população UENF-14 resultante também do ciclo C₈. Foram realizadas avaliações fenotípicas e análise de um painel denso de SNP_s para 98 progênies S₁ e, então, selecionadas 51 famílias superiores (Schwantes et al., 2020). Buscando-se manter a variabilidade na população sob ciclos de seleção recorrente, decidiu-se por juntar as progênies selecionadas por Guimarães et al. (2019) e Schwantes et al. (2020) e, assim foi realizada a recombinação no ano de 2019 para constituir a população de ciclo C₁₀.

Contrária à estratégia intrapopulacional, Comstock et al. (1949) propuseram a seleção recorrente interpopulacional, como uma alternativa para incrementar a resposta heterótica entre duas populações de milho específicas. Este método possibilita a exploração conjunta dos efeitos de capacidade geral e específica de combinação, com enfoque na obtenção de combinações híbridas superiores por meio do desenvolvimento de linhagens divergentes entre populações (Garbuglio e Araújo, 2006). Portanto, esta estratégia viabiliza explorar os efeitos dos desvios de dominância, devido à exploração da heterose, de modo que os genótipos que apresentem melhor capacidade de combinação com a população recíproca são recombinados entre si (Paterniani e Miranda Filho, 1987; Hallauer et al., 2010).

A seleção recorrente interpopulacional exige mais recursos e tempo para a realização de cruzamentos, autofecundações e avaliações das combinações. Contudo, a utilização desse tipo de seleção é bastante apreciada pelos melhoristas, pois, na maioria das vezes, o objetivo principal dos programas de melhoramento é a obtenção de híbridos mais produtivos e superiores aos existentes no mercado (Ribeiro Júnior et al., 2000; Souza Júnior et al., 2001; Stein et al., 2016).

Assim, por exemplo, Santos et al. (2005) utilizaram famílias de irmãos-completos das populações IG-1 e IG-2 para avaliar o efeito de três ciclos de seleção

recorrente recíproca para produtividade de grãos e estimaram ganhos médios de 4,07% por ciclo para esse caráter, o que sugere a eficiência no procedimento de seleção e melhoria das populações como fontes de linhagens para desenvolver híbridos comerciais. Reis et al. (2009), por sua vez, avaliaram o progresso genético para produtividade de grãos de híbridos interpopulacionais oriundos de três ciclos de seleção recorrente e estimaram ganhos de 7,9% por ciclo para esse caráter, destacando que este método de seleção é bastante eficiente.

Nas literaturas disponíveis, os trabalhos envolvendo seleção recorrente recíproca na cultura de milho-pipoca são raros, devido, provavelmente ao ainda desconhecimento de grupos heteróticos para a cultura, ou incipiência de populações em bancos de germoplasma que possam proporcionar complementações alélicas satisfatórias e, até mesmo, à premissa da primazia da aditividade na expressão da capacidade de expansão.

Nesse sentido, Faria et al. (2008) avaliaram a eficiência da seleção recorrente recíproca na produção de híbridos superiores em milho-pipoca. Foram avaliadas 188 e 136 famílias de irmãos-completos oriundas, respectivamente, de híbridos gerados nos ciclos C_1 e C_2 . Os resultados observados permitiram preconizar que o método proporcionou redução na variabilidade genotípica, porém com ganhos substanciais para capacidade de expansão e uma redução não relevante na média de produtividade; desta forma, atestaram a eficiência da seleção recorrente recíproca na produção de híbridos superiores do ciclo C_2 em relação aos híbridos oriundos do ciclo C_1 .

Viana et al. (2013a) avaliaram a eficiência relativa do valor genotípico e dos efeitos das capacidades gerais e específicas de combinação na seleção recorrente em duas populações de milho-pipoca, com base em dados simulados. Os resultados permitiram inferir que a utilização de famílias de meios-irmãos equivale à seleção com base nos efeitos de capacidade geral de combinação, e que a seleção recorrente recíproca é mais eficiente na utilização de famílias de irmãos-completos, visto que esta se relaciona ao valor genotípico e não nos efeitos da capacidade geral de combinação dos genitores independente da característica que se deseja incrementar na população. Corroborando com os resultados, Viana et al. (2013b) avaliaram a aplicação da melhor previsão linear não viesada (BLUP) na seleção recorrente recíproca em milho-pipoca em famílias de irmãos-completos oriundas dos ciclos C_1 e C_2 e de meios-irmãos de C_3 . Os resultados demonstraram

que a seleção de meios-irmãos é equivalente à seleção para a capacidade geral de combinação e que a técnica BLUP possibilita prever as capacidades gerais e específicas da combinação de famílias de irmãos-completos.

3.4. Índices de seleção

Nos programas de melhoramento a seleção de genótipos superiores, geralmente, apresenta alta complexidade devido ao fato dos caracteres agronômicos de maior relevância econômica serem de natureza quantitativa (Nogueira et al., 2012). Ainda nesta perspectiva na maioria dos casos, essas características apresentam baixa herdabilidade e não se correlacionam entre si, fatores que dificultam ainda mais a seleção. Quando possível de se realizar, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta significativamente a probabilidade de êxito de um programa de melhoramento (Rezende et al., 2014).

Neste contexto, a eficiência da seleção de um caráter pode ser aumentada com a utilização de caracteres agronômicos correlacionados (Paterniani e Campos, 2005). De acordo com Hallauer et al. (2010), a correlação estimada por meio do coeficiente de correlação tem importância no melhoramento de plantas, pois quantifica o grau de associação genético e não-genético entre dois ou mais caracteres. Cruz et al. (2012) ressaltam a importância das correlações, afirmando que essas associações quantificam a possibilidade de ganhos indiretos por seleção em caracteres correlacionados, e que caracteres de baixa herdabilidade têm a seleção mais eficiente quando realizada sobre caracteres que lhes são correlacionados.

Considerando a seleção de genótipos superiores na cultura do milho-pipoca, isto é, que contenham uma série de atributos favoráveis que atendam as necessidades tanto do produtor quanto do consumidor, não é tarefa fácil. Isso porque as duas principais características – rendimento de grãos e capacidade de expansão – possuem a predominância de associação negativa, dificultando, desta forma, a seleção direta (Willier e Brunson, 1927; Pacheco et al., 1998; Hallauer, 2001; Rangel et al., 2011).

Isto posto, para uma minimização deste inconveniente, recomenda-se a utilização de índices de seleção, os quais permitem combinar as múltiplas

informações dos caracteres e contribuem para a seleção dos genótipos superiores com base em um conjunto complexo de variáveis (Oliveira et al., 2011; Vieira et al., 2017). Desta forma, espera-se, assim, que haja melhor distribuição de ganhos genéticos para os caracteres (Teixeira et al., 2012; Berilli et al., 2013).

Face ao exposto muitos índices de seleção estão disponíveis na literatura, dentre eles, pode-se citar: Índice Clássico (Smith, 1936; Hazel, 1943), Base (Williams, 1962), Índice de Ganhos Desejados (Pesek e Baker, 1969), e Índice de Soma de Postos ou *Ranks* (Mulamba e Mock, 1978), cada um apresentando suas metodologias particulares de aplicação.

Neste contexto, o Índice de Smith (1936) e Hazel (1943) é também conhecido como Índice Clássico. Primeiramente, Smith (1936) propôs o uso do índice no melhoramento de plantas como critério de seleção de duas ou mais características simultaneamente correlacionadas. Este procedimento foi adaptado por Hazel (1943) para o melhoramento genético animal. Segundo esses autores, para se estabelecer o índice de seleção são necessários o valor econômico e as variâncias genotípicas e fenotípicas relativas a cada característica, bem como as covariâncias genotípicas e fenotípicas entre cada par de características.

O Índice de Williams (1962), denominado também de Índice-base, propõe a combinação linear dos valores fenotípicos médios das características, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos (Cruz et al., 2012), objetivando evitar a interferência de imprecisões das estimativas de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas.

Para substituir os pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção, Pesek e Baker (1969) sugeriram em um programa de seleção o uso de “ganhos genéticos desejados” de características individuais. 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.

Mulamba e Mock (1978) propuseram o índice com base na soma de postos (ou “ranks”), que consiste em classificar os genótipos em relação à cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificados, são

somadas as ordens de cada material genético referente a cada característica, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção.

Independentemente do índice considerado, sua utilização fornece um método objetivo, capaz de determinar o mérito relativo de uma série de genótipos, fornecendo uma base para diferenciá-los. Cada uma dessas metodologias pode ser utilizada, adotando um critério ou “peso” diferente para constituição do índice. Devido às dificuldades de estabelecer pesos econômicos, Cruz et al. (2012) propuseram que os pesos econômicos poderiam ser obtidos pelos estimadores dos parâmetros genéticos dos dados experimentais, como, por exemplo, a herdabilidade, o coeficiente de variação genotípico, o índice de variação das características avaliadas, além de pesos econômicos atribuídos arbitrariamente.

Embora todos estes índices sejam utilizados com êxitos na seleção de genótipos superiores na cultura do milho-pipoca, o índice de soma de *ranks* têm-se mostrado os de melhor eficiência.

Com base na utilização do índice proposto por Mulamba e Mock (1978), Vilarinho et al. (2003) realizaram um estudo sobre o desempenho das progênies S₁ e S₂ obtidas da população de pipoca Beija-Flor. Observaram ganhos favoráveis para as características de rendimento de grão e capacidade de expansão, recomendando, desta forma, a utilização deste índice para a seleção. Para selecionar progênies em uma população do terceiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional pela utilização de famílias de meios-irmãos, Santos et al. (2007) utilizaram pesos arbitrários e constataram que o índice Mulamba e Mock (1978) resultou em maiores ganhos preditos para a maioria das características, incluindo capacidade de expansão e rendimento de grãos, com valores proporcionais respectivos de 7,6 e 10,0%. Avaliando os ciclos de seleção recorrente da mesma população, Freitas Júnior et al. (2009b) no quarto ciclo; Rangel et al. (2011) no quinto; Ribeiro et al. (2012) no sexto; Freitas et al. (2014) no sétimo; e Guimarães et al. (2018) no oitavo, revelaram ganhos satisfatórios para capacidade de expansão e rendimento de grãos utilizando o índice de Mulamba e Mock (1978) como critério de seleção, demonstrando, desta forma sua eficiência na seleção de progênies superiores de milho-pipoca.

4. MATERIAIS E MÉTODOS

4.1. Materiais genéticos

Uma etapa importante na seleção recorrente é a escolha das populações. Neste sentido, os materiais genéticos utilizados neste estudo são de propriedade do programa de melhoramento de milho-pipoca da Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) Darcy Ribeiro e possuem conhecida base genética. Em se tratando de melhoramento interpopulacional, foram definidas duas populações, conforme descritas a seguir:

A população 1 (Pop. 1) foi sintetizada a partir do cruzamento ao acaso de nove linhagens pertencentes ao Banco de Germoplasma do Programa de Melhoramento Genético de milho-pipoca da UENF. Essas linhagens foram previamente avaliadas (Cabral et al., 2016; Santos et al., 2017b; Mafra et al., 2018) e selecionadas baseando-se em suas estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) para as duas principais características de interesse da cultura – rendimento de grãos e capacidade de expansão – bem como nas diferenças de genealógicas (Figura 1).

A obtenção da Pop. 1 foi realizada por meio de polinização aberta em campo isolado na Estação Experimental da PESAGRO-RIO, em Itaocara-RJ, região Noroeste Fluminense. Para isso, cada linhagem foi semeada em quatro linhas de 10,00 m de comprimento espaçadas em 0,90 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, utilizando duas plantas por cova, perfazendo um estande de 100

plantas por linha. Uma vez obtida a população sintética, esta foi submetida a uma recombinação. Para esse processo, as sementes foram misturadas em *bulk* de forma homogênea e posteriormente semeadas em 30 linhas seguindo as mesmas dimensões de plantio do processo anterior.

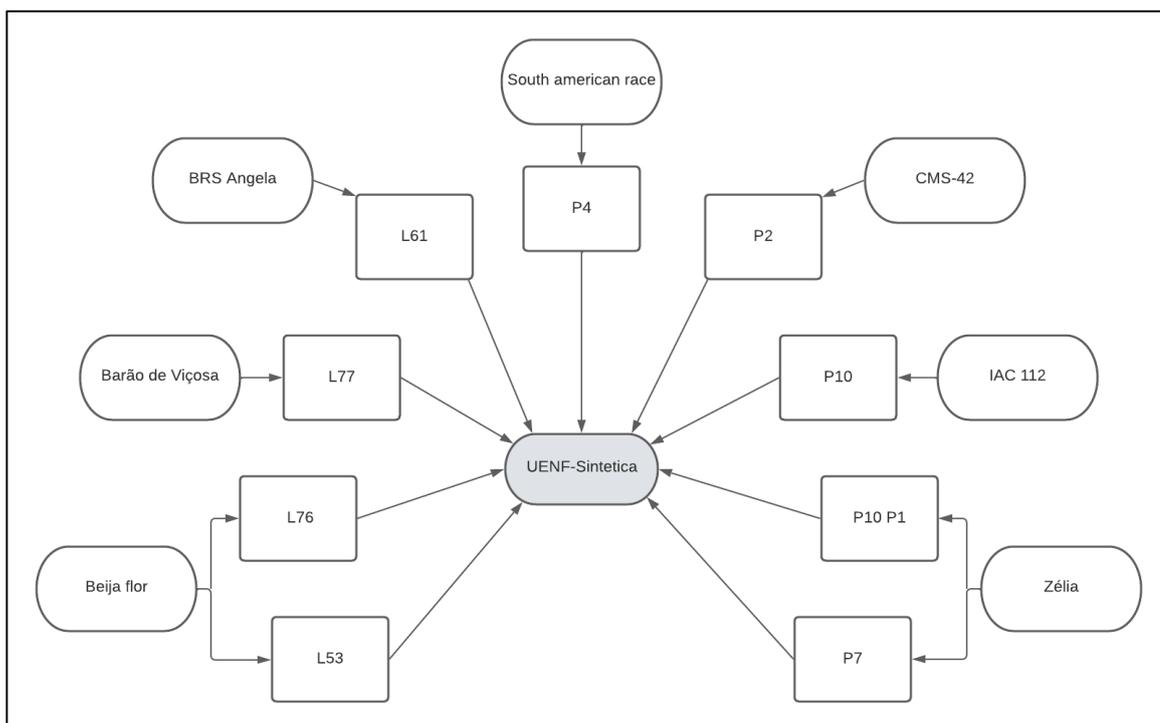


Figura 1. Fluxograma da genealogia da Pop.1 – UENF-sintética – do Programa de Melhoramento de milho-pipoca da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil.

A população 2 (Pop. 2) consistiu no ciclo C₁₀ de seleção recorrente intrapopulacional a partir de UNB-2U, que se tornou designada por UENF 14 a partir do sexto ciclo de seleção (Amaral Junior et al., 2013). A cultivar UENF 14 teve início com a população UNB-2U, sendo uma variedade de polinização aberta. Antes de chegar à UENF, esta variedade se constituiu de um composto indígena doado à Universidade de Brasília (UNB) pela ESALQ/USP, que recebeu o nome de UNB-1. Posteriormente, a UNB-1 foi trazida para a UENF pelo professor Joachim Friedrich Wilhelm Von Bülow no ano de 1993 e cruzada com a variedade de milho-pipoca SAM (*South American Mushroom*). Esta primeira geração filial foi, então, cruzada com uma variedade de milho-pipoca resistente a *Exserohilum turcicum*

(helmintosporiose). Após dois ciclos de seleção massal, foram feitos três retrocruzamentos com a variedade SAM, originando, assim, a população UNB-2. Esta população, após dois ciclos de seleção massal, deu origem à população UNB-2U (Pereira e Amaral Júnior, 2001). Foram, então, feitos nove ciclos de seleção recorrente visando obter ganhos para as principais características de importância econômica da cultura – capacidade de expansão e rendimento de grãos (Daros et al., 2002, 2004a; Santos et al., 2007; Freitas Júnior et al., 2009b; Rangel et al., 2011; Ribeiro et al., 2012; Freitas et al., 2014; Guimarães et al., 2018, 2019; Schwantes et al., 2020) (Figura 2).

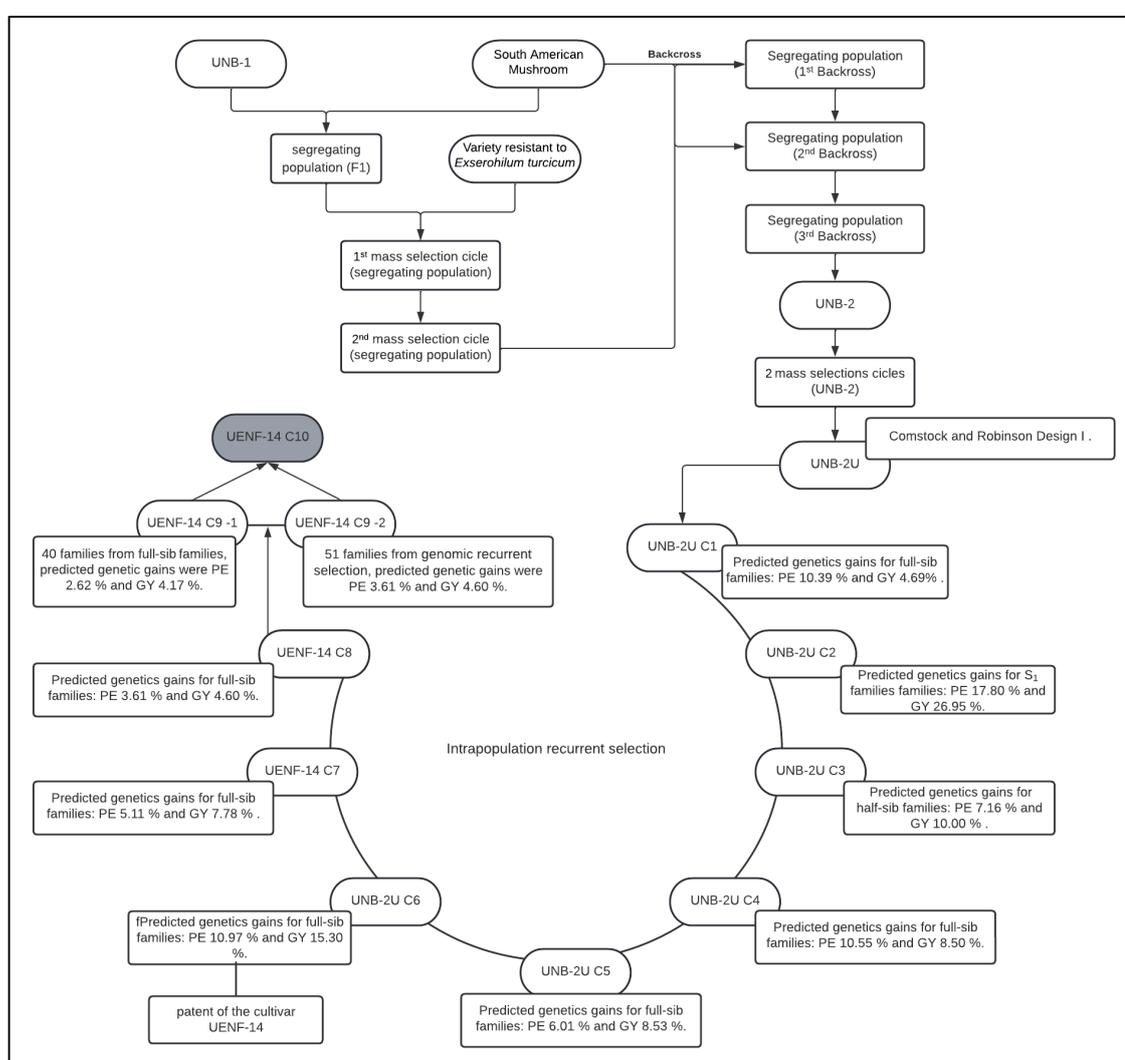


Figura 2. Fluxograma da genealogia da Pop.2 – UENF-14 – do Programa de Melhoramento de milho-pipoca da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil.

4.1.1. Obtenção das famílias intrapopulacional e interpopulacionais

A metodologia delineada foi a mesma proposta por Hallauer et al. (2010), logo, para avaliação do desempenho *per se* das populações, foram obtidas 200 famílias de meios-irmãos, sendo 100 famílias oriundas da Pop₁ e 100 famílias oriundas da Pop₂.

Para a obtenção das famílias de meios-irmãos foram semeadas 30 linhas do *bulk* de sementes de cada população, com dimensões de 10,00 m de comprimento, 0,90 m entre linhas e 0,20 m entre plantas e deixando duas plantas por cova. O plantio foi realizado em campos isolados temporal e espacialmente na Estação Experimental da PESAGRO-RIO em Itaocara, RJ. Após a colheita foram selecionadas as 100 famílias de cada população.

Para a obtenção das famílias de irmãos-completos e progênes S₁, as duas populações foram plantadas no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, região Norte do estado do Rio de Janeiro. As populações foram semeadas em fileiras alternadas com dimensões de 6,00 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1,00 m e espaçamento entre plantas de 0,40 m. As fileiras e as plantas de cada fileira foram numeradas para facilitar a identificação por ocasião dos cruzamentos. Para cada par de plantas foram feitos dois cruzamentos recíprocos (híbrido interpopulacional) e duas autofecundações (uma em cada população), constituindo assim, 100 famílias de irmãos-completos e 200 progênes S₁. As sementes S₁ foram armazenadas em câmara fria, e as famílias de irmãos-completos foram utilizadas em ensaios de competição.

As polinizações foram realizadas manualmente adotando-se o seguinte procedimento: as espigas foram cobertas antes da liberação dos estilo-estigmas com sacos plásticos próprios a este fim. Simultaneamente, os pendões foram cobertos de forma que não ocorresse a contaminação por pólen indesejado. Este procedimento é extremamente necessário, pois o pólen perde sua viabilidade oito horas após o início da sua liberação; de modo que qualquer pólen viável que encontre no saco de papel no dia seguinte ao preparo só poderá ter sido proveniente do pendão coberto. Os cruzamentos foram feitos em plantas prolíficas, selecionadas dentro de cada par de fileira, de maneira que a primeira espiga (superior) foi produto de cruzamento para a formação de irmãos-completos e a segunda espiga, produto da autofecundação para a formação das sementes

remanescentes. As plantas de cada fileira foram numeradas para um melhor controle na identificação dos cruzamentos.

4.2. Avaliação das famílias e delineamento experimental

Os ensaios de avaliação foram conduzidos no ano agrícola de 2020/2021 e implementados em dois ambientes distantes 110 km, a saber:

- i) Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, região Norte do estado do Rio de Janeiro, localizado a 21° 45" de latitude sul e 41° 20" de longitude e a 11 m de altitude, com uma precipitação média anual de 1.023 mm e evapotranspiração potencial de 1.601 mm anuais, apresentando temperatura média anual de 23°C; e
- ii) Estação Experimental da PESAGRO-RIO, em Itaocara, Rio de Janeiro, localizada na região Noroeste do estado do Rio de Janeiro, georreferenciada a 21° 39" de latitude sul e 42° 04" de longitude, com 60 m de altitude, temperatura média anual de 22,5°C e precipitação média anual de 1.041 mm.

As unidades experimentais foram compostas por uma linha de 3,00 m de comprimento, espaçadas em 0,90 m, contendo 15 plantas por unidade. O delineamento experimental utilizado foi látice 18x18, com três repetições. Desta forma, foram avaliados 324 tratamentos, ou seja, 200 famílias de meios-irmãos – 100 da Pop₁ e 100 da Pop₂ –, 100 famílias de irmãos-completos e 24 testemunhas, estas compostas por: nove ciclos da seleção recorrente intrapopulacional de UENF-14, seis populações pertencentes ao Banco de Germoplasma de milho-pipoca da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e nove híbridos simples registrados no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Os tratamentos culturais, a adubação e o controle fitossanitário foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura (Sawazaki, 2001).

4.3. Características avaliadas

As características agrônômicas avaliadas foram:

- a) Rendimento médio de grãos (RG): estimado pelo peso de grãos colhidos em toda a área da parcela e convertido para t ha⁻¹;

- b) Capacidade de expansão (CE): aferida por meio do estouro de 30 g de grãos em micro-ondas, por 2 min, com o volume da pipoca quantificado em proveta de 2.000 mL, sendo o quociente do volume pipocado dividido por 30 g, e expressa em mL g⁻¹;
- c) Massa média de 100 grãos (100 GW), obtida pela estimativa da massa de cem grãos coletados aleatoriamente e quantificada em balança analítica, expressa em g;
- d) Comprimento médio de espigas (CL): expresso em cm e obtido aleatoriamente pela medida de cinco espigas sem palha de cada parcela; e
- e) Diâmetro médio de espigas (CD), expresso em cm e obtido pela medida na parte mediana de cinco espigas aleatórias de cada parcela, com o auxílio de um paquímetro digital.

4.4. Análises estatísticas

4.4.1. Análise de variância conjunta e individual

Inicialmente foi realizada a análise de variância conjunta no intento de verificar a ocorrência da interação significativa entre os ambientes. Para isto, foram considerados os efeitos principais de genótipo como aleatório e de ambiente como fixo, no intuito de capitalizar possíveis interações entre eles. O seguinte modelo estatístico foi adotado:

$$Y_{ijkl} = \mu + G_i + E_l + (b/r/E)_{j(k)(l)} + (r/E)_{k(l)} + (GE)_{il} + e_{ijkl},$$

Em que:

Y_{ijkl} : valor observado do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco dentro da k-ésima repetição no i-ésimo ambiente; μ : constante geral do experimento;

G_i : efeito aleatório do i-ésimo genótipo, sendo NID (0, σ^2_g);

E_l : efeito fixo do i-ésimo ambiente;

$\mathbf{b}/\mathbf{r}/\mathbf{e}_{j(k)(i)}$: efeito do j-ésimo bloco dentro da k-ésima repetição e dentro do i-ésimo ambiente, sendo NID $(0, \sigma^2_b)$;

$\mathbf{R}/\mathbf{E}_{kl}$: efeito da k-ésima repetição dentro do i-ésimo ambiente;

\mathbf{GE}_{il} : efeito da interação do i-ésimo genótipo e do i-ésimo ambiente, sendo NID $(0, \sigma^2_{ge})$; e

\mathbf{e}_{ijkl} : erro experimental médio associado à observação Y_{ijkl} , sendo NID $(0, \sigma^2)$.

Quando detectado o efeito significativo da interação genótipo x ambiente, verificou-se o tipo de interação (simples ou complexa), considerando o método proposto por Cruz e Castoldi (1991).

A partir da averiguação da significância da interação genótipo x ambiente foi realizada a análise da variância individual para cada ambiente, com base no modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + r_j + \mathbf{b}/\mathbf{r}_{k(j)} + \mathbf{e}_{ijk},$$

Em que

Y_{ijk} : valor observado do i-ésimo tratamento no k-ésimo bloco, dentro da j-ésima repetição;

μ : constante geral do experimento;

G_i : efeito aleatório do i-ésimo tratamento, sendo NID $(0, \sigma^2_G)$;

r_j : efeito da j-ésima repetição;

$\mathbf{b}_{k(j)}$: efeito aleatório do k-ésimo bloco incompleto, hierarquizado dentro da j-ésima repetição, sendo NID $(0, \sigma^2_B)$; e

\mathbf{e}_{ijk} : erro experimental médio associado à observação Y_{ijk} , seguindo distribuição NID, com média 0 e variância σ^2 .

4.4.2. Estimação dos parâmetros genéticos e ambientais

Para a estimação dos parâmetros genéticos e ambientais, foram utilizados os estimadores:

a) Variância genotípica:

$$\sigma_g^2 = (QMG - QMR)/r,$$

Em que:

QMG = quadrado médio de genótipos;

QMR = quadrado médio residual; e

r = número de repetições.

b) Variância aditiva entre famílias dentro de populações:

$$\sigma_{a(dentro)}^2 = 4 \times \sigma_{g(FMI)}^2,$$

Em que:

$\sigma_{g(FMI)}^2$ = variância genotípica entre famílias de meios-irmãos.

c) Coeficiente de variação genético:

$$CV_g(\%) = \left(100 \sqrt{\hat{\sigma}_g^2 / \bar{X}} \right),$$

Em que:

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica dentro das famílias; e

\bar{X} = média geral da característica dentro da família.

d) Herdabilidade:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2},$$

Em que:

σ_g^2 = variância genotípica dentro das famílias; e

σ_f^2 = variância fenotípica dentro das famílias.

e) Índice de variação:

$$I_v(\%) = 100 \left(\frac{CV_g}{CV_e} \right),$$

Em que:

CV_g = coeficiente de variação genético; e

CV_e = coeficiente de variação experimental.

f) Heterose com base na média das famílias:

$$H(\%) = 100 \left(\frac{\bar{X}_{FIC} - \bar{X}_{FMI}}{\bar{X}_{FMI}} \right),$$

Em que:

\bar{X}_{FIC} = média das famílias de irmãos-completos; e

\bar{X}_{FMI} = média das famílias de meios-irmãos das duas populações.

4.4.3. Estratégia de seleção

As estimações dos ganhos, bem como a seleção das famílias superiores de irmãos-completos foram realizadas atribuindo-se diferentes pesos econômicos e com uma pressão de seleção de 30% (30 famílias). Para tanto, as covariâncias foram estimadas para todas as características nos dois ambientes simultaneamente, aplicando a metodologia do índice baseado na soma de *ranks* (Mulamba e Mock, 1978).

O índice baseado na soma de *ranks* Mulamba e Mock (1978) consiste na hierarquização dos genótipos pela atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho, considerando cada característica analisada. Posteriormente, realizou-se a soma das ordens de cada genótipo referente a cada característica estudada, resultando no índice de seleção, como descrito a seguir:

$$I = r_1 + r_2 + \dots + r_n,$$

Em que:

I: valor do índice para determinado indivíduo ou família;

r_j: classificação (ou *rank*) de um indivíduo em relação à *j*-ésima característica; e

n: número de características consideradas no índice.

Esse método possibilita que sejam atribuídos pesos diferentes para ordenar a classificação das características, conforme especificado pelo melhorista. Dessa forma, os pesos econômicos foram dados por:

$$I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n,$$

Em que:

p_n: peso econômico atribuído à *j*-ésima característica; e

r_j: classificação (ou *rank*) de um indivíduo em relação à *j*-ésima característica.

A utilização dos índices baseou-se na aplicação de pesos, em que os valores atribuídos foram estabelecidos a partir da estimação dos parâmetros genéticos e de valores arbitrários, sendo estes: desvio-padrão genotípico (SDg), coeficiente de variação genético (CVg), índice de variação (Iv), herdabilidade (h^2) e pesos econômicos atribuídos pelo melhorista (WA). Neste contexto, após várias tentativas arbitrárias, foram aplicados maiores pesos para as características mais relevantes para a cultura em estudo, a saber: 10 para RG e CE; e 1 para 100GW, CL e CD. Todas as análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se os recursos computacionais do Programa GENES (Cruz, 2013). A partir da seleção, a recombinação das famílias selecionadas será realizada utilizando as sementes remanescentes (S_1) (Figura 3).

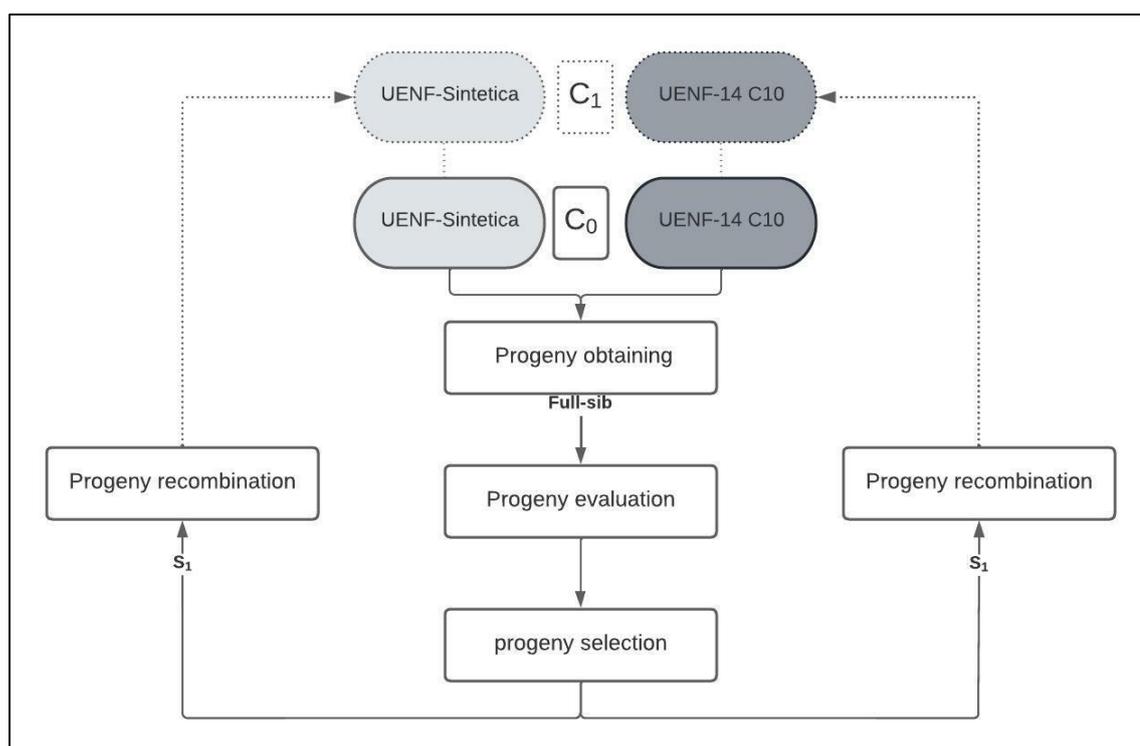


Figura 3. Fluxograma das etapas da seleção recorrente interpopulacional do Programa de Melhoramento de milho-pipoca da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Variabilidade genética e ambiental

Os resultados expressos pelo teste F na análise de variância conjunta (Tabela 1) revelaram diferenças significativas entre os genótipos para todas as características avaliadas. Além disso foram observadas significâncias no desdobramento do efeito de genótipo (grupo, FIC, FMI_{Pop1} , FMI_{Pop2} e testemunhas) para todas as características. Embora na interação genótipos x ambiente tenham ocorrido diferenças fenotípicas significativas para todas as características avaliadas, quando desdobrados os efeitos desta interação, houve ausência de significância na fonte de variação grupos x ambiente para EL, bem como na fonte de variação testemunha x ambiente para RG, e em FMI_{Pop1} x ambiente para CE. Por outro lado, quando analisado o tipo de interação genótipo x ambiente, verificou-se a predominância da interação do tipo simples para CE (54,76%); já para RG e os componentes de rendimento – 100GW, EL e ED – houve predominância da interação do tipo complexa, com percentuais respectivos de 63,42%, 99,86%, 83,21% e 61,20%.

Considerando o coeficiente de variação experimental (CVe), apenas RG expressou valor superior a 20%, ao passo que as demais características avaliadas apresentaram valores inferiores a 10% (Tabela 1).

Tabela 1. Resumo da análise de variância conjunta, dos coeficientes de variação experimental (CVe %), da média geral e do tipo de interação ambiental para seis características avaliadas em populações de milho-pipoca de primeiro ciclo de seleção recorrente interpopulacional em Campos dos Goytacazes e Itaocara, Rio de Janeiro, Brasil

	Quadrados Médios					
	GL	RG	CE	100GW	EL	ED
Genótipo (g)	323	1.34 **	90.28 **	5.68 **	5.75 **	15.63 **
Grupo	3	34.39 **	3548.98 **	29.66 **	1.39 *	473.47 **
FIC	99	1.17 **	72.94 **	4.54 **	7.60 **	12.70 **
FMI (Pop ₁)	99	0.59 **	39.21 **	5.08 **	4.25 **	13.34 **
FMI (Pop ₂)	99	1.27 **	23.63 **	5.37 **	4.39 **	7.53 **
Testemunha	23	1.22 **	220.55 **	11.36 **	10.65 **	13.19 **
Ambiente (E)	1	3.92 **	126.13 **	1787.39 **	0.01 **	433.53 **
G x E	323	0.40 **	12.27 **	3.02 **	2.83 **	4.08 **
Grupo x E	3	3.14 **	87.00 **	7.01 **	0.58 ns	10.50 **
FIC x E	99	0.43 **	11.44 **	2.93 **	2.92 **	3.73 **
FMI _{Pop1} x E	99	0.37 **	8.84 ns	3.11 **	2.64 **	4.34 **
FMI _{Pop2} x E	99	0.33 *	13.89 **	3.18 **	2.95 **	4.31 **
Testemunha x E	23	0.28 ns	13.93 **	1.74 **	2.96 **	2.59 **
Resíduo	1190	0.36	7.31	0.75	0.51	1.60
CVe (%)		24.03	9.62	6.21	4.43	3.31
Média		2.30	28.09	13.95	16.17	31.13
Inter. Simples (%)		36.58	54.76	0.14	16.79	38.80
Inter. Complexa (%)		63.42	45.24	99.86	83.21	61.20

GL = graus de liberdade; RG = rendimento médio de grãos ($t\ ha^{-1}$); CE = capacidade de expansão ($mL\ g^{-1}$); 100GW = massa média de 100 grãos (g); EL = comprimento médio de espiga (cm); ED = diâmetro médio de espiga (mm); FIC = famílias de irmãos-completos; FMI_{Pop1} = famílias de meios-irmãos originários da população UENF-sintética; FMI_{Pop2} = famílias de meios-irmãos originários da população UENF-14; CVe (%) = estimativas dos coeficientes de variação experimental. Inter. Simples = interação simples (%); Inter. Complexa = interação complexa (%); ** significativo a 1% de probabilidade e ns não significativo pelo teste F.

Segundo o sistema de classificação proposto por Gomes (2009), valores de CVe $\leq 10\%$ revelam ótima precisão experimental, de 10 a 20% boa precisão experimental, e $\geq 20\%$ baixa precisão experimental. Em ambos os ambientes, as características CE, 100GW, CL e CD apresentaram CVes inferiores a 10%, enquanto para RG as variações experimentais foram superiores a 20%. Segundo Scapim et al. (1995) e Fritsche-Neto et al. (2012) é fundamental o conhecimento da natureza das características avaliadas para a determinação de um padrão de confiabilidade experimental mais fidedigno. Estes autores, então, propuseram um novo critério de classificação mais robusto para o milho, associando o CVe (%) à

natureza de cada característica. Nesta classificação, RG é uma característica com forte influência ambiental e os coeficientes de variação entre 20 e 30% são frequentes em experimentos de campo e considerados adequados para a cultura do milho.

A existência de variabilidade entre e dentro dos grupos de genótipos avaliados para as características agronômicas estudadas observadas nos resultados da análise de variância conjunta permite pressupor a obtenção de ganhos genéticos com a seleção em ambos os ambientes estudados. Entretanto, a existência de interação significativa para genótipos x ambiente (G x E) em relação às características RG, CE, 100GW e ED pode dificultar a seleção de genótipos superiores simultaneamente nos ambientes avaliados. Nos programas de seleção recorrente para multiambientes, a interação G x E influencia nas magnitudes dos ganhos por seleção, na identificação dos ambientes homogêneos e na definição da melhor estratégia de seleção a ser aplicada (Hallauer et al., 2010). Em milho-pipoca, RG e seus componentes são características poligênicas, com forte influência ambiental na sua expressão (Faria et al., 2010; Silva et al., 2013; Castro et al., 2022). CE tem sido propalada ser uma característica qualitativa oligogênica (Dofing et al., 1991). Nesse sentido, Lu et al. (2003) identificaram quatro QTLs nos cromossomos 1S, 3S, 5S e 5L que, juntos, explicaram 45% da variação fenotípica para CE.

Nos ciclos anteriores no programa de seleção recorrente intrapopulacional também foram observados efeitos significativos da interação para estes dois ambientes (Ribeiro et al., 2012; Freitas et al., 2014; Guimarães et al., 2018). Neste sentido, mesmo em se tratando de duas regiões com condições edafoclimáticas similares, Norte (Campos dos Goytacazes) e Noroeste (Itaocara) Fluminense, as pequenas diferenças em cada local geraram efeitos significativos no desempenho fenotípico, ratificando a necessidade destes dois ambientes para a representatividade das duas regiões de interesse do programa de melhoramento (Ribeiro et al., 2012; Freitas et al., 2014; Guimarães et al., 2018).

Para CE houve a predominância da interação G x E do tipo simples. Esse tipo de interação favorece a seleção dos genótipos superiores, uma vez que a hierarquização relativa se refere apenas ao desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes, não interferindo na recomendação de cultivares, pois os ambientes são considerados iguais (Cruz et al., 2012). Por outro lado, para RG,

100GW, EL e ED houve a predominância da interação G x E do tipo complexa. Tal constatação revela haver inconsistência no desempenho de alguns genótipos nos ambientes avaliados, tornando mais difícil a seleção e a recomendação destes para ambos os locais (Carvalho et al., 2002; Vilela et al., 2008; Cruz et al., 2012). Para atenuá-la, alguns procedimentos podem ser adotados, destacando-se a seleção de genótipos e a condução de um programa específico para cada ambiente ou a identificação de genótipos com maior estabilidade fenotípica (Hallauer et al., 2010; Borém et al., 2021).

Em razão da ocorrência de interação significativa ($p \leq 0,01$) para G x E na análise conjunta, realizou-se a análise de variância individual para cada ambiente. Foi constatado efeito significativo de tratamento para todas as características em ambos os ambientes (Tabela 2). Em relação ao desdobramento realizado do efeito de tratamento, foi possível detectar a existência de diferença significativa entre e dentro de grupos, exceto para efeito de grupos quanto a EL em Campos dos Goytacazes.

Observou-se equivalência nas estimativas dos coeficientes de variação ambiental entre os dois ambientes, vez que em ambas as localidades os maiores valores ocorreram para RG em magnitudes superiores a 20%, enquanto para as demais características foram expressos valores inferiores a 10% (Tabela 2).

Na comparação entre os ambientes, Campos dos Goytacazes proporcionou médias gerais superiores para RG e CE, com valores respectivos de 2,34 t ha⁻¹ e 28,35 mL g⁻¹; em relação a Itaocara essas estimativas foram de 2,25 t ha⁻¹ para RG e de 27,84 mL g⁻¹ para CE. Em contrapartida, o ambiente de Itaocara exibiu maiores médias para as características 100WG (14,91 g), EL (16,18 cm) e ED (31,60 mm), ao passo que em Campos dos Goytacazes, seguindo esta mesma ordem das características, as médias foram de 12,99 g, 16,17 cm e 30,66 mm.

Na análise para cada ambiente, o efeito significativo de genótipos, FIC, FMI_{Pop1} e FMI_{Pop2} demonstra a existência da variabilidade genética entre e dentro das populações avaliadas. Isso posto, em relação à população UENF-14 C₁₀ pode-se afirmar que houve êxito nos sucessivos ciclos de seleção (Daros et al., 2002, 2004b; Santos et al., 2007; Freitas Júnior et al., 2009b; Oliveira et al., 2011; Ribeiro et al., 2012; Freitas et al., 2014; Guimarães et al., 2018, 2019; Schwantes et al., 2020), com os quais foram obtidos ganhos genéticos para as principais características de importância econômica – capacidade de expansão e rendimento

de grãos –, sem perda de variabilidade genética. Por sua vez, a recombinação de nove linhagens divergentes com alta capacidade geral de combinação para rendimento de grãos e capacidade de expansão para a constituição da população UENF-sintética, foi suficiente para gerar variabilidade genética dentro desta população, o que pressupõe a obtenção de ganhos genéticos com a seleção

Tabela 2. Resumo da análise de variância individual de seis características agrônômicas de milho-pipoca sob seleção recorrente interpopulacional em Campos dos Goytacazes e Itaocara, Rio de Janeiro, Brasil

		Quadrados Médios										
		GL	RG	CE	100GW	EL	ED					
Itaocara - RJ	Repetições	2	2.88	26.92	1.58	1.39	0.65					
	Bl/rep(aj)	51	0.73	7.76	1.01	0.61	1.21					
	Trat.(ajust.)	323	1.03	**	59.33	**	4.37	**	3.83	**	11.59	**
	Grupo	3	26.37	**	2353.82	**	23.48	**	1.35	*	310.85	**
	FIC	99	0.94	**	47.15	**	3.9	**	4.68	**	8.7	**
	FMI _{Pop1}	99	0.55	**	27.54	**	4.42	**	3.24	**	11.14	**
	FMI _{Pop2}	99	0.86	**	21.5	**	3.81	**	3.22	**	6.85	**
	Testemunha	23	0.86	**	112.16	**	6.1	**	5.59	**	7.32	**
	Resíduo	595	0.36		7.08		0.82		0.51		1.04	
	CVe		26.76		9.56		6.09		4.41		3.23	
Médias		2.25		27.84		14.91		16.18		31.60		
Campos dos Goytacazes - RJ	Repetições	2		4.07		2.97		1.1		0.73		
	Bl/rep(aj)	51	0.49		10.33		1.07		0.57		0.99	
	Trat.(ajust.)	323	0.71	**	43.23	**	4.33	**	4.75	**	8.11	**
	Grupo	3	11.15	**	1282.15	**	13.19	**	0.62	ns	173.11	**
	FIC	99	0.66	**	37.23	**	3.57	**	5.84	**	7.73	**
	FMI _{Pop1}	99	0.41	**	20.5	**	3.78	**	3.64	**	6.53	**
	FMI _{Pop2}	99	0.75	**	16.03	**	4.74	**	4.13	**	4.99	**
	Testemunha	23	0.64	**	122.32	**	7	**	8.02	**	8.45	**
	Resíduo	595	0.25		7.54		0.68		0.52		1.09	
	CVe (%)		21.23		9.69		6.33		4.45		3.4	
Médias		2.34		28.35		12.99		16.17		30.66		

GL = graus de liberdade; RG = rendimento médio de grãos ($t\ ha^{-1}$); CE = capacidade de expansão ($mL\ g^{-1}$); 100GW = massa média de 100 grãos (g); EL = comprimento médio de espiga (cm); ED = diâmetro médio de espiga (mm); FIC = famílias de irmãos-completos; FMI_{Pop1} = famílias de meios-irmãos originários da população UENF-sintética; FMI_{Pop2} = famílias de meios-irmãos originários da população UENF-14; CVe = estimativas dos coeficientes de variação experimental (%); ** significativo a 1%, * 5% de probabilidade e ns não significativo pelo teste F.

5.2. Distribuição das famílias, das médias e das heteroses

Considerando as famílias de irmãos-completos (FIC) e os valores estimados de heterose (H), as magnitudes das estimativas variaram entre positivas e negativas. Os maiores valores estimados foram observados para a característica RG, sendo: 30,25% no ambiente de Itaocara e 16,66% em Campos dos Goytacazes. Considerando a mesma ordem de localidade, para CE (3,02 e 2,31%) e 100GW (2,23 e 3,23%) houve valores percentuais baixos e positivos. Para os componentes de rendimento EL e ED, houve estimativas negativas em ambos os ambientes, a saber: -0,17 e -0,21% em Itaocara e -0,47 e -0,10% em Campos dos Goytacazes, respectivamente (Figura 4B).

Em relação ao desempenho produtivo, as FIC apresentaram rendimentos de grãos superiores às FMI em ambos os ambientes, alcançando rendimentos médios de 2,68 t ha⁻¹ em Itaocara e de 2,60 t ha⁻¹ em Campos dos Goytacazes. As FMI expressaram rendimento médio de grãos equivalente no ambiente de Itaocara, com estimativa de 2,06 t ha⁻¹. Por outro lado, em Campos dos Goytacazes as FMI_{Pop1} apresentaram maior rendimento (2,32 t ha⁻¹) quando comparadas às FMI_{Pop2} (2,13 t ha⁻¹) (Figura 4A).

Para a capacidade de expansão, as FIC apresentaram volume de pipoca próximo às médias das FMI, com magnitudes de 28,53 mL g⁻¹ em Itaocara e de 28,93 mL g⁻¹ em Campos dos Goytacazes. Considerando as FMI_{Pop1} e seguindo a mesma ordem de localidade, as estimativas de CE foram de 24,34 e de 25,85 mL g⁻¹. Em geral, os maiores valores para CE foram expressos pelas FMI extraídas da população UENF-14, seguidas por FMI_{Pop2}, com estimativas de 31,04 mL g⁻¹ em Itaocara e de 28,93 mL g⁻¹ em Campos dos Goytacazes.

Avaliando a característica massa média de 100 grãos (100GW), assim como RG, observou-se tendência de superioridade das FIC em relação às FMI. As médias para as FIC nos ambientes de Itaocara e de Campos dos Goytacazes foram de 15,13 e 13,29 g, respectivamente. Considerando a mesma ordem de localidade, para as FMI_{Pop1}, as estimativas foram de 15,08 e 12,9 g; e para FMI_{Pop2}, de 14,51 e 13,83 g (Figura 4).

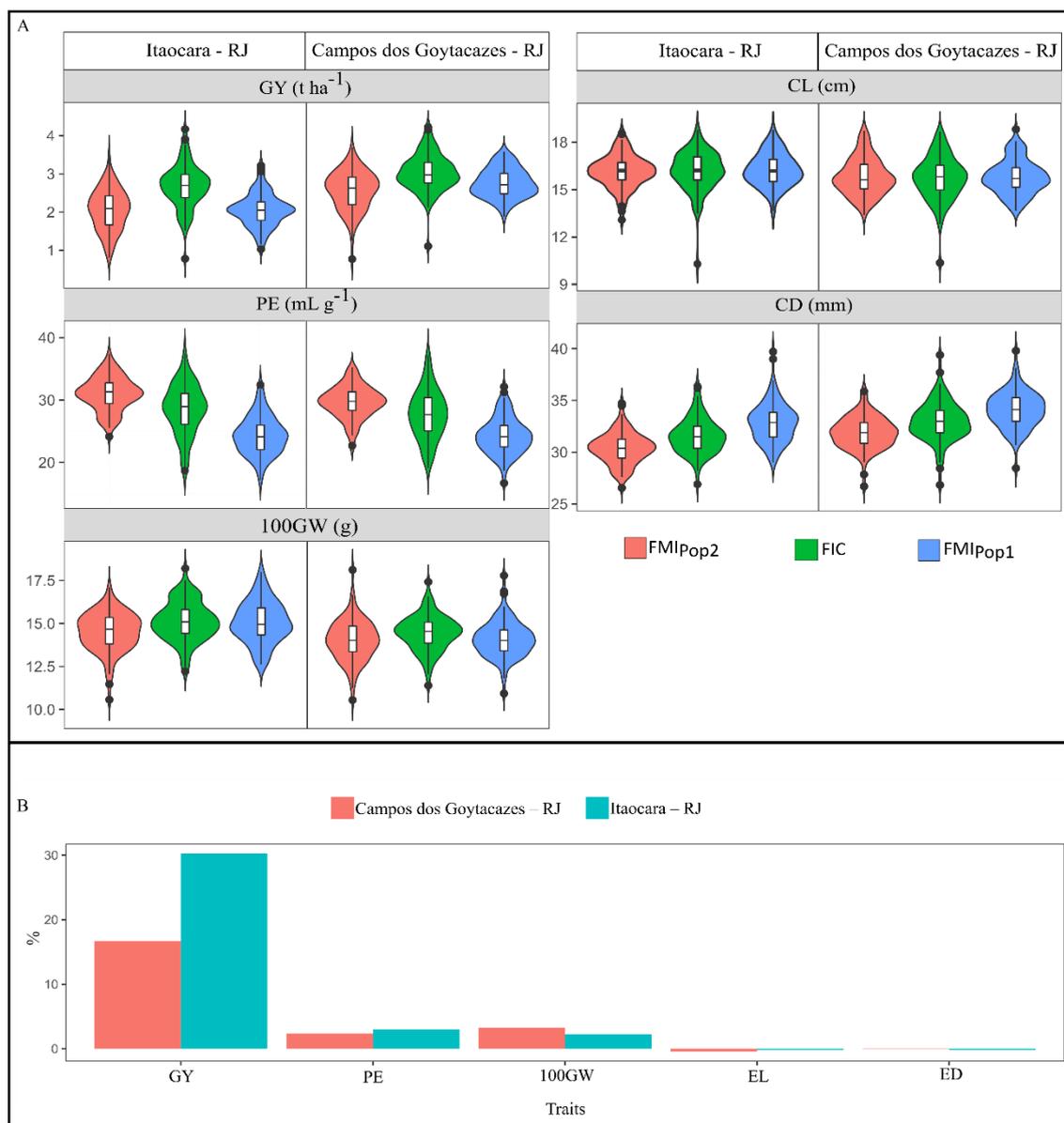


Figura 4. A – Distribuição das médias das famílias de meios-irmãos e irmãos-completos das populações UENF-sintética e UENF-14 de seis características agrônômicas de milho-pipoca em dois ambientes – Campos dos Goytacazes e Itaocara – no estado do Rio de Janeiro, Brasil. **B** – Estimativas da heterose para seis características agrônômicas de famílias de irmãos-completos oriundas dos cruzamentos entre as populações UENF-sintética e UENF-14 de milho-pipoca nos ambientes de Campos dos Goytacazes e de Itaocara. RG = rendimento médio de grãos; CE = capacidade de expansão; 100GW = massa média de 100 grãos; EL = comprimento médio de espiga; ED = diâmetro médio de espiga; FIC = famílias de irmãos-completos; FMI_{Pop1} = famílias de meios-irmãos originárias da população UENF-sintética; e FMI_{Pop2} = famílias de meios-irmãos originárias da população UENF-14.

Para a característica comprimento médio de espiga (EL), as FIC apresentaram médias de 16,17 cm para Itaocara e de 16,19 cm para Campos dos Goytacazes. Considerando as FMI_{Pop1} oriundas da população UENF-sintética, em Itaocara e em Campos dos Goytacazes foram expressas estimativas médias de 16,25 cm e 16,19 cm, respectivamente. Nesta mesma ordem de localidade, as progênes de FMI_{Pop2} oriundas da população UENF-14 apresentaram médias de 16,15 e 16,22 cm (Figura 4).

Para a característica diâmetro médio de espiga (ED), as FIC testadas nos ambientes de Itaocara e de Campos dos Goytacazes apresentaram médias de 31,57 e 29,73 mm, respectivamente. Seguindo esta mesma ordem de localidade, para as FMI_{Pop1} , as estimativas foram de 32,88 e 31,59 mm. Quanto às FMI_{Pop2} , nos ambientes de Itaocara e de Campos dos Goytacazes foram expressas médias de 30,39 e 29,73 mm (Figura 4).

Neste estudo, as FMI_{Pop1} e FMI_{Pop2} refletem a distribuição alélica das populações de origem das FIC. Neste contexto, os valores positivos de heterose nas FIC para RG e 100PW retratam uma superioridade produtiva em relação às progênes de FMI, destacando a predominância dos efeitos de genes de ação de dominância na expressão dessas características, decorrente da superioridade do desvio médio de F_1 em relação aos genitores (Falconer, 1996; Hallauer et al., 2010; Cruz et al., 2012).

De acordo com Falconer (1996) a predominância dos efeitos aditivos dos genes na herança de uma característica ocorre quando a média entre os genitores for igual à média da geração F_1 . Neste contexto, a equivalência dos desempenhos médios das FIC para com as FMI em relação à CE, EL e ED evidencia a presença mais acentuada dos efeitos aditivos na expressão dessas características.

A predominância da ação gênica de aditividade para CE e dominante para RG foi observada por Larish e Brewbaker (1999), em dialelo com progênes temperadas e tropicais; por Pereira e Amaral Junior (2001), utilizando o Delineamento I de Comstock e Robinson; por Freitas Júnior et al. (2006), que utilizaram um esquema de cruzamentos em dialelo circulante; por Rangel et al. (2011), que trabalharam com o método de seleção recorrente intrapopulacional em famílias de irmãos-completos; por Cabral et al. (2016), que aplicaram um esquema de dialelo completo.

Baseando nos resultados encontrados para CE, efeitos pouco expressivos da heterose associados à tendência da média das FIC se equivale às médias das FMI indicando maior probabilidade de genes aditivos atuarem no controle dessa característica. Deste modo, reitera-se que a variância genética aditiva apresenta maior importância no controle gênico do que os efeitos de dominância para CE (Coan et al., 2019; Possatto Júnior et al., 2021). Entretanto, os efeitos de dominância não devem ser descartados, pois estes também exercem influência sobre a característica. Como demonstrado por Babo et al. (2006) e Li et al. (2007), por meio de cruzamentos provenientes entre milho-pipoca e milho comum do tipo *flint*, foram construídos mapas de QTLs identificando marcas não-aditivas, de sobredominância, associadas com a expressão de CE. Mais recentemente, no estudo de herança de CE, utilizando-se o cruzamento entre milho-pipoca com o milho *flint*, Coan et al. (2019) observaram dois efeitos gênicos na herança da característica: i) predominância dos genes aditivos em conjunto com poligênicos aditivos e de dominância (herança mista); e ii) ocorrência de poligênes atuando tanto no efeito aditivo quanto no dominante. Lima et al. (2019), Oliveira et al. (2019) e Santos et al. (2020), em estudos de herança da CE em milho-pipoca por meio de dialelo, observaram maior influência de efeitos de dominância.

Dentre os componentes de rendimento de grãos, 100GW foi o único que apresentou heterose positiva e indícios de desvios de dominância. Lima et al. (2019), estudando a herança das principais características em milho-pipoca por meio de dialelo em ambientes sob condição irrigada e déficit hídrico, sugeriram a ocorrência de herança do tipo dominante para 100GW. A correlação positiva entre massa de cem grãos e produtividade torna a primeira característica um importante componente de RG (Sawazaki, 1996), por conseguinte, a redução no número e massa dos grãos afeta diretamente os rendimentos produtivos (Araus et al., 2010; Cairns et al., 2012). Neste contexto, explorar a heterose é uma solução genética promissora para o aumento da característica, pois a heterose foi um dos fatores mais importantes para o aumento exponencial no rendimento de grãos em milho nas últimas décadas (Tollenaar e Lee, 2006; AdebAyo et al., 2017; Xiao et al., 2021).

Para as características EL e ED os efeitos da heterose foram negativos, com tendência de se equivalerem a zero, o que não necessariamente implica em ausência de dominância, uma vez que o somatório dos desvios de dominância pode

se tornar nulo quando estes apresentam sinais positivos e negativos (Falconer, 1996). Entretanto, por meio do contraste das médias das FMI e das FIC, observa-se uma tendência mais próxima ao que se espera de uma característica do tipo aditiva, pois as médias das FIC se aproximaram das médias das FMI. Ressalta-se, por outro lado, que comumente para EL e ED as ações gênicas dominantes são mais importantes na expressão destes componentes de rendimento (Lima et al., 2019; Kamphorst et al., 2021).

A aplicação de métodos de melhoramento que preconizam a exploração de híbridos é uma ótima opção para se obter aumentos em rendimento de grãos e em 100GW (Labroo et al., 2021). Todavia, para CE e os demais componentes de rendimento sugere-se considerar tanto os efeitos aditivos quanto os de dominância. Neste aspecto, a seleção recorrente recíproca interpopulacional torna-se uma opção promissora, por favorecer a concentração de alelos aditivos com obtenção de ganhos dentro de cada população e permitir ganhos entre as populações com a dominância, explorada nos cruzamentos híbridos (Blum, 2009).

5.3. Componentes genéticos: a chave para a seleção em milho-pipoca

Considerando RG, as estimativas dos componentes de variância nas FIC testadas em Itaocara e em Campos dos Goytacazes, foram: variância genética (σ_g^2) de 0,19 e 0,14; herdabilidade (h^2) de 61,28 e 62,73%; coeficiente de variação genotípico (CV_g) de 16,34 e 14,36%; e índice de variação (I_v) de 0,61 e 0,68%, respectivamente (Tabela 3). Com relação às estimativas dos componentes de variância nos ambientes de Itaocara e de Campos dos Goytacazes para as FMI_{Pop1} , têm-se: σ_g^2 de 0,06 e 0,05; h^2 de 34,26 e 39,35%; CV_g de 12,21 e 9,96%; I_v de 0,46 e 0,47%; e σ_a^2 de 0,25 e 0,21; respectivamente (Tabela 3). As FMI advindas da população UENF-14 (FMI_{Pop2}) apresentaram as seguintes estimativas dos componentes de variância em Itaocara e em Campos dos Goytacazes: σ_g^2 de 0,16 e 0,17; h^2 de 57,45 e 66,75%; CV_g de 19,67 e 19,13%; I_v de 0,74 e 0,90%; e σ_a^2 de 0,66 e 0,66%, respectivamente (Tabela 3).

As estimativas dos componentes de variância para diâmetro médio de espiga (ED) das FIC testadas nos ambientes de Itaocara e de Campos dos Goytacazes, foram: σ_g^2 de 2,55 e 2,21; h^2 de 88,06 e 85,91%; CV_g de 5,06 e 4,86%; e I_v de 1,57 e 1,43%, respectivamente. Seguindo esta mesma ordem de localidade,

para as FMI_{Pop1} as estimativas dos componentes de variância expressaram os seguintes resultados: σ_g^2 de 3,37 e 1,81%; h^2 de 90,68 e 83,31%; CV_g de 5,58 e 4,26%; I_v de 1,73 e 1,25%; e σ_a^2 de 13,47 e 7,25, respectivamente (Tabela 3). Da mesma forma, quanto às FMI_{Pop2} , as estimativas foram: σ_g^2 de 1,94 e 1,30; h^2 de 84,84 e 78,18%; CV_g de 4,58 e 3,84; I_v de 1,42 e 1,13%; e σ_a^2 de 7,75 e 5,20, respectivamente (Tabela 3).

A covariância em FIC corresponde a 0,5 da variância aditiva (σ_a^2) somada a 0,25 da variância de dominância (σ_d^2), enquanto a covariância em FMI corresponde a 0,25 da σ_a^2 (Falconer, 1996). Constata-se que para todas as características as variâncias genéticas (σ_g^2) das FIC foram superiores às das FMI ou próximas às das FMI de maior valor, exceto para 100PW em Campos dos Goytacazes. Estes resultados podem ser indícios da presença de efeitos de dominância nas FIC, mesmo não se podendo fazer uma relação direta das estimativas dos valores de σ_g^2 entre as duas estruturas de população, uma vez que os indivíduos que deram origem às FMI não são os mesmos cruzados para a obtenção dos indivíduos das FIC.

O coeficiente de herdabilidade expressa a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genotípico (Falconer, 1996; Hallauer et al., 2010). A característica RG expressou os menores valores de herdabilidades (34 a 67%) em relação aos demais componentes de rendimento. A baixa herdabilidade da característica pode ser explicada devido às maiores influências ambientais na sua expressão, pois se trata de uma característica poligênica com predominância de efeitos de dominância (Larish e Brewbaker, 1999; Pereira e Amaral Junior, 2001). Por sua vez, os maiores valores de herdabilidade para CE e dos componentes de rendimento (100PW, EL e ED) indicam uma menor influência ambiental na manifestação dessas características. Em particular a CE, trata-se de uma característica oligogênica, referenciada por Dofing et al. (1991), com predominância dos componentes da variância genética de efeitos aditivos (Pereira e Amaral Junior, 2001). Já para os componentes de rendimento, mesmo tendo um perfil similar a RG, estes são menos expressivos, o que pode ser atribuído a um menor efeito da depressão por endogamia sobre essas características quando comparado com RG (Scapim et al., 2006; Arnhold et al., 2010).

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos das famílias de meios-irmãos e irmãos-completos das populações UENF-sintética e UENF-14 para seis características agrônômicas em milho-pipoca avaliadas em Campos dos Goytacazes e Itaocara, Rio de Janeiro, Brasil

Rendimento Médio de Grãos (RG)						
	Itaocara			Campos dos Goytacazes		
	FIC	FMI _{Pop1}	FMI _{Pop2}	FIC	FMI _{Pop1}	FMI _{Pop2}
σ_a^2	0.19	0.06	0.16	0.14	0.05	0.17
h^2 (%)	61.28	34.26	57.45	62.73	39.35	66.75
CV_g (%)	16.34	12.21	19.67	14.36	9.96	19.13
I_v (%)	0.61	0.46	0.74	0.68	0.47	0.90
$\sigma_a^2(FMI)$		0.25	0.66		0.21	0.66
Capacidade de Expansão (CE)						
	Itaocara			Campos dos Goytacazes		
	FIC	FMI _{Pop1}	FMI _{Pop2}	FIC	FMI _{Pop1}	FMI _{Pop2}
σ_a^2	13.35	6.82	4.80	9.90	4.32	2.83
h^2 (%)	84.98	74.28	67.05	79.75	63.22	52.96
CV_g (%)	12.81	10.73	7.06	10.88	8.04	5.48
I_v (%)	1.34	1.12	0.74	1.12	0.83	0.57
$\sigma_a^2(FMI)$		27.28	19.22		17.28	11.32
Massa Média de 100 grãos (100GW)						
	Itaocara			Campos dos Goytacazes		
	FIC	FMI _{Pop1}	FMI _{Pop2}	FIC	FMI _{Pop1}	FMI _{Pop2}
σ_a^2	1.03	1.20	0.99	0.96	1.03	1.36
h^2 (%)	78.89	81.35	78.35	81.05	82.10	85.75
CV_g (%)	6.70	7.26	6.87	7.39	7.87	9.08
I_v (%)	1.10	1.19	1.13	1.17	1.24	1.43
$\sigma_a^2(FMI)$		4.79	3.98		4.13	5.42
Comprimento Médio de Espiga (EL)						
	Itaocara			Campos dos Goytacazes		
	FIC	FMI _{Pop1}	FMI _{Pop2}	FIC	FMI _{Pop1}	FMI _{Pop2}
σ_a^2	1.39	0.91	0.90	1.78	1.04	1.20
h^2 (%)	89.15	84.35	84.23	91.13	85.77	87.43
CV_g (%)	7.29	5.88	5.89	8.26	6.30	6.76
I_v (%)	1.66	1.33	1.34	1.86	1.42	1.52
$\sigma_a^2(FMI)$		3.65	3.62		4.17	4.81
Diâmetro Médio de Espiga (ED)						
	Itaocara			Campos dos Goytacazes		
	FIC	FMI _{Pop1}	FMI _{Pop2}	FIC	FMI _{Pop1}	FMI _{Pop2}
σ_a^2	2.55	3.37	1.94	2.21	1.81	1.30
h^2 (%)	88.06	90.68	84.84	85.91	83.31	78.18
CV_g (%)	5.06	5.58	4.58	4.86	4.26	3.84
I_v (%)	1.57	1.73	1.42	1.43	1.25	1.13
$\sigma_a^2(FMI)$		13.47	7.75		7.25	5.20

RG = rendimento médio de grãos, em t ha⁻¹; CE = capacidade de expansão, em mL g⁻¹; 100GW = massa média de 100 grãos, em g; EL = comprimento médio de espiga, em cm; ED = diâmetro médio de espiga, em mm; FIC = famílias de irmãos-completos; FMI_{Pop1} = famílias de meios-irmãos originárias da população UENF-sintética; FMI_{Pop2} = famílias de meios-irmãos originárias da população UENF-14; σ_g^2 = variância genética; h^2 = herdabilidade; CV_g = coeficiente de variação genético; CV_f = coeficiente variação fenotípico; I_v = índice de variação; $\sigma_a^2(FMI)$ = variância genotípica dentro das famílias de meios-irmãos; e H = heterose com base na média das famílias de meios-irmãos.

As estimativas dos coeficientes de variação genética (CVg) permitem aos melhoristas a percepção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção ao longo de um programa de melhoramento, já que se trata de um parâmetro cuja magnitude é diretamente proporcional à variância genética (Cruz, 2013). Desta forma, de maneira geral, as duas principais características – RG e CE – apresentaram elevados valores de CVg, o que indicam boas chances de sucesso em programas de melhoramento que utilizem essas populações visando a seleção para essas características.

A relação entre o CVg e o CVe, conhecida como índice de variação (I_v), pode ser utilizada para determinar o sucesso na seleção de genótipos superiores, no que dependerá de sua magnitude (Cruz et al., 2012). As progênies de FIC e FMI apresentaram I_v superiores a 1 para 100GW, EL e ED, indicando que se tratam de características que contemplam situações mais favoráveis ao melhoramento; desta maneira, métodos simples de seleção seriam suficientes para se obterem ganhos satisfatórios.

Considerando-se CE, de modo geral, as FMI apresentaram estimativa dos I_v entre 0,57 e 1,12%. Estas estimativas indicam a possibilidade de obtenção de ganhos futuros por meio do avanço de gerações. Para a estrutura de famílias de irmãos-completos, os valores de I_v (1,12 e 1,34%) indicaram ser CE uma característica de fácil obtenção de ganho, pois apresenta baixa variação ambiental em relação à genética.

Os valores superiores a 0,50% para RG quanto às progênies das FMI_{Pop2} e das FIC indicam possibilidades de ganhos futuros por meio da seleção. Entretanto, quanto às FMI_{pop1}, apesar dos genitores da população sintética apresentarem alta frequência de alelos favoráveis para RG, observaram-se valores inferiores a 0,50% para a característica em ambos os ambientes. Isto pode ter ocorrido devido a população não ter perpassado ainda por qualquer ciclo de seleção.

5.4. Ganhos esperados com a seleção

Baseando nos pesos econômicos obtidos pelos valores estimados de SD_g , foram obtidas estimativas de ganhos simultâneos nos dois ambientes – Itaocara e Campos dos Goytacazes – para CE nas magnitudes de 1,58 e 3,48%, RG com valores de 10,4 e 8,69%; e EL com percentuais de 1,97 e 4,19%, respectivamente.

Por sua vez, 100GW embora tenha proporcionado incremento de 0,36% no ambiente de Campos dos Goytacazes, apresentou decréscimo de -1,24% para Itaocara. Já para a característica ED, ambos os ambientes não proporcionaram ganhos positivos, apresentando o arrefecimento de -0,94% para Itaocara e de -0,56% para Campos dos Goytacazes.

Quando utilizadas as estimativas de CV_g como pesos econômicos, foram obtidas as seguintes predições de ganhos simultâneos em Itaocara e em Campos dos Goytacazes, respectivamente, para as características RG, CE e EL: 0,04 e 0,21%; 2,01 e 1,79%; e 0,32 e 0,88%. A característica 100GW apresentou perda de 0,06% no ambiente de Itaocara e incremento de 0,32% em Campos dos Goytacazes. Nesta mesma ordem de localidades, a característica ED apresentou decréscimos respectivos de 0,14 e 0,03%.

Por meio da utilização dos valores estimados de I_v , houve ganhos em todas as características, sendo: RG (4,38 e 5,14%), CE (0,46 e 1,65%), 100PW (2,26 e 2,87%), CL (5,30 e 5,04%), e CD (2,35 e 2,21%), para Itaocara e Campos dos Goytacazes, respectivamente.

Tabela 4. Estimativas de ganhos percentuais preditos das famílias de irmãos-completos das populações UENF-Sintética (Pop1) e UENF-14 (Pop2), obtidas por meio do índice de seleção de Mulamba e Mock, atribuindo-se diferentes pesos econômicos e com uma pressão de seleção de 30% (30 famílias) para seis características agrônômicas avaliadas em milho-pipoca nas localidades de Campos dos Goytacazes e Itaocara, Rio de Janeiro, Brasil

	Características	Estimativas de ganhos de seleção (%)				
		SDg	CVg	Iv	h ²	WA
Itaocara - RJ	RG	1.58	0.04	4.38	4.50	8.72
	CE	10.04	2.01	0.46	-0.98	8.71
	100GW	-1.24	-0.06	2.26	3.01	-0.96
	EL	1.97	0.32	5.30	4.93	3.27
	ED	-0.94	-0.14	2.35	2.53	-0.39
Campos dos Goytacazes - RJ	RG	3.48	0.21	5.14	6.26	8.55
	CE	8.69	1.79	1.65	1.32	9.68
	100GW	0.36	0.32	2.87	2.70	-0.57
	EL	4.19	0.88	5.04	5.09	4.26
	ED	-0.56	-0.03	2.21	2.30	-1.13

RG = rendimento médio de grãos (t ha⁻¹); CE = capacidade de expansão (mL g⁻¹); 100GW = massa média de 100 grãos (g); EL = comprimento médio de espiga (cm); ED = diâmetro médio de espiga (mm); SD_g = desvio-padrão genotípico; CV_g = coeficiente de variação genético; h^2 = herdabilidade; I_v = índice de variação; e WA = pesos econômicos atribuídos pelo melhorista (10, 10, 1, 1 e 1).

A partir dos pesos econômicos atribuídos com base nas estimativas de h^2 foram expressos ganhos simultâneos nos ambientes de Itaocara e Campos dos Goytacazes para a maioria das características, a saber: RG (4,50 e 6,26%), 100PW (3,01 e 2,70%), EL (4,93 e 5,09%) e ED (2,53 e 2,30%). A característica CE apresentou decréscimo de -0,98% em Itaocara; entretanto, para Campos dos Goytacazes houve acréscimo de 1,32%.

Por meio da utilização dos pesos econômicos atribuídos pelo melhorista, foram possíveis obter ganhos preditos simultâneos e aproximadamente igualitários em ambos os ambientes para as características RG (8,72 e 8,55%), CE (8,71 e 9,68%) e EL (3,27 e 4,26%), em Itaocara e Campos dos Goytacazes, respectivamente. Nesta mesma ordem de localidades, foram observados decréscimos para os caracteres 100GW (-0,96 e -0,39%) e ED (-0,39 e -1,13%).

Na localidade de Itaocara, considerando-se a seleção das 30 FIC superiores com base nos pesos econômicos atribuídos pelo melhorista para rendimento médio de grãos, 29 FIC apresentaram superioridade em relação à média da população UENF-14 de ciclo C_{10} e 28 FIC se sobressaíram em relação à média da população UENF-sintética. Para a capacidade de expansão, situação semelhante ocorreu para com 13 FIC da população UENF-14 de ciclo C_{10} , sendo que para a população sintética todas as FIC foram superiores. Analisando-se simultaneamente as duas principais características em milho-pipoca – RG e CE –, 12 FIC foram superiores a UENF-14 de ciclo C_{10} e 28 na comparação com a população sintética (Figura 5).

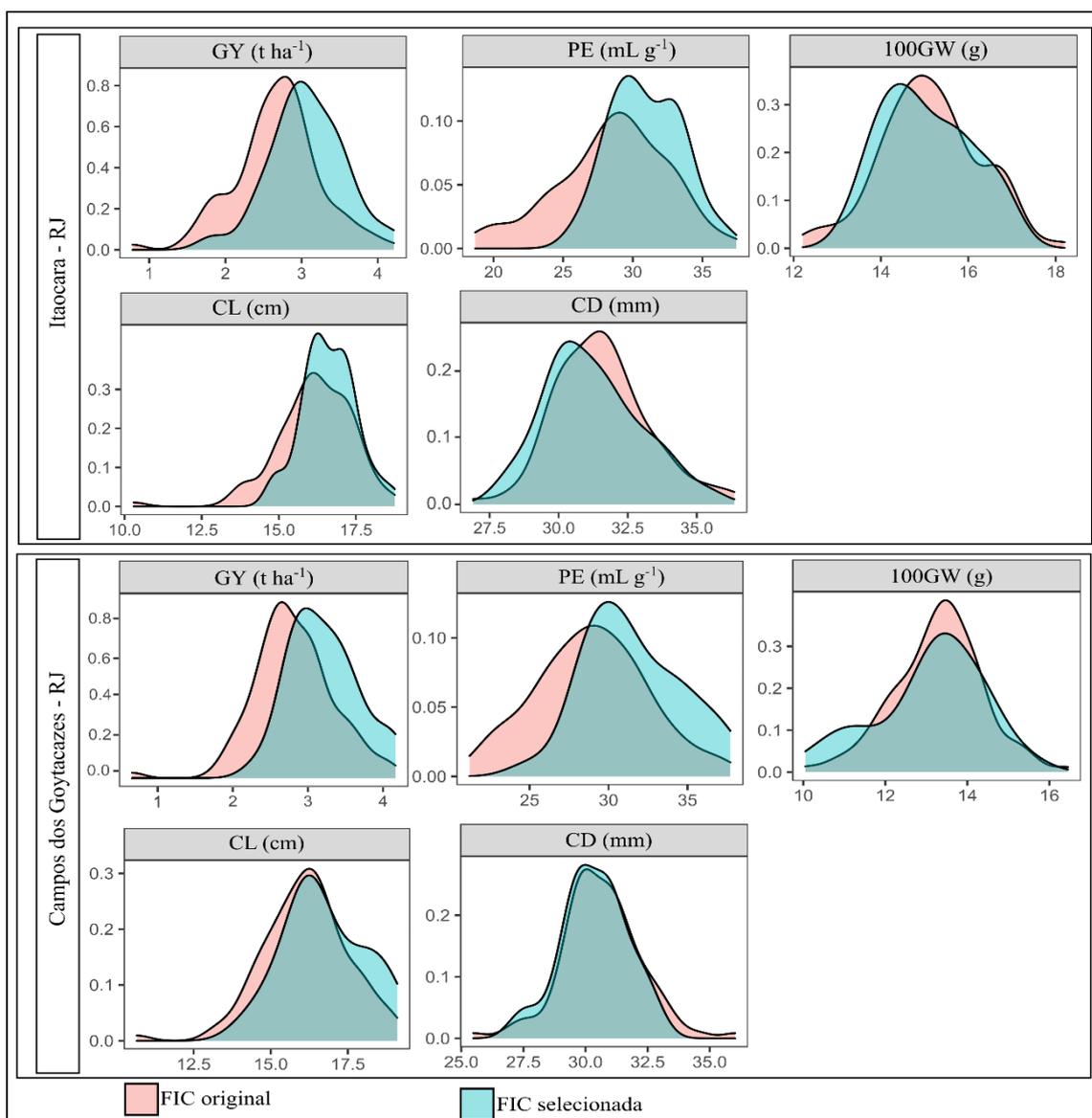


Figura 5. Distribuição de médias dos ganhos predito das famílias de irmãos-completos superiores selecionadas. RG = rendimento médio de grãos; CE = capacidade de expansão; 100GW = massa média de 100 grãos; EL = comprimento médio de espiga; ED = diâmetro médio de espiga; e FIC = família de irmãos-completos.

Em campos dos Goytacazes, para rendimento médio de grãos, 29 FIC apresentaram superioridade em relação à média da população UENF-14 de ciclo C₁₀, sendo que o mesmo *quantum* de progênie – 29 FIC – foi superior em relação à média da população sintética. Para a capacidade de expansão, 20 FIC foram superiores à população UENF-14 de ciclo C₁₀, ao passo que para a população sintética todas as FIC foram superiores. Para ambas as características – RG e CE – 12 FIC foram superiores a UENF-14 de ciclo C₁₀, enquanto 28 se sobressaíram para a população sintética (Figura 5).

Em geral, os pesos econômicos atribuídos pelo melhorista foram os mais proveitosos para a seleção das 30 famílias fidedignamente superiores para recombinação, favorecendo ganhos simultâneos mais avantajados e parcialmente equivalentes para RG e CE nas duas localidades de avaliação. Os incrementos para rendimento médio de grãos e para capacidade de expansão foram de 0,389 t ha⁻¹ e 2,417 mL g⁻¹ em Itaocara, e de 0,362 t ha⁻¹ e 2,621 mL g⁻¹ em Campos dos Goytacazes, respectivamente (Figura 6).

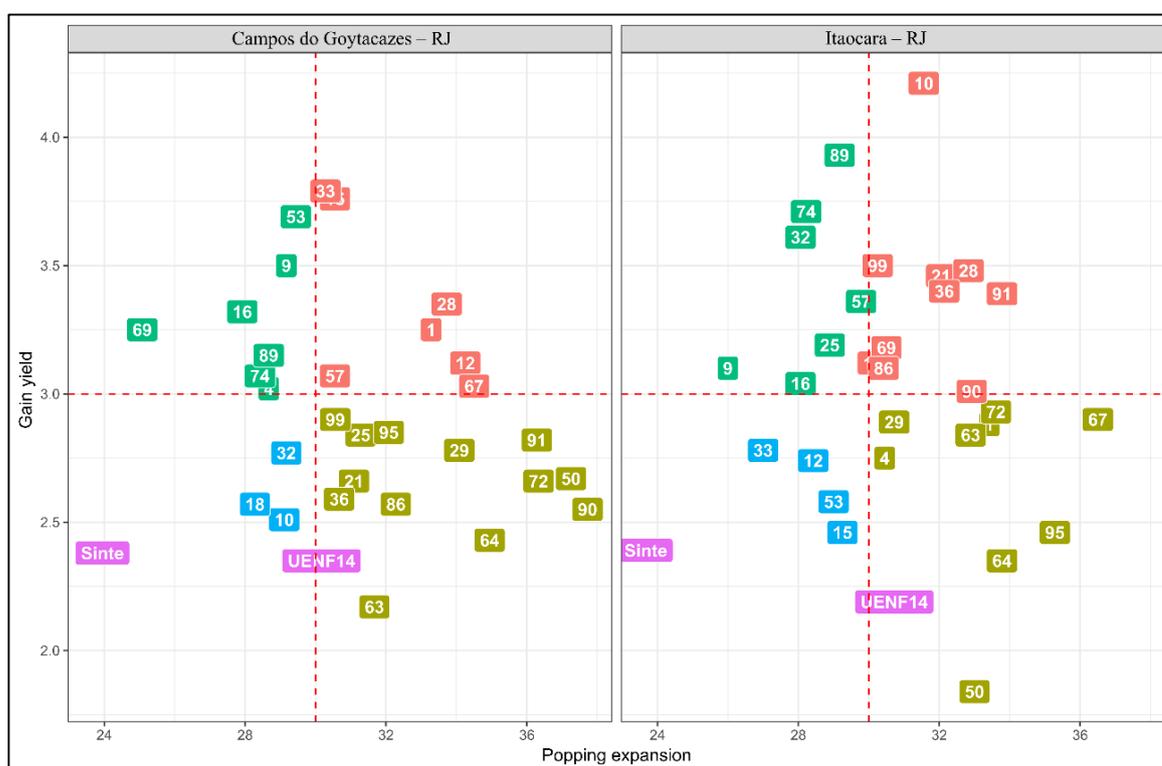


Figura 6. Distribuição das famílias de irmãos-completos superiores selecionadas e as médias das populações genitoras. RG = rendimento médio de grãos; CE = capacidade de expansão; 100GW = massa média de 100 grãos; EL = comprimento médio de espiga; ED = diâmetro médio de espiga; FIC = família de irmãos-completos; UENF-14 = população UENF-14; e Sinte = UENF-sintética.

Os principais fatores que podem interferir nos ganhos com a seleção são a intensidade com a qual é praticada, as propriedades genéticas das populações e as condições ambientais (Cruz et al., 2012). Além destes fatores, em milho-pipoca a dificuldade de seleção e obtenção de cultivares superiores é ampliada devido a existência da correlação negativa entre rendimento de grãos e capacidade de expansão. Neste contexto, para a obtenção de ganhos simultâneos nas duas

características é necessária a aplicação de índices de seleção. Entre os índices clássicos de seleção, o proposto por Mulamba e Mock (1978) é o que vem se destacando nos programas de seleção recorrente em milho-pipoca, por proporcionar os maiores ganhos para as multicaracterísticas, favorecendo a seleção das melhores famílias (Freitas Júnior et al., 2009a; Guimarães et al., 2018, 2019). Assim, os ganhos de seleção estão diretamente relacionados à diferença de médias entre os grupos selecionados e a população original.

Outro fator importante para o programa de melhoramento é a aplicação de pesos econômicos. Os pesos econômicos estabelecidos por Cruz et al. (2012) podem ser obtidos a partir de estimadores (SD_g , CV_g , I_v , h_2) utilizando valores oriundos das próprias unidades experimentais ou por meio da utilização de pesos arbitrários (WA) atribuídos pelo melhorista para estabelecer os melhores ganhos para o programa de melhoramento.

O uso do estimador CV_g poderia ser um bom referencial para a seleção das famílias superiores, por estar relacionado absolutamente com a variância genética. Entretanto, o CV_g não foi vantajoso para proporcionar ganhos consideráveis para RG, produzindo as menores estimativas (0,04 e 0,21%); portanto, não deve ser considerado como um estimador seletivo superior.

As estimativas de I_v e h^2 como pesos econômicos, embora tenham proporcionado ganhos elevados para RG, não foram vantajosas para permitirem ganhos consideráveis para CE, expressando as menores estimativas; isto posto, esses estimadores não devem ser considerados como opções de uso para obtenção de ganhos seletivos superiores.

O uso das estimativas de SD_g como pesos econômicos proporcionou a obtenção de ganhos intermediários para RG (1,58 e 3,48%); porém, dentre os maiores ganhos para CE (10,04 e 8,69%). Todavia, neste estudo, a direção de seleção proposta foi no sentido de concentração de ganhos simultâneos maiores para as principais características econômicas em milho-pipoca – RG e CE.

Os pesos econômicos arbitrários atribuídos pelo melhorista proporcionaram os maiores ganhos para RG (8,72 e 8,55%) e CE (8,71 e 9,68%). Ao favorecer ganhos simultâneos superiores para RG e CE, os pesos atribuídos pelo melhorista superam a existência de correlação negativa entre as duas principais características econômicas em milho-pipoca (Pereira e Amaral Junior, 2001; Rangel et al., 2011). Os ganhos intermediários obtidos para EL (3,27 e

4,26%) proporcionarão incremento em RG, uma vez que aumentando o tamanho da espiga maior será o número de grãos por unidade produtiva. Por outro lado, o decréscimo em 100WG e ED proporcionará aumento da qualidade da pipoca, pois são características relacionadas ao menor tamanho do grão. Grãos menores estão associados a um maior volume proporcional da pipoca (Rangel et al., 2011; Cabral et al., 2016). Deste modo, o caminho atual do processo de melhoramento de milho-pipoca será um equilíbrio entre aumentar EL para obter maior RG e diminuir 100WG e ED para aumentar CE, de modo a gerar os melhores ganhos entre as características de maior interesse.

Neste seguimento, as estimativas do progresso genético demonstram que os híbridos interpopulacionais extraídos no final de cada ciclo de seleção, além de se tornarem fontes genéticas para a extração de linhagens, apresentam potenciais produtivos, qualitativos e competitivos para serem comercializados, servindo como prova da capacidade técnica e viabilidade econômica dessa metodologia. Vale ressaltar que os custos de produção das sementes de híbridos interpopulacionais são reduzidos, comparado ao custo da obtenção do híbrido simples; por conseguinte, a primeira opção torna-se menos onerosa ao obtentor e, conseqüentemente, ao produtor.

Em milho-pipoca a seleção recorrente intrapopulacional vem sendo realizada com o propósito de aumentar as frequências de alelos favoráveis, predominantemente para a capacidade de expansão, por ser influenciada sobretudo por efeitos genéticos aditivos (Daros et al., 2004b; Freitas Júnior et al., 2009a; Guimarães et al., 2019). No entanto, a seleção recorrente interpopulacional, além de favorecer ganhos para as características que apresentam maior expressividade do efeito de dominância, demonstrou também a perspectiva de geração de ganhos para as características em que a dominância é pouco expressiva, sobretudo capacidade de expansão, o que a torna uma opção vantajosa no melhoramento de milho-pipoca, pois permite a manutenção da variabilidade genética, com incremento na produção e aumento concomitante da qualidade do produto final. Além de permitir ganhos entre as populações com a dominância, explorando a complementação alélica nos híbridos, aumenta a concentração de alelos aditivos com a promoção de ganhos dentro de cada população em melhoramento, por meio da seleção e recombinação das famílias superiores (Blum, 2009).

6. CONCLUSÕES

Em milho-pipoca explorar a heterose é uma estratégia promissora, principalmente para aumentos em rendimento de grãos e seus componentes.

Os parâmetros genéticos revelaram que há variabilidade a ser explorada nos sucessivos ciclos de seleção recorrente interpopulacional. Explorar a heterose para RG e CE e os componentes de rendimento é uma opção promissora para se obter aumentos no rendimento e na qualidade dos grãos.

O índice de Mulamba e Mock foi eficiente em predizer ganhos genéticos satisfatórios para rendimento de grãos e capacidade de expansão, o que favorece a continuidade do programa de melhoramento de milho-pipoca.

A seleção recorrente interpopulacional é um método efetivo para proporcionar ganhos genéticos para as características com predominância da herança aditiva e de dominância.

A realização de dois ciclos de seleção recorrente intrapopulacional em Pop₁ para a *posteriori* ser utilizada em recombinação com a população UENF-14, favoreceria os ganhos das FIC em capacidade de expansão de forma mais contundente, associada a ganhos também relevantes para rendimentos de grãos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Adebayo, M.A., Menkir, A., HeArne, S., Kolawole, A.O. (2017) Gene action controlling normalized difference vegetation index in crosses of elite maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Cereal Res Commun* 45: 675–686.
- Almeida Filho, J.E. de., Schwantes, I.A., Mafra, G.S., Leite, J.T., Gerhardt, I.F.S., Amaral Júnior, A.T. do. (2017) Associação Genômica Ampla (GWAS) na População UENF14 de Milho-Pipoca. Foz do Iguaçu - PR: 9º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, p. 1 1
- Amaral Junior, A.T. do., Gonçalves, L.S.A., de Paiva Freitas Júnior, S., Candido, L.S., Vittorazzi, C., Pena, G.F., Ribeiro, R.M., da Conceição Silva, T.R., Pereira, M.G., Scapim, C.A., Viana, A.P., de Carvalho, G.F. (2013) UENF 14: A new popcorn cultivar. *Crop Breed Appl Biotechnol* 13: 218–220.
- Araus, J.L., Sánchez, C., Cabrera-Bosquet, L. (2010) Is heterosis in maize mediated through better water use?. *New Phytol* 187: 392–406.
- Arnhold, E., Soriano Viana, J.M., Mora, F., Vieira Miranda, G., Silva, R.G. (2010) Inbreeding depression and genetic components for popping expansion and other traits in Brazilian populations of popcorn 1. *Cienc e Investig Agrar* 37: 125–132.
- Arnhold, E., Viana, J.M.S., Silva, R.G. (2009) Associação de desempenho entre famílias S3 e seus híbridos topcross. *Ciência Agron* 3: 396–399.

- Babo, R., Nair, S. k., Kumar, A., Rao, H.S., Verma, P., Gahalain, A., Singh, I.S., Gupta, H.S. (2006) Mapping QTLs for popping ability in a popcorn x flint corn cross. *Theor Appl Genet* 112: 1392–1399.
- Blum, A. (2009) Effective use of water (EUW) and not water-use efficiency (WUE) is the target of crop yield improvement under drought stress. *F Crop Res* 112: 119–123.
- Borém, A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto. (2021) *Melhoramento de plantas*. Oficina de. 1–384p.
- Cabral, P.D.S., Amaral Júnior, A.T. do., Freitas, I.L. de J., Ribeiro, R.M., Silva, T.R. da C. (2016) Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade popcorn. *Rev Ciência Agronômica*, 47: 108–117.
- Cairns, J.E., Sanchez, C., Vargas, M., Ordoñez, R., Araus, J.L. (2012) Dissecting Maize Productivity: Ideotypes Associated with Grain Yield under Drought Stress and Well-watered Conditions. *J Integr Plant Biol* 54: 1007–1020.
- Carvalho, H.W.L., Leal, M.L.S., Cardoso, M.J., Santos, M.X., Tabosa, J.N., Santos, D.M., Lira, M.A. (2002) Adaptabilidade e Estabilidade de Híbridos de Milho em Diferentes Condições Ambientais do Nordeste Brasileiro. *Rev Bras Milho e Sorgo* 1: 75–82.
- Castro, C.R., Scapim, C.A., Pinto, R.J.B., Ruffato, S., Zeffa, D.M., Ivamoto, S.T., Freiria, G.H., Gonçalves, L.S.A. (2022) Adaptability and stability analysis of new popcorn simple hybrids evaluated using additive main effects and multiplicative interaction Bayesian approaches. *Bragantia*. doi: 10.1590/1678-4499.20200467
- Coan, M.M.D., Barth, R.J.P., Kuki, M.C., Júnior, A.T.A., Figueiredo, A.S.T., Scapim, C.A., Warburton, M. (2019) Inheritance Study for Popping Expansion in Popcorn vs Flint Corn Genotypes. *Agron Apl Genet Resour* 111: 1–10.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Sci Agron* 35: 271–276.
- Cruz, C.D., Castoldi, F. (1991) Decomposição da interação genótipo x ambientes em partes simples e complexa.

- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.. (2012) *Aplicados, Modelos biométricos Genético, ao melhoramento*. 3.ed. Viçosa 480p.
- Dalbello, O., Previero, C.A., Alves, D.G., Biagi, J.D. (1995) Capacidade de expansão do milho-pipoca (*Zea mays* L.) em função de parâmetros de secagem, umidade e armazenamento do produto. *Congr Bras Eng Agrícola, An 415*.
- Daros, M., Amaral Junior, A.T. do., Pereira, M.G. (2002) Genetic gain for grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. *Crop Breed Appl Biotechnol 2*: 339–344.
- Daros, M., Junior, A.T. do A., Pereira, M.G., Santana, ; Fabrício Santos., Scapim, A.P.C.G.C.A., Freitas Junior, S. de P., Silvério, L. (2004a) SELEÇÃO RECORRENTE EM FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS EM MILHO-PIPOCA. *Sci Agric 61*: 609–614.
- Daros, M., Teixeira do Amaral Jr, A., Gonzaga Pereira, M., Santana Santos, F., Paula Cândido Gabriel, A., Alberto Scapim, C., de Paiva Freitas Jr, S., Silvério, L. (2004b) Recurrent selection in inbred popcorn families. *Sci Agric 61*: 609–614.
- do Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Freitas Júnior, S. de P., Candido, L.S., Vittorazzi, C., Pena, G.F., Ribeiro, R.M., Silva, T.R. da C., Pereira, M.G., Scapim, C.A., Viana, A.P., de Carvalho, G.F. (2013) UENF 14: a new popcorn cultivar. *Crop Breed Appl Biotechnol 13*: 218–220.
- Dofing, S.M., D’Croz-Mason, N., Thomas-Compton, M.A. (1991) Inheritance of Expansion Volume and Yield in Two Popcorn × Dent Corn Crosses. *Crop Sci 31*: 715–718.
- Santos Junior, D.R., Ribeiro, R.M., do Amaral Junior, A.T., Vivas, M., Saluce, J.C.G., Leite, J.T., Bispo, R.B., de Lima, V.J., Lamego, D.L., Xavier, K.B., Schmitt, K.F.M., Kamphorst, S.H., Viana, F.N., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2022) Allelic Complementation in Hybrid Superiority of Popcorn to Multiple Foliar Diseases. *Agronomy 12*: 3103.

- Engels, J.M.M., Ebert, A.W., Thormann, I., De Vicente, M.C. (2006) Centres of crop diversity and/or origin, genetically modified crops and implications for plant genetic resources conservation. *Genet Resour Crop Evol* 53: 1675–1688.
- Falconer, D.S. (1996) *Introduction to quantitative*. Pearson Ed.
- Fantin, G.M., Sawazaki, E., Barros, B.C. (1991) Avaliação de genótipos de milho-pipoca quanto à resistência a doenças e à qualidade da pipoca. *Summa Phytopathologica*, 17 (2): 91-104.
- Faria, V.R., Viana, J.M.S., Mundim, G.B., Silva, A. da C. e., Câmara, T.M.M. (2010) Adaptabilidade e estabilidade de populações de milho-pipoca relacionadas por ciclos de seleção. *Pesqui Agropecuária Bras* 45: 1396–1403.
- Faria, V.R., Viana, J.M.S., Sobreira, F.M., Silva, A.C. e. (2008) Seleção recorrente recíproca na obtenção de híbridos interpopulacionais de milho-pipoca. *Pesqui Agropecu Bras* 43: 1749–1755.
- Freire, I.A. (2015) *Avaliação da capacidade de expansão de milho-pipoca pelas técnicas de espectrometria no infravermelho próximo, composição química e microscopia eletrônica*. Universidade Federal de Lavras, Lavras - MG 53p.
- Freitas, I.L.J., Amaral Júnior, A.T., Freitas Jr., S.P., Cabral, P.D.S., Ribeiro, R.M., Gonçalves, L.S.A. (2014) Genetic gains in the UENF-14 popcorn population with recurrent selection. *Genet Mol Res* 13: 518–527.
- Freitas Júnior, S. de P.F., Amaral Júnior, A.T. do., Rangel, M., Viana, A.P. (2009a) Predição de ganhos genéticos na população de milho-pipoca UNB- 2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção Genetic gain prediction on UNB-2U popcorn population under recurrent selection by using different selection indexes. *Ciências Agrárias* 30: 803–8014.
- Freitas Júnior, S.D.P., Amaral Júnior, A.T. do., Pereira, M.G., Cruz, C.D., Scapim, C.A. (2006) Capacidade combinatória em milho-pipoca por meio de dialelo circulante. *Pesqui Agropecu Bras* 41: 1599–1607.
- Freitas Júnior, S.D.P., Amaral Júnior, A.T. do., Rangel, R.M., Viana, A.P. (2009b) Predição de ganhos genéticos na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. *Semin Ciências Agrárias* 30: 803.

- Fritsche-Neto, R., Vieira, R.A., Scapim, C.A., Miranda, G.V., Rezende, L.M. (2012) Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. *Acta Sci Agron* 34: 99–101.
- Garbuglio, D.D., Araújo, P.M. de. (2006) Avaliação de híbridos intervarietais de milho por meio de cruzamento dialélico parcial, considerando quatro ambientes. *Ciências Agrárias* 27: 379.
- Gaut, B.S., D’Ennequin, M.L.T., Peek, A.S., Sawkins, M.C. (2000) Maize as a model for the evolution of plant nuclear genomes. *Proc Natl Acad Sci U S A* 97: 7008–7015.
- Goodman, M.M., Smith, J.S.C. (1987) Melhoramento e produção de milho. In: *Botânica In: Paterniani, E., Viegas, G. P.*, Fundação C. Campinas: p. 41–78.
- Guimarães, A.G., Amaral Júnior, A.T., Lima, V.J., Leite, J.T., Scapim, C.A., Vivas, M. (2018) Genetic gains and selection advances of the uenf-14 popcorn population. *Rev Caatinga* 31: 271–278.
- Guimarães, A.G., Amaral Júnior, A.T. do., Pena, G.F., Almeida Filho, J.E. de., Pereira, M.G., Santos, P.H.A.D. (2019) Genec gains in the popcorn population UENF-14: developing the ninth generation of intrapopulation recurrent selection. *Rev Caatinga* 32: 625–633.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.D. (2010) Testers and combining ability. In: Springer New York. (ed) *Quantitative genetics in maize breeding*. 3. ed. New York: Handbook of Plant Breeding, Volume 6. Springer, p. 664.p.
- Heinz, R., Mota, L.H. de S., Gonçalves, M.C., Viegas Neto, A.L., Carlesso, A. (2012) Seleção de progênies de meios-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. *Revista Ciência Agronômica* 43: 731–739.
- Kamphorst, S.H., do Amaral Junior, A.T., de Lima, V.J., Carena, M.J., Azeredo, V.C., Mafra, G.S., Santos, P.H.A.D., Leite, J.T., Schmitt, K.F.M., dos Santos Junior, D.R., Bispo, R.B., Santos, T. de O., Oliveira, U.A. de., Pereira, J.L., Lamêgo, D.L., Carvalho, C.M., Gomes, L.P., Silva, J.G. de S., Campostrini, E. (2021) Driving Sustainable Popcorn Breeding for Drought Tolerance in Brazil. *Front Plant Sci* 12: 1942.

- Khan, S., Pinto, V.B., do Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, G.M.B., Corrêa, C.C.G., Ferreira, F.R.A., de Souza, G.A.R., Campostrini, E., Freitas, M.S.M., Vieira, M.E., de Oliveira Santos, T., de Lima, V.J., Kamphorst, S.H., do Amaral, J.F.T., Mora-Poblete, F., de Souza Filho, G.A., Silveira, V. (2022) Revealing the differential protein profiles behind the nitrogen use efficiency in popcorn (*Zea mays* var. *everta*). *Sci Rep* 12: 1521.
- Kurosawa, R. do N.F., Vivas, M., Amaral, A.T. do., Ribeiro, R.M., Miranda, S.B., Pena, G.F., Leite, J.T., Mora, F. (2017) Popcorn germplasm resistance to fungal diseases caused by *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis*. *Bragantia* 77: 36–47.
- Labroo, M.R., Studer, A.J., Rutkoski, J.E. (2021) Heterosis and Hybrid Crop Breeding: A Multidisciplinary Review. *Front Genet* 12: 234.
- Larish, L.L.B., Brewbaker, J.L. (1999) Diallel analyses of temperate and tropical popcorns (*Zea mays* L.). *Maydica* 44: 279–284.
- Leite, J.T., Amaral Junior, A.T. do., Kamphorst, S.H., Lima, V.J. de., Santos Junior, D.R. dos., Alves, U.O., Azeredo, V.C., Pereira, J.L., Bispo, R.B., Schmidt, K.F.M., Viana, F.N., Viana, A.P., Vieira, H.D., Ramos, H.C.C., Ribeiro, R.M., Campostrini, E. (2022) All Are in a Drought, but Some Stand Out: Multivariate Analysis in the Selection of Agronomic Efficient Popcorn Genotypes. *Plants* 11: 2275.
- Li, Y.L., Dong, Y.B., Niu, S.Z., Cui, D.Q. (2007) QTL for popping characteristics in popcorn. *Plant Breed* 126: 509–514.
- Lima, V.J. de., Amaral Júnior, A.T. do., Kamphorst, S.H., Bispo, R.B., Leite, J.T., Santos, T. de O., Schmitt, K.F.M., Chaves, M.M., Oliveira, U.A. de., Santos, P.H.A.D., Gonçalves, G.M.B., Khan, S., Guimarães, L.J.M. (2019) Combined Dominance and Additive Gene Effects in Trait Inheritance of Drought-Stressed and Full Irrigated Popcorn. *Agronomy* 9: 782.
- Lima, V.J. De., Paiva, S. De., Junior, F., Souza, Y.P. De., Secifram, C. (2018) Genetic gain capitalization in the first cycle of recurrent selection in popcorn at Ceará ' s Cariri. *Rev Bras Ciências Agrárias* 13: 1–7.

- Lu, H.-J., Bernardo, R., Ohm, H. (2003) Mapping QTL for popping expansion volume in popcorn with simple sequence repeat markers. *Theor Appl Genet* 106: 423–427.
- Mafra, G.S., Amaral Junior, A.T. do., Vivas, M., Santos, J.S. dos., Silva, F.H. de L. e., Guimarães, A.G., Pena, G.F. (2018) The combining ability of popcorn S7 lines for *Puccinia polysora* resistance purposes. *Bragantia* 77: 519–526.
- Manarini, T. (2012) Pipoca: ela arrebenta!. <http://liessin.com.br/documentos/materias/Pipoca.pdf>. Accessed 18 Sep 2017.
- Matta, F. de P., Viana, J.M.S. (2001) Popping expansion tests in popcorn breeding programs. *Sci Agric* 58: 845–851.
- Nogueira, A.P.O., Sedyama, T., De Sousa, L.B., Hamawaki, O.T., Cruz, C.D., Pereira, D.G., Matsuo, É. (2012) Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. *Biosci J* 28: 877–888.
- Oliveira, E.J. De., Santos, S., Lima, D.S. De., Machado, M.D., Lucena, Rangel SalesNunes, T.B.M. (2011) Estimativas de correlações genotípicas e fenotípicas em germoplasma de maracujazeiro. *Bragantia* 70: 255–261.
- Oliveira, G.H.F. de. (2016) *Capacidade combinatória e correlação em populações de milho-pipoca*. (Tese: Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade Estadual Paulista- UNESP, Câmpus de Jaboticabal, São Paulo.61p.
- Oliveira, E.J., Pádua, J.G., Zucchi, M.I., Vencovsky, R., Vieira, M.L.C. (2006) Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. *Genet Mol Biol* 29: 294–307.
- Oliveira Júnior, J.F., de Gois, G., de Bodas Terassi, P.M., da Silva Junior, C.A., Blanco, C.J.C., Sobral, B.S., Gasparini, K.A.C. (2018) Drought severity based on the SPI index and its relation to the ENSO and PDO climatic variability modes in the regions North and Northwest of the State of Rio de Janeiro - Brazil. *Atmos Res* 212: 91–105.

- Pacheco, C.A.P., E.E.G., G., Guimarães, P.E.O., Santos, M.X., Ferreira, A.S. (1998a) Estimativas De Parâmetros Genéticos Nas Populações Cms-42. *Pesqui Agropecuária Bras* 33: 1995–2001.
- Pacheco, C.A.P., Gama, E.E.G. e., Guimarães, P.E. de O., Santos, M.X. dos., Ferreira, A. da S. (1998b) Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de Milho-Pipoca. *Pesqui Agropecu Bras* 33: 1995–2001.
- Paterniani, E., Miranda Filho, J.B. (1987) Melhoramento e produção de milho. *Embrapa Agrobiol* 2: 411–795.
- Pena, G.F., Amaral Júnior, A.T. do., Gonçalves, L.S.A., Vivas, M., Rodrigo Moreira Ribeiro, G.S.M., Santos, A. dos., Scapim, C.A. (2016) Comparison of testers in the selection of S 3 families obtained from the UENF-14 variety of popcorn. *Bragantia* 75: 135–144.
- Pereira Filho, I.A., Borghi, E. (2019) Milho-pipoca é um novo atrativo para o produtor?. In: Rev. Campo Negócios. <https://revistacampoenegocios.com.br/milho-pipoca-e-um-novo-atrativo-para-o-produtor/>. Accessed 11 May 2022
- Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. (2001) Estimation of Genetic Components in Popcorn Based on the Nested Design. *Crop Breed Appl Biotechnol* 1: 3–10.
- Possatto Júnior, O., José Barth Pinto, R., Santos Rossi, E., Carlos Kuki, M., Augusto Bengasi Bertagna, F., Henrique Araújo Diniz Santos, P., Alberto Scapim, C. (2021) Evidence of additive inheritance of popping expansion in popcorn. *Funct Plant Breed J*. doi: 10.35418/2526-4117/v3n2a4
- Rangel, R.M., do Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Freitas Júnior, S. de P., Candido, L.S. (2011) Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Rev Cienc Agron* 42: 473–481.
- Reis, M.C. dos., Souza, J.C. de., Ramalho, M.Â.P., Guedes, F.L., Santos, P.H.A.D. (2009) Progresso genético com a seleção recorrente recíproca para híbridos interpopulacionais de milho. *Pesqui Agropecu Bras* 44: 1667–1672.

- Rezende, J.C. de., Botelho, C.E., Oliveira, A.C.B. de., Silva, F.L. da., Carvalho, G.R., Pereira, A.A. (2014) Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. *Coffe Sci* 9: 347–353.
- Ribeiro, R.M., Júnior, A.T.A., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S. (2012) Genetic progress in the UNB-2U population of popcorn under recurrent selection in Rio de Janeiro, Brazil. *Genet Mol Res* 11: 1417–1423.
- Santos, A. dos., Amaral Júnior, A.T. do., Kurosawa, R. do N.F., Gerhardt, I.F.S., Neto, R.F. (2017a) GGE *Biplot* projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. *Ciência e Agrotecnologia* 41: 22–31.
- Santos, F.S., Amaral Júnior, A. do., Freitas Júnior, S. de P.F., Rangel, R.M., Pereira, M.G. (2007) Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. *Bragantia* 3: 389–396.
- Santos, J.S., Amaral Júnior, A.T., Vivas, M., Mafra, G.S., Pena, G.F., Silva, F.H.L., Guimarães, A.G. (2017b) Genetic control and combining ability of agronomic attributes and northern leaf blight-related attributes in popcorn. *Genet Mol Res* 16: 1–11.
- Santos, J.S., Souza, Y.P. de., Vivas, M., Amaral Junior, A.T., Filho, J.E. de A., Mafra, G.S., Viana, A.P., Gravina, G. de A., Ferreira, F.R.A. (2020) Genetic merit of popcorn lines and hybrids for multiple foliar diseases and agronomic properties. *Funct Plant Breed J* 2: 33–47.
- Sawazaki, E. (2001) A cultura do milho-pipoca no Brasil. *O Agrônomo*, Campinas, 53: 11–13.
- Sawazaki, E. (1996) *Parâmetros genéticos em milho-pipoca (Zea mays L.)*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 157p. DOI: <https://doi.org/10.11606/T.11.2020.tde20200111-122344>.
- Scapim, C.A., Braccini, A. de L., Pinto, R.J.B., Amaral Júnior, A.T., Rodovalho, M. de A., Silva, R.M. da., Moterle, L.M. (2006) Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. *Ciência Rural* 36: 36–41.

- Scapim, C.A., Carvalho, C.G.P., Cruz, C.D. (1995) Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesqui Agropecuária Bras* 30: 683–686.
- Scapim, C.A., Pacheco, C.A.P., Tonet, A., Braccini, A. de L., Pinto, R.J.B. (2002) Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. *Bragantia* 61: 219–230.
- Schwantes, I.A., do Amaral Júnior, A.T., Almeida Filho, J.E., Vivas, M., Silva Cabral, P.D., Gonçalves Guimarães, A., Lima e Silva, F.H., Araújo Diniz Santos, P.H., Gonzaga Pereira, M., Pio Viana, A., Ferreira Pena, G., Alves Ferreira, F.R. (2020) Genomic selection helps accelerate popcorn population breeding. *Crop Sci* 60: 1373–1385.
- Schwantes, I.A., do Amaral Júnior, A.T., Gerhardt, I.F.S., Vivas, M., de Lima e Silva, F.H., Kamphorst, S.H. (2017) Diallel analysis of resistance to *Fusarium* ear rot in Brazilian popcorn genotypes. *Trop Plant Pathol* 42: 70–75.
- Silva, T.D.C.R., Amaral Júnior, A.T. do., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Vittorazzi, C., Scapim, C.A. (2013) Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. *Acta Sci Agron* 35: 57–63.
- Silva, W.J., Vidal, B.C., Martins, M.E.Q., Vargas, H., Pereira, A.C., Zerbetto, M., Miranda, L.C.. (1993) What makes popcorn ?. *Nature* 362: 417.
- Souza Junior, R.C.L. (2001) Melhoramento de espécies alógamas. *In: Recursos genéticos e melhoramento de plantas*. Rondonópolis: p. 159–199 159–199.
- Stein, M., Miguez, F., Edwards, J. (2016) Effects of plant density on plant growth before and after recurrent selection in maize. *Crop Sci* 56: 2882–2894.
- Tenaillon, M.I., U'Ren, J., Tenaillon, O., Gaut, B.S. (2004) Selection versus demography: A multilocus investigation of the domestication process in maize. *Mol Biol Evol* 21: 1214–1225.
- Tollenaar, M., Lee, E.A. (2006) Physiological dissection of grain yield in maize by examining genetic improvement and heterosis Producing high amylose starches in cereal endosperm View project. *Maydica* 51: 399–408.

- Viana, J.M.S., Lima, R.O. De., Mundim, G.B., Condé, A.B.T., Vilarionho, A.A. (2013a) Relative efficiency of the genotypic value and combining ability effects on reciprocal recurrent selection. *Theor Appl Genet* 126: 889–899.
- Viana, J.M.S., Mundim, G.B., Delima, R.O., Silva, F.F.E. (2013b) Best linear unbiased prediction for genetic evaluation in reciprocal recurrent selection with popcorn populations. 428–438.
- Vieira, R.A., Rocha, R., Alberto, C., Amaral Júnior, A.T. do. (2017) Recurrent selection of popcorn composites UEM- CO1 and UEM-CO2 based on selection indices. *Crop Breed Appl Biotechnol* 17: 266–272.
- Vieira, R.A., Scapim, C.A., Moterle, L.M., Tessmann, D.J., Amaral Junior, A.T. do., Azeredo, L.S. (2012) The breeding possibilities and genetic parameters of maize resistance' to foliar diseases. *Euphytica* 185: 325–336.
- Vilarinho, A.A., Viana, J.M.S., Santos, J.F. dos., Câmara, T.M.M. (2003) Eficiência da seleção de progênies S1 e S2 de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. *Bragantia* 62: 9–17.
- Vilela, F.O., do Amaral, A.T., Pereira, M.G., Scapim, C.A., Viana, A.P., Freitas, S. de P. (2008) Effect of recurrent selection on the genetic variability of the UNB-2U popcorn population using RAPD markers. *Acta Sci Agron* 30: 25–30.
- Xiao, Y., Jiang, S., Cheng, Q., Wang, X., Yan, J., Zhang, R., Qiao, F., Ma, C., Luo, J., Li, W., Liu, H., Yang, W., Song, W., Meng, Y., Warburton, M.L., Zhao, J., Wang, X., Yan, J. (2021) The genetic mechanism of heterosis utilization in maize improvement. *Genome Biol* 22: 148.
- Zinsly, J.R., Machado, J.A. (1987) Milho-pipoca. *In: Fundação Cargil. (ed) Melhoramento e produção do milho: Paterniani, E. Viegas, G. Campinas - SP: p. 413–421*